

1er Encuentro de Redes de
Biotecnología de Argentina

BIOTECNOLOGÍA *para un* **FUTURO** **SOSTENIBLE** *y* **SALUDABLE**

XXV Simposio REDBIO – VII Simposio SAPROBIO – VII Encuentro REDTEZ

LIBRO DE RESÚMENES 2025

Alvarenga, Adriana Elizabet

Biotecnología para un futuro sostenible y saludable : 1er encuentro de Redes de Biotecnología de Argentina : libro de resúmenes / Adriana Elizabet Alvarenga ; Pedro Darío Zapata ; Compilación de Adriana Elizabet Alvarenga ; Pedro Darío Zapata. - 1a ed. - Posadas : Universidad Nacional de Misiones, 2025.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-950-766-267-6

1. Biotecnología. 2. Biotecnología Ambiental. 3. Argentina. I. Zapata, Pedro Darío II. Alvarenga, Adriana Elizabet, comp. III. Zapata, Pedro Darío, comp. IV. Título.

CDD 571.49

ISBN 978-950-766-267-6



**ADRIANA ELIZABET ALVARENGA
Y PEDRO DARÍO ZAPATA**

COMPILACIÓN Y EDICIÓN

MALENA LÓPEZ

DISEÑO

GUSTAVO ESCALANTE

PÁGINA WEB

ÍNDICE

04	TEXTO INICIAL
05	COMISIÓN ORGANIZADORA
06	COMITÉ EVALUADOR
07	PROGRAMA
15	AUSPISANTES
16	MESAS REDONDAS
23	SIMPOSIOS
45	CONFERENCIAS PLENARIAS
51	TRABAJOS PRESENTADOS POR ÁREAS TEMÁTICAS
52	BIOTECNOLOGÍA DE MICROORGANISMOS
99	CULTIVO DE CÉLULAS, TEJIDOS Y MICROORGANISMOS
106	BIOTECNOLOGÍA VEGETAL
148	TRANSGÉNESIS Y EDICIÓN GÉNICA
162	BIORREMEDIACIÓN Y BIOTECNOLOGÍA AMBIENTAL
196	BIOPROCESOS
232	PRODUCTOS BIOBASADOS Y METABOLITOS
240	GENÓMICA
248	ENZIMOLOGÍA
265	COMUNICACIÓN Y ENSEÑANZA
267	BIOECONOMÍA Y ASUNTOS REGULATORIOS
271	BIOTECNOLOGÍA ANIMAL

Las Sociedades Científicas argentinas dedicadas a la biotecnología en todas sus ramas, **REDBIO Argentina AC** (Red de Biotecnología de Argentina Asociación Civil), **SAPROBIO** (Simposio Argentino de Procesos Biotecnológicos) y **Red TEz** (Red de Tecnología Enzimática de Argentina) se unieron por primera vez para realizar **Primer Encuentro de Redes de Biotecnología de Argentina**, que tuvo lugar entre el 24 y el 27 de junio de 2025 en el Centro de Convenciones del Parque del Conocimiento, en Posadas, provincia de Misiones, República Argentina.

Elegimos el lema **"Biotecnología para un futuro sostenible y saludable"** para explorar el rol fundamental que desempeña la biotecnología en la creación de soluciones sostenibles y eficaces para los desafíos contemporáneos. Se abordaron temas clave como la producción sostenible de más alimentos, más nutritivos y resistentes, el desarrollo de terapias innovadoras para enfermedades y la preservación de nuestro entorno natural.

El encuentro tuvo la finalidad de generar un ambiente de intercambio y discusión entre profesionales, becarios y estudiantes y promover la difusión y actualización del conocimiento y avances científicos. En las actividades propuestas se buscó facilitar los canales de comunicación y favorecer los vínculos entre el sector productivo y la academia que fueron plasmados en el ámbito del simposio, posibilitando el fortalecimiento de lazos interinstitucionales, la generación de proyectos en red y la integración del conocimiento con una mirada prospectiva y crítica hacia el futuro, para impulsar el avance científico y tecnológico en beneficio de nuestro país, la región, la humanidad y el planeta.

Los ejes temáticos del evento fueron:

ALIMENTOS

SALUD, PRODUCCIÓN Y AMBIENTE

BIOPRODUCTOS Y BIOPROCESOS

COMISIÓN ORGANIZADORA GENERAL

DALIA LEWI

REDBIO

MARISA LÓPEZ BILBAO

REDBIO

EZEQUIEL BOSSIO

REDBIO

PATRICIA ROCHA

REDBIO

MARÍA PATRICIA BENAVIDES

REDBIO

VALERIA RUDÓY

REDBIO

PAMELA VILLALBA

REDBIO

PATRICIA BOERI

REDBIO

MARÍA VICTORIA BUSI

Red TEz

MATIAS ASENCIÓN DÍAZ

Red TEz

HERNÁN COSTA

Red TEz

ELEONORA CAMPOS

Red TEz

PEDRO ZAPATA

SAPROBIO

JULIA FARIÑA

SAPROBIO

ALEJANDRO BECCARIA

SAPROBIO

SEBASTIÁN CAVALITTO

SAPROBIO

OSVALDO DELGADO

SAPROBIO

MARTA POLTI

SAPROBIO

COMISIÓN ORGANIZADORA LOCAL

PEDRO DARÍO ZAPATA

Universidad Nacional de Misiones

MAURICIO FRANCO

Universidad Nacional de Misiones

GUSTAVO ESCALANTE

Universidad Nacional de Misiones

ADRIANA ELIZABET ALVARENGA

Instituto de Biotecnología Misiones

ROMINA OLGA CONIGLIO

Instituto de Biotecnología Misiones

GABRIELA VERÓNICA DÍAZ

Instituto de Biotecnología Misiones

ANIBAL SEBASTIÁN CHELALICHE

Instituto de Biotecnología Misiones

SILVANA FLORENCIA BENÍTEZ

Instituto de Biotecnología Misiones

MARÍA LAURA MIÑO

Instituto de Biotecnología Misiones

NATALIA SOLEDAD AMERIO

Instituto de Biotecnología Misiones

MAGALÍ CÁCERES

Instituto de Biotecnología Misiones

MARCELA BARENGO

Instituto de Biotecnología Misiones

MARIELA DACHARY

Municipalidad de Posadas

MARIANA ANDRUJOVICH

Municipalidad de Posadas

CLAUDIA GAUTO

Sociedad del Conocimiento

LUCIANA IMBROGNO

Biofábrica de Misiones SA

VERÓNICA RODRIGUEZ

Biofábrica de Misiones SA

EMANUEL GRASSI

Instituto Misionero de Biodiversidad

PEGGY THALMAYR

Facultad de Ciencias Forestales, UNaM

COMISIÓN EVALUADORA

RODOLFO DONDO

Universidad Nacional del Litoral

ALEJANDRO TROMBERT

Universidad Nacional del Litoral

MATÍAS ASENCION DIEZ

Universidad Nacional del Rosario

MARÍA VICTORIA LUQUE

Universidad Nacional del Litoral

FERNANDO NIELLA

Universidad Nacional de Misiones

KARINA BUSTAMANTE

Universidad Nacional de Misiones

ALEJANDRA BADARACCO

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria

LUISA FERNANDA BERMÚDEZ

Universidad de Buenos Aires

GABRIELA CONTI

CONICET

RODRIGO LEONARDI

Universidad Nacional del Litoral

MARTA POLTI

Universidad Nacional de Tucumán - CONICET

VANINA MÁRQUEZ

Universidad Nacional del Litoral

DIEGO MERCANTI

Universidad Nacional del Litoral

GUILLERMO SIHUFE

Universidad Nacional del Litoral

RAÚL NICOLÁS COMELLI

Universidad Nacional del Litoral

PATRICIA ROCHA

Universidad Nacional de Misiones

PEGGY THALMAYR

Universidad Nacional de Misiones

MARÍA GABRIELA GUEVARA

Universidad Nacional de Mar del Plata

SONIA WIRTH

Universidad de Buenos Aires - CONICET

PEDRO DARIO ZAPATA

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

MARÍA LAURA MASCOTTI

Instituto de Histología y Embriología -IHEM/UNC

SERGIO GUERRERO

Facultad de Bioquímica y Cs. Biológicas-UNL

JUAN ERNESTO VELAZQUEZ

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

GABRIELA ACOSTA

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

ILEANA JULIETA CORTESE

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

VANESA NAHIRÑAK

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria

MARIA DE LOS ÁNGELES KOLMAN

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

HERNÁN COSTA

Universidad Nacional de Luján - CONICET

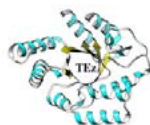
SILVANA FLORENCIA BENÍTEZ

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

ANIBAL SEBASTIÁN CHELALICHE

Universidad Nacional de Misiones - CONICET

ORGANIZARON



AUSPICIARON





08:30

Acreditaciones - Colgado de Pósters

SESIÓN MAÑANA 1

09:00 - 09:30

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

ACTO INAUGURAL

09:30 - 10:00

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

MESA REDONDA | *Moderada: P. Zapata*

"Desarrollo de la Biotecnología en Misiones: experiencias transformadoras desde Inbiomis - Univ. Nacional de Misiones - Biofábrica de Misiones S.A."

- María Isabel Fonseca (INBIOMIS-Univ. Nacional de Misiones), Patricia Rocha (Fac. de Cs. Forestales, Univ. Nacional de Misiones), Luciana Imbrogno (Biofábrica de Misiones S.A.).

10:30 - 11:00

Intervalo - Café

SESIÓN MAÑANA 2

11:00 - 12:30

SIMPOSIOS EN SIMULTÁNEO

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

SIMPOSIO 1A. CANNABIS MEDICINAL | *Moderada: V. Rudoy*

"Desarrollo y validación de cannabinoides en extractos y aceites medicinales: avances y perspectivas futuras"

- Catalina van Baren (IQUIMEFA, Univ. de Buenos Aires).

"Producción de cannabis medicinal en Biofábrica de Misiones S.A.: biotecnología aplicada a la salud"

- Daniela Kubiak (Biofábrica de Misiones S.A.).

"Avances en la aplicación de técnicas de cultivo in vitro de Cannabis"

- Valeria Rudoy (Univ. Nacional de Hurlingham).

📍 SALA RAMÓN AYALA

SIMPOSIO 1B. BIORREFINERÍAS Y PRODUCTOS BIOBASADOS

Moderan: *J. Fariña y E. Campos*

"Biocatálisis en la valorización de residuos agroindustriales"

- Paula Rodríguez (Univ. de la República, Uruguay).

"Bioprocesos circulares: transformando subproductos agroindustriales en productos de elevado valor"

- Daniel Rivaldi (Univ. Nacional de Asunción).

12:30 - 14:00

Tiempo libre para almuerzo

SESIÓN TARDE 1

14:30 - 15:30

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

MESA REDONDA | Moderan: V. Busi y D. Lewi.

Startups e industrias biotecnológicas: Cintia Hernández (IUDPT); Juan O'Farrell (Fund.ar); Gabriela Bortz (Univ. Nacional de San Martín).

15:30 - 16:00

Intervalo - Café

16:00 - 17:00

Sesión de POSTERS 1 (números impares)

SESIÓN TARDE 2

17:00 - 18:00

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

Moderan: *E. Campos*

Conferencia Plenaria 1 "Revalorización enzimática de la lactosa" - Carlos Vera (Univ. de Santiago de Chile).

18:00 - 19:00

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

Conferencia de Sponsor Clarke & Modet AR "Protección de la Innovación Científica: aspectos clave y desafíos de la PI"

- Ma. Soledad Prado y Stephanie Thompson.



08:30

ACREDITACIONES

SESIÓN MAÑANA 1

09:00 - 10:00

● SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

CONFERENCIA PLENARIA | Modera: O. Delgado**"Desde el laboratorio a una EBT: oportunidades, desafíos y tips para no morir en el intento"**

- Sebastián Cavalitto (CINDEFI, CONICET-UNLP).

10:00 - 10:30

● SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

Reunión de asociaciones científicas: REDBIO, SAPROBIO y REDTEZ

10:30 - 11:00

Intervalo - Café

SESIÓN MAÑANA 2

11:00 - 12:30

SIMPOSIOS EN SIMULTÁNEO

● SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

SIMPÓSIO 2A. APROXIMACIONES BIOTECNOLÓGICAS PARA EL MEJORAMIENTO VEGETAL**Modera: P. Benavides****"Desarrollo y producción de bioinsumos en Biofábrica de Misiones S.A."** - Marilyn Silva (Biofábrica de Misiones S.A.).**"Caracterización de aislamientos argentinos del fitopatógeno *Phytophthora infestans* y diseño de estrategias biotecnológicas para su control"** - Ma. Eugenia Segretin (Univ. de Buenos Aires).**"Impacto de los estudios genómicos de *Ilex paraguariensis* en la dilucidación de vías metabólicas y nuevas perspectivas de mejoramiento y selección"** - Pedro Zapata y Sebastián Rossi (Univ. Nacional de Misiones).

📍 SALA RAMÓN AYALA

SIMPOSIO 2B. BIOCATÁLISIS Y BIOPRODUCTOS

Modera: O. Delgado

"Producción industrial de enzimas: diseño de proteínas, optimización de cepas productoras y desafíos en el escalado"

- Eugenia Castelli (Keclon).

"Micofábricas: descubrimiento, desarrollo y manufactura de bioproductos con demanda creciente"

- Julia Fariña (PROIMI, CONICET-UNT).

12:30 - 13:00

📍 SALA RAMÓN AYALA

Conferencia de Sponsor Vigenius Biotech. Soluciones integrales para bioproducción. Juan de Lorenzi.

13:00 - 14:00

Tiempo libre para almuerzo

SESIÓN TARDE 1

14:30 - 15:30

SIMPOSIOS EN SIMULTÁNEO

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

SIMPOSIO 3A. HERRAMIENTAS BIOTECNOLÓGICAS PARA EL MEJORAMIENTO DE LOS CULTIVOS

Modera: P. Villalba

"Tratamientos alternativos de efluentes industriales a base de cultivos de microorganismos"

- Patricia L. Marconi (CEBBAD- Univ. Maimónides).

"Herramientas epigenéticas para el estudio de la memoria del estrés en soja"

- Carla Filippi (Univ. de la República, Uruguay).

"Mejoramiento de *Eucalyptus* con metodologías genómicas en Argentina: estado actual y perspectivas futuras"

- Pamela Villalba (IABIMO, UEDD INTA/CONICET).

📍 SALA RAMÓN AYALA

SIMPOSIO 3B. BIOCATÁLISIS PARA LA INDUSTRIA ALIMENTARIA | *Moderador: O. Delgado*

"Enzimas alimentarias para procesos químicos sofisticados"

- Claudia Bernal Zuluaga (Univ. de La Serena, Chile).

"Aplicaciones enzimáticas en la síntesis de azúcares raros"

- Cecilia Guerrero Sinacas (Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile).

15:30 - 16:00

Intervalo - Café

16:00 - 17:00

Sesión de POSTERS 2 (números pares)

SESIÓN TARDE 2

17:00 - 18:00

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

MESA REDONDA | *Moderadores: G. Levitus y E. Bossio*

"Diálogo entre la industria y la academia: tendiendo puentes y achicando brechas" - Mauro Meier (ACA), Ezequiel Bossio (INTA/ REDBIO), Dalia Lewi (INTA).

18:00 - 18:30

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

PRESENTACIÓN ESPECIAL. Centro Interinstitucional BIONA (Biorrefinerías del Norte Argentino).

Moderador: P. Zapata

Presentadores: María Cristina Area, María E. Vallejos, Carolina M. Mendieta y Viviana N. Romero (IMAM - Univ. Nacional de Misiones - CONICET).



08:30

ACREDITACIONES

SESIÓN MAÑANA 1

09:00 - 10:30

SESIÓN SIMULTÁNEA EN LAS 3 SALAS

COMUNICACIONES ORALES SELECCIONADAS.**Moderan: H. Costa, A. Beccaria y V. Nahirñak**

10:30 - 11:00

Intervalo - Café

SESIÓN MAÑANA 2

11:00 - 12:30

SIMPOSIOS EN SIMULTÁNEO

📍 SALA RAMÓN AYALA

SIMPOSIO 4A. APLICACIONES DE NUEVAS HERRAMIENTAS BIOTECNOLÓGICAS PARA LA SALUD: XENOTRANSPLANTES

Modera: D. Lewi

"Xenotransplante: cerdos modificados como fuente alternativa de órganos" - Adrián Mutto (INTECH- Univ. Nacional de San Martín).

"Xenotrasplante: avances y puntos a resolver"
- Adrián Abalovich (Univ. Nacional de San Martín).

"Situación regulatoria del XT en Argentina"
- Perla Godoy (Coordinación de Innovación y Biotecnología - SAGyP).

📍 SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

SIMPOSIO 4B. BIOCATALIZADORES Y BIOTRANSFORMACIONES

Moderan: V. Busi y J. Fariña

"Desarrollo, caracterización y aplicación de biocatalizadores"
- Daniela Rial (Univ. Nacional de Rosario).

"Glicósido hidrolasas, alimentos y fármacos"
- Javier Breccia (Univ. Nacional de La Pampa).

12:30 - 14:00

Tiempo libre para almuerzo

SESIÓN TARDE 1**14:00 - 15:30****SIMPOSIOS EN SIMULTÁNEO**

• SALA RAMÓN AYALA

SIMPOSIO 5A. NUEVAS HERRAMIENTAS PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL: EDICIÓN GÉNICA**Moderador: E. Bossio**

"Resistencia dirigida por edición génica: análisis funcional de SIPLC2 en la inmunidad del tomate frente a patógenos necrotróficos y hemibiotróficos"

- Ana Laxalt (Univ. Nacional de Mar del Plata).

"Nuevas técnicas de mejoramiento disponibles para el mejoramiento de cereales"

- Ezequiel Bossio (Instituto de Genética - INTA).

"Nuevas aplicaciones de la edición génica en plantas"

- Magdalena López Olaciregui (Corteva).

"Normativa sobre Edición Génica"

- Perla Godoy (Coordinación de Innovación y Biotecnología - SAGyP).

• SALA EVA PERÓN – SALA PRINCIPAL

SIMPOSIO 5B (VIRTUAL). BIOPOLÍMEROS Y BIOLOGÍA SINTÉTICA**Moderadores: Fariña y A. Beccaria**

"Ingeniería de biopolímeros microbianos: producción y diseño de polihidroxialcanoatos (PHAS)"

- Carlos Peña (Univ. Autónoma de México, México).

"Diseño racional de biofábricas microbianas y consorcios sintéticos para la bioeconomía"

- Miguel Ángel Fernández Niño (IATA-CSIC, España).

"Biopolymers Composites: From Fundamental to Marketing" - Hernane Barud (Uniara, Brasil).

PROGRAMA 2025

DÍA 3 | JUEVES 26/06

15:30 - 16:00

Intervalo - Café

16:00 - 17:00

📍 SALA EVA PERÓN - SALA PRINCIPAL

CONFERENCIA PLENARIA | *Modera: J. Fariña*

"Nanoemulsiones, hidrogeles y películas plásticas preparadas a partir de proteínas lácteas" - Roberto Candal (Univ. de San Martín).

18:00

Descolgado de posters

19:30 - 22:00

BIOFIESTA (con inscripción previa)

SALIDAS

DÍA 4 | VIERNES 26/06 | VISITAS EN SIMULTÁNEO

09:00 - 12:00

Visita a Biofábrica de Misiones S.A.

08:00 - 14:00

Salida de Micoturismo

Emanuel Grassi.
(Univ. Nacional de Misiones - IMIBIO).

MESAS REDONDAS

MESA REDONDA: DESARROLLO DE LA BIOTECNOLOGÍA EN MISIONES.

MODERA: P. ZAPATA

UTILIZACIÓN DE HONGOS Y ENZIMAS PARA LA INNOVACIÓN EN PROCESOS BIOTECNOLÓGICOS EN MISIONES

FONSECA, MARÍA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

fonsecamariaisabel@yahoo.com.ar

Los hongos representan una fuente inagotable de recursos para la biotecnología moderna, debido a su notable capacidad para crecer en una amplia variedad de sustratos, incluyendo residuos agroindustriales, y por su producción de enzimas extracelulares altamente específicas. Esta versatilidad los posiciona como actores clave en el desarrollo de procesos biotecnológicos innovadores, con aplicaciones que abarcan desde la producción de compuestos de valor agregado hasta la mejora de procesos sostenibles en múltiples industrias.

En la provincia de Misiones, caracterizada por su diversidad biológica y su fuerte actividad agroindustrial, la utilización de hongos y enzimas fúngicas ha cobrado particular relevancia como estrategia para la valorización de residuos, la producción limpia y la economía circular. Esta disertación

presentará una visión general de los avances más significativos en el campo de la biotecnología fúngica aplicados al contexto regional, destacando su potencial transformador en términos científicos, productivos y ambientales.

Se abordarán las principales líneas de trabajo que incluyen el uso de hongos en procesos de bioconversión de subproductos agrícolas, así como su participación en la producción de enzimas con distintas aplicaciones. Además, se analizará el papel de los hongos y sus enzimas en la biorremediación de suelos y aguas contaminadas, aprovechando su capacidad para degradar compuestos recalcitrantes y contribuir a la recuperación ambiental. Asimismo, se discutirán los avances en el descubrimiento de compuestos bioactivos de origen fúngico, como antioxidantes, y metabolitos secundarios con potencial terapéutico, lo que abre nuevas oportunidades para el desarrollo de productos de alto valor agregado desde una perspectiva biotecnológica sustentable. El enfoque de esta presentación integra tanto resultados de investigaciones primarias como experiencias de vinculación con el sector productivo, haciendo énfasis en el impacto positivo que estas tecnologías pueden tener sobre la matriz productiva local y regional. También se destacarán las tendencias emergentes en el campo, incluyendo metodologías novedosas para la selección, cultivo y optimización de cepas fúngicas, así como enfoques interdisciplinarios que combinan microbiología, ingeniería, química verde y economía circular.

En síntesis, esta presentación propone una reflexión sobre cómo la biotecnología fúngica, aplicada estratégicamente en el contexto de Misiones, puede convertirse en un motor de innovación, sustentabilidad y desarrollo territorial. La articulación entre ciencia, tecnología y producción se plantea como clave para promover sistemas más resilientes, eficientes y respetuosos del ambiente, aprovechando el potencial biológico de los hongos como aliados en los desafíos biotecnológicos del presente y del futuro.

PROPAGACIÓN VEGETATIVA Y DOMESTICACIÓN DE ESPECIES FORESTALES Y AGROINDUSTRIALES EN MISIONES: APORTES DEL LAPROVECO A LA BIOTECNOLOGÍA REGIONAL

ROCHA, SANDRA PATRICIA^A; NIELLA, FERNANDO^A

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Forestales (FCF), LAPROVECO.

patricia.rocha@fcf.unam.edu.ar

Desde 1997, el Laboratorio de Propagación Vegetativa, Conservación y Domesticación de Recursos Fitogenéticos (LAPROVECO), perteneciente a la Facultad de Ciencias Forestales de la UNaM, impulsa el desarrollo y la aplicación de tecnologías biotecnológicas orientadas al uso sostenible y la valorización de especies forestales, frutales y medicinales, tanto nativas como exóticas, con enfoque en las demandas del sector productivo, educativo y social de la provincia de Misiones. En más de 25 años de trayectoria, LAPROVECO ha consolidado su liderazgo en la generación de protocolos de propagación vegetativa, incluyendo técnicas de manejo de plantas madre, enraizamiento y propagación in vitro (micropropagación y organogénesis), aplicadas con éxito en especies como *Pinus taeda*, *Pinus híbrido*, *Ilex paraguariensis*, frutales nativos como *Plinia cauliflora*, *Eugenia uniflora* y *E. involucrata*, herbáceas endémicas. Asimismo, ha implementado la germinación in vitro de orquídeas nativas en colaboración con comunidades Mbya

Guaraní, fortaleciendo la conservación biocultural y la restauración ecológica. Estos avances han contribuido significativamente al fortalecimiento de viveros forestales y agroindustriales, así como a proyectos de conservación ex situ y recuperación de especies amenazadas. A través de proyectos regionales e internacionales financiados por instituciones como INYM, MINCyT, PNUD, CABBIO y PTis, el laboratorio ha integrado el desarrollo biotecnológico con prácticas participativas, promoviendo la domesticación de especies nativas con alto valor cultural, ecológico y económico. En el ámbito de la vinculación tecnológica, LAPROVECO ha favorecido la formación de recursos humanos, la creación de espacios curriculares específicos en grado y posgrado, y la articulación con redes como REDARGENA y el Banco de Germoplasma de la FCF (BAGFOR). En la mesa redonda "Desarrollo de la biotecnología en Misiones", se expondrán los avances y desafíos en la implementación de estrategias de propagación in vitro y ex vitro para la domesticación, conservación y uso sostenible de especies clave para la bioeconomía regional.

PROPAGACIÓN VEGETATIVA, CONSERVACIÓN, DOMESTICACIÓN, RECURSOS FITOGENÉTICOS

DESARROLLO DE LA BIOTECNOLOGÍA EN MISIONES: EXPERIENCIAS TRANSFORMADORAS DESDE BIOFÁBRICA MISIONES S.A.

IMBROGNO, LUCIANA P.^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M.^A; ESCALANTE, EVANGELINA M.^A; MOREIRA KUBIAK, DANIELA^A; SERVENTI DUFFAU, JUAN M.^A; MORZAN, LEONARDO M.^A; FERNÁNDEZ, MARÍA J.^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

Luimbrogno@gmail.com

Biofábrica representa una innovación tecnológica significativa habiendo transformado los métodos tradicionales de producción de plantas. Es un símbolo de la aplicación de la biotecnología vegetal para el desarrollo agroforestal, consolidándose como una herramienta estratégica en cadenas de valor con impacto socioeconómico. Para Misiones es mucho más que un laboratorio de micropropagación. Tras 18 años se consolidó como un centro agrobiotecnológico con capital humano altamente especializado, donde se realiza I+D en cultivo in vitro y desarrollo y producción de bioinsumos agrícolas transformando la biodiversidad en bienes y servicios. La aplicación de la tecnología depende de la estrategia productiva y del valor que justifique su uso en determinadas especies. No obstante, el costo de las plantas obtenidas in vitro difícilmente resultaría competitivo sin la implementación de laboratorios con diseño eficiente, que integren luz natural como fuente lumínica, esterilización combinada con métodos físico-químicos y tecnologías superadoras como los biorreactores de inmersión temporal. Biofábrica se posiciona basando su modelo en una alta competitividad tecnológica. Su origen se remonta a la transferencia de conocimientos desde Cuba, pioneros en el desarrollo de biofábricas, mediante la alianza con el IBP que permitió el diseño técnico-constructivo, equipamiento y puesta en funcionamiento de una Biofábrica moderna, que hoy está a la vanguardia de los centros productivos. Estratégicamente, trascendimos el laboratorio, estableciendo vínculo directo con productores, facilitando la apropiación de productos biotecnológicos, comunicando y concientizando a la sociedad sobre sus bondades. Hemos recorrido un importante camino brindando soluciones como la escala, uniformidad, sanidad, calidad, trazabilidad, desarrollo de protocolos, disponibilidad de nuevas genéticas y validación de productos en territorio. En formación de RRHH dictamos diplomaturas superiores con la innovación del Aula Taller Móvil: biotecnología vegetal y bioinsumos agrícolas, sumando al

entrenamiento especializado para equipos externos. Otro hito lo constituye el diseño y comercialización de biofábricas móviles para producción e investigación con transferencia a otras provincias. La certificación internacional ISO 9001 desde el 2010 es un capital que agrega valor: la confianza. La mejora continua y estandarización de procesos condujo al alcance “diseño, desarrollo, producción, transferencia tecnológica y comercialización de productos y servicios biotecnológicos agrícolas” garantizando gestión tecnológica planificada con disciplina en los procesos. Entre otros logros podemos destacar la producción a escala de plantas in vitro de calidad genética y fitosanitaria de especies de interés; aportando al desarrollo de cuencas de frutas tropicales como el caso del banano ganando precocidad y mejores rendimientos; la multiplicación de Eucaliptus para dar acceso a materiales mejorados para pequeños productores; rejuvenecimiento de plantas madres de especies como Eucalyptus y Pawlonia para ganar eficiencia en enraizamiento de estacas en viveros; desarrollo de semilleros de caña de azúcar y mandioca con certificación sanitaria, que contribuyeron a aumentar el promedio de rendimiento de la provincia. Entre las especies.

BIOFÁBRICA, CULTIVO IN VITRO, BIOTECNOLOGÍA VEGETAL

MESA REDONDA. STARTUPS E INDUSTRIAS BIOTECNOLÓGICAS.

MODERAN: V. BUSI Y D. LEWI

STARTUPS BIOTECNOLÓGICAS

CAS EN ARGENTINA: CRECIMIENTO, DILEMAS Y POLÍTICAS

O'FARRELL, JUAN^A

a) Fundar

jofarrell@fund.ar

El trabajo presenta un relevamiento de las startups biotecnológicas de Argentina, en base a información provista por las aceleradoras que invierten en ellas, con foco en la cantidad de startups invertidas, el empleo que generan y la localización de dicho empleo. Analiza las políticas de desarrollo emprendedor que están detrás del crecimiento reciente en la cantidad de startups. En base a entrevistas con los protagonistas (aceleradoras, emprendedores, autoridades de institutos y funcionarios) plantea los dilemas y tensiones que este modelo de innovación genera sobre el sistema científico-tecnológico, por ejemplo, respecto a los incentivos y facilidades para emprender, la distribución de los beneficios generados por los emprendimientos y las políticas para potenciar el impacto local de dichos emprendimientos.

STARTUPS, INNOVACIÓN, ACELERADORAS, POLÍTICAS

¿QUÉ PASA CUANDO LAS IDEAS NO TIENEN DONDE CRECER? DESAFÍOS Y OPORTUNIDADES EN LA GENERACIÓN DE NUEVOS NEGOCIOS BIOTECNOLÓGICOS EN ARGENTINA.

HERNÁNDEZ, CINTIA^A; TORCHIANA, GIULIANA^A

a) Instituto Universitario para el Desarrollo Productivo y Tecnológico Empresarial de Argentina (IUDPT)

cintiachernandez@gmail.com

En Argentina, las Startups se destacan por su capacidad innovadora, agilidad y enfoque disruptivo: el 53% de las empresas innovadoras son pequeñas (RICyT, 2020). Sin embargo, enfrentan limitaciones significativas para validar tecnológicamente sus desarrollos, especialmente en el sector biotecnológico, que representa más del 60% de estas iniciativas. En contraste, las grandes empresas poseen infraestructura, equipos y redes comerciales consolidadas, aunque presentan bajo dinamismo innovador y una reducida inversión en I+D (RICyT, 2024). Además, muestran una capacidad instalada ociosa relevante, cercana al 42% en la industria manufacturera (INDEC, 2025). Esa capacidad ociosa representa una oportunidad si se disponibiliza al ecosistema de innovación. Facilitar el acceso a infraestructura y bienes de capital reduce el riesgo de los nuevos emprendimientos tecnológicos, permitiendo validar rápidamente sus desarrollos (Hernández, 2023). La sinergia en estas colaboraciones nutre a las empresas de una mentalidad innovadora, nuevas tecnologías y conocimiento. Por lo tanto, este tipo de estrategias podría disminuir los riesgos y mejorar los índices de sostenibilidad de los procesos de innovación, potenciando el agregado de valor sobre la utilización tradicional de las capacidades operativas existentes y favoreciendo la diversificación productiva. La innovación abierta aparece como estrategia clave: promueve vínculos colaborativos entre grandes empresas y Startups, apalancando fortalezas y compensando debilidades. Estos procesos impulsan el co-desarrollo de soluciones, fomentan la transferencia de conocimiento y dinamizan la economía del conocimiento. Cabe destacar el rol estratégico de las instituciones académicas como articuladoras de ecosistemas de innovación tecnológica. La construcción de entornos colaborativos y ágiles, orientados a resultados, acelera

la transformación de proyectos científicos en soluciones aplicadas al mercado. La validación temprana de la oferta de valor, impulsada por el co-desarrollo, es clave para optimizar las inversiones en I+D y asegurar la sostenibilidad de las Startups. En ese marco, el programa IUD-Evolution, desarrollado por el Instituto Universitario para el Desarrollo Productivo y Tecnológico (IUDPT), propone un modelo de innovación abierta que vincula Startups biotecnológicas con empresas consolidadas. El objetivo es facilitar la validación temprana, técnica y comercial, de Productos Mínimos Viables (MVP), mediante procesos más ágiles, inclusivos y costo-eficientes. El modelo de trabajo combina dos etapas: pre-incubación con vinculación temprana a empresas e incubación en laboratorios con asesoramiento técnico y mentorías especializadas. Las empresas aportan capacidad instalada, conocimiento del sector y redes comerciales, mientras que las Startups contribuyen con innovación, talento y tecnologías emergentes. El proceso se apoya en herramientas ágiles y validaciones iterativas con el mercado. A la fecha, el programa cuenta con 15 empresas patrocinadoras y 8 Startups participantes, promoviendo un ecosistema colaborativo y orientado a resultados. Finalmente, cabe destacar la importancia de robustecer los procesos de vinculación y transferencia tecnológica, lo que resulta esencial para que el conocimiento generado en instituciones científicas y académicas llegue tempranamente al sector productivo, optimizando la apropiación de los esfuerzos institucionales realizados en I+D. Esto permitiría maximizar el impacto socioeconómico de la innovación, impulsar la diversificación productiva y generar soluciones tecnológicas sostenibles a nivel nacional.

INNOVACIÓN ABIERTA, CO-DESARROLLO, BIOTECNOLOGÍA, STARTUPS, VALIDACIÓN TEMPRANA.

RIOS DE INNOVACIÓN Y DISRUPCIÓN EN LAS STARTUPS BIOTECNOLÓGICAS ARGENTINAS

BORTZ, GABRIELA^{A, B}

a) Instituto Universitario para el Desarrollo Productivo y Tecnológico Empresarial de Argentina (IUDPT)

b) Centro de Investigaciones para la Transformación, Escuela de Economía y Negocios, Universidad Nacional de San Martín (CENIT-EEyN-UNSAM)

gbortz@unsam.edu.ar

Este trabajo explora las transformaciones en las dinámicas e imaginarios de innovación en biotecnología en Argentina (2017-2023). Hoy las start-ups biotecnológicas son protagonistas de esta transformación, potenciando visiones de una innovación nacional de frontera capaz de disrupir el mercado global. Se analizan los cambios en las “culturas de innovación” y cómo éstas se imbrican en las identidades locales, representaciones de la nación y regionales. Se muestran la emergencia de tensiones contrapuestas entre lo global y lo local, entre lo discursivo y lo material, en relación a las promesas de la innovación (¿disrupción global o desarrollo local?), a sus discursos legitimadores en relación a su utilidad (¿relevancia local o para el mercado global?), así como la tensión entre soberanía y dependencia frente a la necesidad de financiar una innovación “para el mundo” desde “el fin del mundo”.

ESTUDIOS CRÍTICOS DE INNOVACIÓN, CULTURAS DE INNOVACIÓN, BIOTECNOLOGÍA, STARTUPS.

EN EL TOP TEN. IMAGINA-

MESA REDONDA: DIÁLOGO ENTRE LA INDUSTRIA Y LA ACADEMIA: TEN- DIENDO PUENTES Y ACHICANDO BRE- CHAS

MODERAN: G. LEVITUS Y E. BOSSIO

BOSSIO, EZEQUIEL ^A; MEIER, MAURO ^B; LEWIS, DALIA ^A; LEVITUS, GABRIELA ^C.

a) REDBIO Argentina.

b) Asociación de Cooperativas Argentinas

c) ArgenBio

glevitus@argenbio.org

La colaboración entre el sector académico y la industria es fundamental para potenciar el desarrollo de la biotecnología en nuestro país. Sin embargo, existe una brecha que distancia a estos dos sectores, dificulta el entendimiento mutuo y limita el aprovechamiento de las enormes capacidades que deberían poder complementarse. Esta mesa redonda propone un espacio de encuentro y de diálogo entre representantes de la academia y de la industria, quienes compartirán sus experiencias, desafíos y también (por qué no) sus frustraciones. El objetivo es que podamos entre todos identificar oportunidades concretas para mejorar este relacionamiento y delinear, quizás, los primeros pasos para una agenda de trabajo conjunta que facilite una interacción más fluida y sinérgica.

CONVERSATORIO, CIENCIA E INDUSTRIA, RELACIONAMIENTO.

SIMPOSIOS

SIMPOSIO 1A. CANNABIS MEDICINAL.

MODERA: V. RUDOF

DESARROLLO Y VALIDACIÓN DE CANNABINOIDES EN EXTRACTOS Y ACEITES MEDICINALES: AVANCES Y PERSPECTIVAS FUTURAS

VAN BAREN, CATALINA M.^A

a) Cátedra de Farmacognosia-IQUIMEFA (UBA-CONICET), Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires.

cbaren@ffyb.uba.ar

Con la sanción de la ley 27.350, en marzo del 2017, se habilitó el estudio del Cannabis para su uso medicinal. La ley, impulsada de abajo hacia arriba por médicos, pacientes de diversas patologías, madres de niños enfermos y organizaciones no gubernamentales de usuarios de cannabis medicinal, estableció la creación de un Programa Nacional que dependería del Ministerio de Salud y que regularía el estudio y la investigación del uso medicinal de “la planta de cannabis, sus derivados y tratamientos no convencionales”.

Este programa fue inicialmente dirigido por el Dr. Diego Sarasola y luego por el Dr. Marcelo Morante. Se establecieron 4 ejes de acción para su implementación: Investigación, Capacitación, Producción, Acceso a los productos. Este hecho marcó una orientación en el camino a recorrer con Cannabis y es en el marco de estos ejes de acción que se avanzó en la capacitación y el desarrollo analítico de la planta de cannabis (material vegetal), sus extractos y productos derivados. Numerosos grupos analíticos se establecieron en Universida-

des e Institutos de Investigación en todo el país y actualmente están nucleados en la RACME (Red Argentina de Cannabis Medicinal) dependiente del CONICET. Este avance se logró con esfuerzos propios de cada grupo para acompañar la situación coyuntural del Cannabis a nivel del país. Hubo que validar técnicas desarrolladas, calificar equipos y acceder a estándares certificados. Desde el ámbito farmacéutico, las monografías farmacopeicas de cada país ofrecieron los parámetros y técnicas analíticas oficiales validadas para Cannabis medicinal.

Es en este mismo marco que se trabajó y avanzó en el área de la Producción de Cannabis donde la analítica resultó ser una herramienta muy importante y necesaria para conocer las genéticas de las plantas, y las respuestas adaptativas del metabolismo secundario a las condiciones de cultivo o el ambiente. Así, se pudo avanzar con certidumbre en el desarrollo de cultivares, y en la micropropagación y aplicación de otras técnicas biotecnológicas.

Asimismo, en el campo de la Investigación Médica y Clínica Observacional, la analítica dio certidumbre a las observaciones realizadas por los médicos en los ensayos clínicos y en la continuidad del tratamiento con preparados, extractos o aceites medicinales a base de Cannabis, como también en la estabilidad de los productos.

Como resultado del conjunto de acciones que se han llevado a cabo con mucho esfuerzo desde la sanción de la ley 27.350, la Investigación, la Capacitación en distintos ámbitos y la Producción (ley 27.669/22) pretenden ofrecer a las autoridades sanitarias nacionales y provinciales y a la comunidad biomédica las herramientas y evidencias científicas y las genéticas que permitan justipreciar en debida forma el potencial farmacológico de estos productos, sus riesgos y limitaciones y con el fin último de que en la Argentina se desarrolle un medicamento de producción local, que permita sustituir importaciones y preparados de elaboración casera, garantizando el acceso de éstos a la comunidad que los requiera con el consentimiento profesional.

Es un largo camino.

CANNABIS MEDICINAL, ANÁLISIS DE CANNABINOIDES, VALIDACIÓN, CERTIDUMBRE

PRODUCCIÓN DE CANNABIS MEDICINAL EN BIOFÁBRICA MISIONES: BIOTECNOLOGÍA APLICADA A LA SALUD

IMBROGNO, LUCIANA ^A; SERVENTI DUFFAU, JUAN M. ^A; MOREIRA KUBIAK, DANIELA ^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA ^A; ESCALANTE, EVANGELINA ^A; LÓPEZ HERMANN, FÁTIMA ^A; FERNÁNDEZ MARÍA J. ^A; SILVA, MARILYN ^A; MUNEVAR, ANA ^A; FRANCO, A. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

luimbrogno@gmail.com

Biofábrica Misiones S.A., una empresa estatal con más de 18 años de trayectoria en biotecnología vegetal, lidera el desarrollo de tecnología para la producción de cannabis medicinal. Esto responde a la necesidad de abastecer de forma local, segura, sin costo y con calidad farmacéutica a pacientes con epilepsia refractaria y otras dolencias, reduciendo la dependencia de insumos importados y evitando riesgos asociados al mercado informal. El programa, aprobado por el Ministerio de Salud de la Nación, abarca toda la cadena de valor del cannabis medicinal, desde el cultivo hasta la elaboración de productos derivados como aceite (solución oral al 10% de CBD) y cremas. Biofábrica cuenta con un banco de germoplasma con 600 plantas madres, y produce plantas tanto por cultivo in vitro como por esquejes. La capacidad instalada permite generar 300.000 plantas al año. En el área de I+D+i se han logrado avances en relación a la regeneración de plantas mediante organogénesis directa en medios semisólidos y en biorreactores de inmersión temporal en medios líquidos con resultados alentadores y buen porcentaje de enraizamiento

y aclimatización dependiendo de los materiales genéticos utilizados. En cuanto a la organogénesis indirecta se logró regenerar y multiplicar brotes a partir de tejidos jóvenes como cotiledones e hipocótilos de semillas germinadas in vitro en 4 variedades. Se está trabajando en el desarrollo de embriogénesis somática que se encuentra aún en la fase de formación de callos. La producción de flores de cannabis se realiza en tres modalidades: indoor (salas con control pleno de los factores ambientales), invernaderos donde se han desarrollado nuevos sistemas de cultivo con estructuras altamente tecnificadas, y outdoor. Esta última busca adaptar el cultivo a la región mediante ensayos agronómicos, donde los rendimientos obtenidos promedian los 250 gr/planta. El sistema de cosecha, poscosecha y secado incluye maquinaria especializada y salas equipadas con control ambiental, garantizando calidad, higiene y trazabilidad del producto. La trazabilidad digital permite seguir cada planta desde la semilla o esqueje hasta el producto final. Hasta el momento se han cosechado más de 50.000 plantas, y procesados más de 2000 kg de materia seca de flores de esta especie medicinal, habiendo realizado más de 45 cosechas. Además, se realiza certificación genética mediante marcadores moleculares. La producción se complementa con el desarrollo de bioinsumos, manejo integrado de plagas y enfermedades basado en prácticas biológicas y monitoreo constante. Biofábrica está certificada bajo la norma ISO 9001 desde hace más de 14 años, y avanza hacia la certificación del estándar internacional de buenas prácticas de cultivo y recolección de especies medicinales (GACP). Dados los avances, Biofábrica recibió el 1er premio otorgado por la Cámara de comercio Suizo Argentina en el año 2024 en la categoría PYME, temática tecnología e innovación por el desarrollo tecnológico en cannabis medicinal.

CANNABIS, PRODUCCIÓN, MANEJO DE CULTIVO, BIOFÁBRICA

AVANCES EN LA APLICACIÓN DE TÉCNICAS DE CULTIVO IN VITRO DE CANNABIS SPP.

RUDOY, VALERIA^A; TURRADO, MARINA^A

a) Universidad Nacional de Hurlingham, Instituto de Biotecnología

valeria.rudoy@unahur.edu.ar

El laboratorio de I+D y producción de plantines in vitro fue instalado en el año 2018, en el predio de la Universidad Nacional de Hurlingham, Villa Tesei, provincia de Buenos Aires. Su incorporación a la Universidad tuvo como objetivo principal enseñar las posibilidades de las técnicas de cultivo de tejidos y fomentar líneas de investigación orientadas al desarrollo de nuevos cultivos de interés para la sociedad. Se logró establecer con éxito el proceso de multiplicación in vitro de la planta de Cannabis spp. Alcanzada la etapa de establecimiento in vitro en medio semisólido (agarificado) de los plantines de Cannabis spp., se diseñó el medio líquido nutritivo adecuado para aquellos plantines que continuarían su crecimiento en la etapa de proliferación o multiplicación.

Se elaboraron los sistemas:

a) S.I.T. Sistema de inmersión temporaria en un frasco diseñado de forma que los plantines quedan sostenidos sobre una malla en la mitad del recipiente, y el medio de cultivo en la base. Al activarse el sistema de compresión de aire, el medio nutritivo es impulsado a subir al área de plantines durante los minutos programados para luego volver a su base.

b) S.I.T. Sistema de inmersión temporaria en frascos independientes donde uno contiene los plantines y el otro contiene el medio nutritivo. Se programa el reloj de manera que el sistema se active para trasladar el medio líquido hacia el frasco conteniendo los plantines. Luego del tiempo programado de los plantines inmersos en el medio líquido, éste vuelve hacia el fras-

co que lo contenía dejando a los plantines en estado de "reposo".

Si bien se busca eficientizar el crecimiento de las plantas para luego obtener gran cantidad y tamaño de plantas para obtener a su vez los metabolitos secundarios de interés, (fitocannabinoides) en mayor cantidad avances en análisis multiómicos han proporcionado un conocimiento más profundo de las vías biosintéticas de metabolitos secundarios.

Mediante enfoques computacionales seguidos de caracterización molecular con métodos de edición génica, se facilita una mejor comprensión de los datos que la ingeniería genética utiliza para construir genes artificiales y transformarlos en cultivos de plantas in vitro del tipo de cultivos celulares o de raíz pilosa (hairy root) para la biosíntesis de metabolitos secundarios específicos.

Las estrategias de ingeniería enzimática dirigida mediadas por CRISPR pueden usarse para la optimización metabólica de cultivos de raíces pilosas y/o suspensiones celulares para mejorar aún más la producción de metabolitos secundarios.

Gracias a estos avances, ha sido posible identificar redes reguladoras de genes asociadas con cannabinoides económicamente importantes. Por lo tanto, la demanda de compuestos para cannabinoides podría satisfacerse mediante el acoplamiento de métodos de cultivo in vitro con enfoques de edición del genoma.

MULTIPLICACIÓN IN VITRO, MEDIO SEMISÓLIDO, METABOLITOS SECUNDARIOS, CANNABINOIDES

SIMPOSIO 1B. BIORREFINERÍAS Y PRODUCTOS BIOBASADOS.

BIOCATÁLISIS Y BIOTRANSFORMACIONES EN LA VALORIZACIÓN DE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES

RODRÍGUEZ BONNECARRERE, PAULA^A

a) Laboratorio de Biocatálisis y Biotransformaciones, Departamento de Química Orgánica, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Univ. de la República, Uruguay.

paularod@fq.edu.uy

El área de la biocatálisis enfrenta el desafío de descubrir y desarrollar nuevos biocatalizadores que amplíen el rango de productos obtenibles mediante transformaciones biológicas. Este objetivo ha sido abordado a través de diversas estrategias, como la evolución dirigida de proteínas, la exploración del metagenoma, la aplicación de herramientas bioinformáticas para el modelado molecular y el diseño racional de enzimas, así como mediante la prospección de la diversidad microbiana presente en la naturaleza. Se estima que menos del 1 % de la diversidad microbiana total ha sido cultivada en laboratorio, lo que destaca el valor de los microorganismos nativos como fuente de biocatalizadores novedosos, accesibles mediante metodologías combinadas de bajo costo.

En este marco, nuestro grupo de investigación estudió el uso de biotransformaciones microbianas para la valorización de residuos lignocelulósicos. Una de las líneas desarrolladas se centró en el aprovechamiento del 1,8-cineol, un monoterpeno abundante en el aceite esencial de hojas de *Eucalyptus* sp., mediante su bioconversión con microorganismos aislados de hábitats naturalmente enriquecidos en este compuesto. Entre los biocatalizadores identificados se destacaron *Aspergillus terreus*, *Gymnopilus spectabilis* y *Rhodococcus* spp. La biotransformación permitió obtener cuatro alcoholes oxigenados como

productos principales, con rendimientos de hasta el 98 % y una estereoselectividad dependiente del medio de cultivo, lo que evidencia su potencial para la obtención de compuestos de alto valor agregado.

Paralelamente, se aislaron y caracterizaron microorganismos productores de enzimas xilanasas a partir de residuos forestales. Estas enzimas fueron aplicadas en la hidrólisis de corteza de *Eucalyptus dunni*, cuyo producto se utilizó como sustrato en procesos fermentativos. En esta etapa se seleccionó la levadura *Wickerhamomyces anomalus* Z1 por su capacidad de producir xilitol a partir de xilosa, capacidad que fue optimizada mediante evolución adaptativa para mejorar su tolerancia a los inhibidores presentes en hidrolizados lignocelulósicos y se empleó para producir xilitol a partir de la xilosa generada por la hidrólisis enzimática de la corteza de *E. dunni*.

Posteriormente, siguiendo en esta línea, se utilizó como sustrato la fracción hemicelulósica líquida del bagazo de caña de azúcar, obtenida por explosión con vapor (SCHH), para la producción de xilitol. Las condiciones de fermentación fueron optimizadas mediante diseño experimental, y el proceso fue escalado a nivel de laboratorio, alcanzándose una producción de 25 g/L de xilitol con un rendimiento de 0,70 g/g. El producto fue purificado por cristalización y caracterizado por espectroscopía RMN, confirmando su alta pureza.

Los trabajos desarrollados por nuestro grupo demuestran el potencial de las biotransformaciones microbianas y enzimáticas como herramientas en la valorización de residuos lignocelulósicos, y marcan la importancia de explorar nuevas fuentes de biocatalizadores para el desarrollo de procesos más sostenibles, eficientes y alineados con los principios de la bioeconomía.

BIOECONOMÍA, BIOCATÁLISIS, RESIDUOS AGROINDUSTRIALES

BIOPROCESOS CIRCULA-

RES: TRANSFORMANDO SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES EN PRODUCTOS DE ELEVADO VALOR.

RIVALDI CHAVEZ, JUAN D. ^A

a) Universidad Nacional de Asunción, Paraguay
danielrivaldi@qui.una.py

Esta conferencia abordará estrategias biotecnológicas para la valorización de subproductos agroindustriales como sustratos en bioprocesos destinados a la obtención de bioproductos de alto valor agregado, en el contexto de una economía circular. Se presentarán desarrollos recientes en la producción de compuestos como aceite microbiano, probióticos, enzimas específicas para la síntesis de biodiésel, y nanocelulosa bacteriana con aplicaciones en biomedicina y empaques sostenibles. Asimismo, se analizarán metodologías para la formulación y optimización de medios de cultivo a partir de residuos agroindustriales, el control de parámetros críticos en sistemas de biorreactores, y las perspectivas tecnológicas y ambientales asociadas a la implementación de bioprocesos sostenibles a escala industrial.

BIOPROCESOS CIRCULARES, SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES, BIOPRODUCTOS DE ALTO VALOR.

SIMPOSIO 2A. APROXIMACIONES BIOTECNOLÓGICAS PARA EL MEJORA- MIENTO VEGETAL.

MODERA: P. BENAVIDES

DESARROLLO Y PRODUCCIÓN DE BIOINSUMOS EN BIOFÁBRICA MISIONES

MUNEVAR, ANA ^A; ROTTA, GUSTAVO F. ^A; IMBROGNO, LUCIANA P. ^A; SILVA, MARILYN R. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

bioinsumos_i.d.i@biofabbrica.com.ar

Biofábrica Misiones S.A. es una empresa de biotecnología especializada en la producción masiva de bioinsumos y plantas de importancia agrícola para la provincia de Misiones y la región. Mediante transferencia tecnológica internacional se crea la primera planta biológica habilitada por SENASA (2019) y con cumplimiento de norma ISO 9001 desde 2015, con un enfoque en I+D+i que integra la prospección de cepas nativas, hasta el desarrollo y producción de bioinsumos para la protección y nutrición de cultivos regionales. A partir de la obtención e investigación de microorganismos de suelo con ensayos in vitro y a campo se dio inicio al primer formulado biológico denominado MIHOBA como promotor de crecimiento. En el 2024, se obtiene el registro definitivo de dicho bioinsumo, a base cepas nativas de *Trichoderma asperellum*, ante SENASA. Primer bioinsumo específico para yerba mate. El hito de MIHOBA crece al recibir en el 2025 el apto orgánico para su utilización en la producción de cultivos con certificación orgánica; y, su uso sigue en expansión como biocontrolador de hongos fitopatógenos. El área de bioinsumos afianza el desarrollo de nuevos insumos biológicos mediante alianzas con instituciones académicas (UNaM, INET y EFAS) y tecnológicas (INTA e INYM) y proyectos de financiación para escalar innovaciones (PFI). Fortaleciendo las sinergias interinstitucionales se avanza en el desarrollo de macro y microorganismos para el control de plagas y enfermedades. Con actividades de extensión se comunica los avances en investigación, desarrollo, producción y uso de bioinsumos mediante capacitación

a productores, docentes, técnicos y profesionales; una de estas propuestas es la Diplomatura Superior en Bioinsumos Agrícolas. A nivel regional Biofábrica lidera en uso de biotecnología aplicada sobre cultivos de interés. Esta empresa ejemplifica cómo la integración de políticas públicas, I+D+i interdisciplinario y compromiso con la sostenibilidad pueden transformar desafíos agrícolas en oportunidades adaptadas a la región.

BIOINSUMOS, BIOTECNOLOGÍA, I+D+i, TRI-
CHODERMA Y SOSTENIBILIDAD

CARACTERIZACIÓN DE AISLAMIENTOS ARGENTINOS DEL FITOPATÓGENO PHYTOPHTHORA INFESTANS Y DISEÑO DE ESTRATEGIAS BIOTECNOLÓGICAS PARA SU CONTROL

JUAREZ, MARCELO E.^{A,B}; AZCUE JUAN^{A,B};
CANO MOGROVEJO, L. LIANA M.^C; LAMOUR,
KURT^D; GUAGLIANONE, MORA^{A,B}; LEÓN, VA-
LENTINA^A; BRAVO-ALMONACID, FERNANDO
F.^{A,E}; LUCCA, ANA M.F.^F; SEGRETIN, MARÍA
EUGENIA^{A,B}

a) INGEPI - CONICET. Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular "Dr. Héctor N. Torres" (C1428ADN), Argentina.

b) DFBMC, FCEN, Universidad de Buenos Aires (C1428EGA), Argentina.

c) University of Florida (32611-5500), United States.

d) University of Tennessee (37996), United States.

e) Departamento Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (B1876BXD), Argentina

f) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria EEA Balcarce, INTA (CC276-7620), Argentina.

mariasegretin@gmail.com

La papa (*Solanum tuberosum*) es un cultivo esencial para la seguridad alimentaria, y Argentina se posiciona como el tercer productor en América Latina. Sin embargo, el tizón tardío, causado por el oomicete *Phytophthora infestans*, representa una de las principales amenazas para su producción, debido a su alta agresividad y rápida propagación. En Argentina, la producción de papa se destina principalmente al consumo fresco, y hasta un 80% del área cultivada corresponde a las variedades Spunta y Kennebec, susceptibles al tizón tardío. El manejo de esta enfermedad depende en gran medida del uso reiterado de oomicidas, muchos de los cuales serán retirados del mercado en el corto plazo, lo que resalta la necesidad urgente de nuevas estrategias de control sustentables.

Una de las alternativas más prometedoras es la incorporación de resistencia de base genética en variedades comerciales, mediante un enfoque basado en el conocimiento del patógeno y de los mecanismos de defensa de la planta. *P. infestans* infecta sus hospedadores a través de la secreción de múltiples moléculas efectoras (especialmente proteínas) que facilitan la colonización. Algunos genotipos de *Solanum* spp. poseen receptores inmunes codificados por genes de resistencia (R), que pueden reconocer la presencia de efectores específicos y activar un proceso denominado inmunidad desencadenada por efectores (ETI).

En este trabajo se caracterizaron aislamientos argentinos de *P. infestans* recolectados en distintas regiones productivas mediante el uso de marcadores SSR y secuenciación de amplicones. Todos los aislamientos fueron clasificados dentro de un mismo genotipo determinando así la estructura clonal de la población argentina. Se seleccionó un aislamiento representativo para su caracterización genómica y transcriptómica mediante secuenciación de nueva generación, revelando su condición de triploide, la pérdida de múltiples efectores y variaciones relevantes en otros genes de virulencia.

Se realizó un análisis transcriptómico du-

rante el proceso de infección en hojas de Spunta, determinando perfiles de expresión diferencial a lo largo del tiempo para un conjunto de genes efectores conocidos por ser blanco de genes R. Estos genes fueron analizados adicionalmente en cuanto a su número de copias, polimorfismos y eventos de pérdida génica. Finalmente, se ensayaron candidatos a genes de resistencia en plantas transgénicas de *Nicotiana benthamiana*, observándose respuestas inmunes efectivas en determinadas combinaciones.

Este trabajo constituye la primera caracterización genómica y transcriptómica de un aislamiento argentino de *P. infestans*, y aporta herramientas clave para el diseño de estrategias de mejoramiento genético orientadas al control efectivo y sustentable del tizón tardío.

SOLANUM TUBEROSUM, PHYTOPHTHORA INFESTANS, ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO

IMPACTO DE LOS ESTUDIOS GENÓMICOS DE ILEX PARAGUARIENSIS EN LA DILUCIDACIÓN DE VÍAS METABÓLICAS Y NUEVAS PERSPECTIVAS DE MEJORAMIENTO Y SELECCIÓN

ROSSI, SEBASTIÁN M.^A; FERRI, CRISTIAN A.^A; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}

Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

pedro.zapata@unam.edu.ar

Ilex paraguariensis St. Hil. (Aquifoliaceae)

es un árbol dioico originario de Sudamérica con un gran impacto en las economías regionales argentina, paraguaya y brasilera. La cafeína uno de los metabolitos de importancia en las propiedades de la especie. El objetivo general del trabajo fue dilucidar los genes relacionados a la vía biosintética de la cafeína a partir del análisis desde el punto de vista genómico y filogenético comparándola con la existente en otras especies de importancia agronómica y prediciendo el impacto de las variaciones encontradas a nivel proteómico y metabolómico. Para los estudios genómicos se utilizó el material elite del INTA referenciado como Pg538. Los análisis genómicos permitieron inferir que la especie contiene alrededor de 32.355 genes y 12.551 variantes génicas. Asimismo, se identificaron transcriptos pertenecientes a más de 100 vías metabólicas. Se realizó un examen filogenético de las enzimas de una gran familia de genes denominados SABATH (Salicylic Acid, Benzoic Acid, Theobromine methyltransferase). Los genes evolucionados más recientemente de la familia SABATH son los que corresponden a la vía XMT (metiltransferasas de xantina) y CS (cafeína sintasa). Se obtuvieron 19 enzimas SABATH del transcriptoma y, a partir de los datos generados del genoma se analizaron 26 genes completos y 3 pseudogenes, para determinar qué tipo de metiltransferasas utiliza la yerba mate en el proceso metabólico de la conversión de cafeína. Se pudieron identificar, categorizar y caracterizar tres genes que codifican para las enzimas que catalizan los 3 pasos de reacción de la vía de biosíntesis desde la xantina a la conversión de cafeína en yerba (IpCS1, IpCS2 e IpCS3). Mediante ensayos enzimáticos de los productos purificados, pudieron detectarse los sustratos específicos midiendo actividad catalítica de cada enzima. Se concluyó que la enzima (IpCS1) muestra preferencia para catalizar la formación de 3- metilxantina a partir de xantina como sustrato. La segunda enzima descrita en este estudio (IpCS2) presenta actividad con 3-metilxantina para producir teobromina, pero no

presenta actividad alguna con otros sustratos. La tercera enzima, (IpCS3) metila al máximo teobromina para formar cafeína. Colectivamente estas tres enzimas son capaces de catalizar una vía completa de biosíntesis desde xantina a cafeína en yerba mate. El conocimiento de la genómica comparativa de las enzimas involucradas en esta vía permitió cuantificar el peso de las variaciones genéticas de la yerba mate en comparación con otras especies productoras de cafeína de interés agronómico mediante un estudio de microsentencia y al mismo momento se compararon órdenes de plantas no productoras de cafeína, pudiendo denotarse la falta de estos genes ortólogos de una vía que ha sido muy conservada en la evolución de varias especies de eucariotas.

ILEX PARAGUARIENSIS, GENOMA, SABATH, CAFEINSINTASA

SIMPOSIO 2B. BIOCATÁLISIS Y BIOPRODUCTOS.

MODERA: O. DELGADO

PRODUCCIÓN INDUSTRIAL DE ENZIMAS: DISEÑO DE PROTEÍNAS, OPTIMIZACIÓN DE CEPAS PRODUCTORAS Y DESAFÍOS EN EL ESCALADO.

CASTELLI, MARÍA EUGENIA^A

a) *Keclon S.A.*

meugeniastelli@gmail.com

Keclon es una empresa de biotecnología dedicada al desarrollo de soluciones innovadoras basadas en la ingeniería de proteínas, microorganismos y procesos

de fermentación de alto rendimiento, con el objetivo de mejorar la eficiencia productiva y la sustentabilidad ambiental. La compañía ha creado una plataforma tecnológica propia que integra herramientas de ingeniería genética, biología sintética y técnicas de evolución dirigida. Fundada por investigadores del CONICET y de la Universidad Nacional de Rosario (UNR), Keclon actualmente proporciona soluciones para las industrias de la alimentación, oleoquímica y farmacéutica.

Keclon cuenta con una planta industrial ubicada en la ciudad de San Lorenzo, con una capacidad instalada de 60 m³ para fermentación y procesos de downstream. Sus fermentadores a gran escala permiten satisfacer la creciente demanda de manera eficiente. Estos equipos son capaces de procesar volúmenes de hasta 30 m³ simultáneamente, manteniendo condiciones óptimas para la actividad microbiana, lo que incluye la regulación de temperatura, aireación, agitación, suministro de nutrientes y el control de pH. Este entorno controlado maximiza la productividad del proceso y minimiza los residuos y el consumo de energía, alineándose con la tendencia global hacia una fabricación ecológica.

El proceso de fermentación industrial presenta una dinámica compleja que busca alcanzar tanto la producción a gran escala como la calidad en los resultados, aprovechando al máximo el potencial de la planta industrial equipada con fermentadores de alta capacidad y tecnología avanzada. El equipo de investigación y desarrollo (I+D) se enfoca en el desarrollo y optimización de cepas productoras, así como en la puesta a punto de procesos a pequeña escala, para establecer las condiciones ideales que aseguren el éxito del proceso. El escalado de un proceso biotecnológico implica diversos problemas biológicos, químicos y físicos. Entre los biológicos se encuentran el cambio en el número de generaciones durante el desarrollo del cultivo, mayor probabilidad de mutaciones, riesgo de contaminación, formación de pellets y presión de selección. En el plano químico, se ven afectadas variables como

el control de pH, la calidad del medio y del agua, las concentraciones de nutrientes y productos, así como el potencial redox y la formación de espuma. Los problemas físicos incluyen diferencias en la configuración del tanque, aireación, agitación, presión, esterilización del medio, control de temperatura y mezclado. Para anticipar y evaluar estos desafíos, son clave los estudios a escala reducida.

En esta charla abordaré los desafíos que enfrentamos en los últimos años para lograr el escalado de producción de fosfolipasas utilizadas para el desgomado enzimático de aceite de soja. En este escalado enfrentamos dificultades que pudieron resolverse con cambios operativos y otros que requirieron la modificación de cepas productoras. También se realizaron múltiples ensayos de laboratorio intentando reproducir en menor escala ciertas condiciones industriales, para poder evaluar en pequeña escala el impacto de los cambios propuestos.

INNOVACIÓN, EMPRESA DE BASE TECNOLÓGICA, BIOTECNOLOGÍA

MICOFÁBRICAS: DESCUBRIMIENTO, DESARROLLO Y MANUFACTURA DE BIOPRODUCTOS CON DEMANDA CRECIENTE

FARIÑA, JULIA I.^A

Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET. Tucumán, Argentina.

jifarina@yahoo.com

Los hongos filamentosos por su rol como adaptógenos, desensambladores moleculares y recicladores naturales son esenciales para la restauración de ecosistemas, descomponiendo materia orgánica

y reciclando nutrientes. Más allá de este rol ecológico, son protagonistas en la producción de alimentos fermentados, antimicrobianos y numerosos metabolitos y enzimas de gran relevancia. Por ello, su recolección masiva o indiscriminada, junto a la introducción de especies exóticas y la explotación descontrolada del suelo, amenazan la diversidad de hongos nativos. Su protección y valorización no sólo tiene impacto económico y ambiental, sino que también garantiza su estudio con fines académicos y biotecnológicos. La micotecnología nos permite poner en evidencia el enorme potencial fúngico para transformar diversos sectores productivos, por ejemplo, con la manufactura de bioplaguicidas, bioplásticos, biocombustibles, compuestos bioactivos y estrategias de biorremediación. Esto nos ha permitido abordar múltiples necesidades emergentes en áreas clave como ambiente, salud, industria y alimentación. Su capacidad para descomponer materiales complejos y generar productos de alto valor los posiciona como aliados fundamentales para un desarrollo competitivo y sostenible. A nivel ambiental, las mayores contribuciones tienen que ver con su eficacia en biodegradación y biorremediación, gracias a enzimas especializadas que atacan una diversidad de contaminantes industriales, plásticos y residuos orgánicos. Algunos hongos pueden producir biocombustibles a partir de biomasa vegetal, reduciendo la dependencia de combustibles fósiles. En cuanto a la innovación en materiales, la micotecnología posibilitó el desarrollo de empaques y paneles biodegradables y mico-cuero basados en micelio, que representan una alternativa real, y son compostables, livianos, resistentes y de bajo impacto ambiental. En el campo de la salud y la medicina, los hongos son fuente de antibióticos y antifúngicos, generando nuevos compuestos capaces de combatir infecciones emergentes o resistentes a fármacos. También producen metabolitos con propiedades inmunoestimulantes, antioxidantes, neuroprotectoras, vitamínicas y terapéuticas, incluyendo estatinas,

enzimas fibrinolíticas, hormonas y otros agentes. La agricultura también se beneficia con los aportes fúngicos, por ej. con biopesticidas como alternativa ecológica a los químicos convencionales, o con hongos micorrícicos y endofíticos que estimulan el crecimiento vegetal. En el ámbito de los alimentos, no sólo cuentan los hongos comestibles y medicinales con sus innumerables beneficios (betaglucanos, antioxidantes, contenido proteico y diversidad de aminoácidos), sino también los productos fermentados (quesos, tempeh, arroz rojo), sustitutos cárnicos y lácteos con mejor perfil nutricional, y diversos aditivos (ej. pigmentos). Asimismo, pueden transformar residuos agroindustriales y domésticos en compost o productos de alto valor agregado, reduciendo el impacto ambiental y fomentando la economía circular.

En el Laboratorio de Micodiversidad y Mico-prospección (PROIMI-CONICET), llevamos más de treinta años investigando hongos nativos como fuente de moléculas con aplicaciones biotecnológicas, transferibles a industrias farmacéutica, cosmética, alimentaria, del petróleo. Hemos seleccionado cepas nativas capaces de producir biopolímeros inmuno- y cosmeceúticos, estatinas, fibrinolisin, antimicrobianos y diversas enzimas. También hemos demostrado su potencial para remediar contaminantes complejos como pesticidas y colillas de cigarrillo. Todo ello indica que los hongos manejados como micofábricas representan una fuente versátil y poderosa de soluciones sostenibles, para responder a las crecientes demandas de productos y procesos innovadores respetuosos con el planeta.

HONGOS, YUNGAS, MICOTECNOLOGÍA, FERMENTACIÓN, BIOPROSPECCIÓN

SIMPOSIO 3A. HERRAMIENTAS

BIOTECNOLÓGICAS PARA EL MEJORA- MIENTO DE LOS CUL- TIVOS.

MODERA: P. VILLALBA

TRATAMIENTOS ALTERNATIVOS DE EFLUENTES INDUSTRIALES A BASE DE CULTIVOS DE MICROORGANISMOS

MARCONI, PATRICIA L. ^A

a) CONICET, CEBBAD-Univ. Maimónides

marconi.patricia.laura@maimonides.edu

Las tendencias actuales en saneamiento ambiental buscan sistemas que cumplan tanto con la rentabilidad económica, sostenibilidad y cuidado del ambiente. En este contexto, los sistemas biológicos surgen como respuesta a esta demanda, ya que utilizan microorganismos con múltiples características, como rápido crecimiento, adaptabilidad, robustez y diversidad metabólica. En nuestro laboratorio, estamos trabajando con dos modelos de aguas residuales: Arroyo Cildañez (Cuenca Matanza-Riachuelo) y un efluente industrial proveniente de una empresa procesadora de miel para exportación. Sumado a ello, tenemos dos modelos de microorganismos: *Chlorella vulgaris* y *Candida ethanolica* con varias cepas de ambas especies provenientes de las zonas en estudio. Además, hemos estudiado la posibilidad de obtener variantes de la cepa de microalgas con mayor resistencia a estresores. Para ello, hemos explorado la posibilidad de obtener variantes somaclonales por evolución dirigida y mutagénesis aleatoria. En la presentación, desarrollaré los resultados obtenidos con

estas técnicas y se discutirán los resultados hallados.

CHLORELLA VULGARIS, CANDIDA ETHANOLICA, BIORREMEDIACIÓN

HERRAMIENTAS EPIGENÉTICAS PARA EL ESTUDIO DE LA MEMORIA DEL ESTRÉS EN SOJA

FILIPPI, CARLA V.^A; SOTELO, MARIANA^A; LEONARDI, BERNARDINA^A; MARTINEZ, MAURO^A; AGUIRRE, NATALIA^B; PANIEGO, NORMA^B; BORSANI, OMAR^A

a) Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Avenida Garzón 780, Montevideo, 12900, Uruguay

b) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular-IABiMo-INTA-CONICET, Instituto de Biotecnología, Centro de Investigaciones en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, INTA, Hurlingham, B1686, Argentina

cfilippi@fagro.edu.uy

La capacidad de las plantas para «recordar» exposiciones previas a condiciones adversas, conocida como memoria de estrés o priming, las prepara para una respuesta más eficiente ante eventos similares futuros. Evaluamos esta capacidad en plantas jóvenes de soja (*Glycine max*, estadio vegetativo V3) bajo un diseño experimental en dos etapas. En la primera, un grupo de plantas fue sometido a un episodio de estrés hídrico moderado (10 % de capacidad de campo durante tres días), mientras que otro grupo permaneció como control. Luego de un período de recuperación de siete días, ambos grupos fueron subdivididos: las plantas inicialmente control se dividieron en dos subgrupos, uno que permaneció como control (CC) y otro que fue sometido por primera vez a estrés (CE); a su vez, las plantas inicialmente estresadas se dividieron en un subgrupo que

no volvió a ser estresado (EC) y otro que recibió un segundo evento de estrés (EE). Observamos mejores indicadores fisiológicos en las plantas que fueron previamente estresadas respecto de las que no lo fueron (LICOR 6800, DUAL-PAM). Esto sugiere la activación de mecanismos de memoria, posiblemente mediados por modificaciones epigenéticas, como la metilación del ADN y las marcas en la cromatina.

Estudiar estos mecanismos epigenéticos resulta clave para comprender y aprovechar la resiliencia vegetal en un contexto de cambio climático. Sin embargo, los estudios epigenéticos como ChIP-seq (co-inmunoprecipitación de la cromatina, seguido de secuenciación) o WGBS (secuenciación a genoma completo con bisulfito) son costosos y, en muchos casos, deben externalizarse a centros de secuenciación internacionales. Esta centralización impone protocolos estandarizados con escasa posibilidad de adaptación a especies o preguntas específicas.

Ante esta limitación, desarrollamos una estrategia de bajo costo basada en la adaptación del enfoque de genotipado por secuenciación con doble digestión enzimática (ddRADseq) para la detección de citosinas metiladas (5mC). Usando genomas disponibles en Ensembl Plants, realizamos simulaciones *in silico* con distintas combinaciones enzimáticas, evaluando rangos de selección de tamaño y su capacidad para cubrir regiones genómicas de interés (i.e. genes, transposones y sus regiones reguladoras). Logramos identificar, para cada especie, el par enzimático y rango de size selection que maximizan el muestreo de las regiones de interés. En base a esas predicciones, y tomando a soja como caso de estudio, evaluamos los perfiles de metilación obtenidos para cada combinación enzimática y rango de selección de tamaño en los tres contextos de metilación en plantas (CG, CHG y CHH, H=A,T,C), encontrando diferencias significativas tanto en la cantidad como en la distribución de los sitios 5mC. Además, correlacionamos los perfiles obtenidos mediante ddRADseq-5mC (en base a las condiciones predichas

como óptimas), y los comparamos con los valores generados por WGBS (el gold standard para estudios de metilación), observando una alta concordancia entre ambos enfoques.

Este trabajo destaca la importancia de optimizar las estrategias de epigenotipado según la especie y la pregunta biológica, y propone un enfoque escalable que puede contribuir al desarrollo de capacidades regionales para el estudio de la epigenética en cultivos de interés agronómico.

EPIGENETICA, SOJA, CAPACIDADES REGIONALES

HERRAMIENTAS GENÓMICAS APLICADAS AL MEJORAMIENTO DE EUCALYPTUS EN ARGENTINA

VILLALBA, PAMELA V.^A

a) IABIMO (UEDD INTA – CONICET)

villalba.pamela@inta.gob.ar

El mejoramiento genético forestal enfrenta el desafío de desarrollar materiales superiores que combinen alta productividad, calidad de madera y adaptación a diversas condiciones ambientales. En este contexto, las herramientas genómicas emergen como aliadas clave para acelerar los ciclos de selección y aumentar la precisión en la toma de decisiones.

En nuestro trabajo, aplicado a especies del género *Eucalyptus* de interés productivo en Argentina, incorporamos tecnologías de última generación como el genotipado masivo mediante ddRADseq y chips comerciales de SNPs. Estas plataformas permiten identificar miles de polimorfismos distribuidos a lo largo del genoma, facilitando estudios de diversidad genética, estructura poblacional, mapeo de caracteres y predicción genómica. La incorporación de estas herramientas ha mejorado significativamente la resolución de los

modelos predictivos, que ya están siendo evaluados y utilizados por empresas forestales. Además, la aplicación de estrategias combinadas de selección genómica y fenómica abre nuevas posibilidades para optimizar la predicción de caracteres complejos como el crecimiento y la calidad de la madera.

Estos avances representan un paso firme hacia un mejoramiento forestal más eficiente, preciso y sustentable, sustentado en el uso integrado de la genómica y la bioinformática en especies forestales estratégicas para el país.

EUCALIPTO, GENÓMICA, MEJORAMIENTO FORESTAL

SIMPOSIO 3B. BIOCATÁLISIS PARA LA INDUSTRIA ALIMENTARIA.

MODERA: E. CAMPOS

ENZIMAS ALIMENTARIAS PARA PROCESOS QUÍMICOS SOFISTICADOS

BERNAL ZULUAGA, CLAUDIA^A

a) Laboratorio de Catálisis y Biocatálisis, Departamento de Química, Universidad de La Serena, Chile

cbernal@userena.cl

La industria alimentaria ha sido históricamente una de las pioneras en el uso, mejoramiento y escalamiento de enzimas dentro de sus procesos productivos. Gracias a décadas de innovación y desarrollo, hoy existe una amplia variedad de enzimas bien caracterizadas y con procesos

de producción optimizados, disponibles a nivel comercial. Entre ellas destacan las galactosidasas (empleadas en la hidrólisis de lactosa en productos lácteos), lipasas (utilizadas en la modificación de aceites y grasas), proteasas (clave en procesos de ablandamiento de carnes y obtención de péptidos bioactivos), y la glucosa oxidasa (aplicada en panadería, vinificación y control de oxígeno en alimentos). Estas enzimas, aunque desarrolladas con fines alimentarios, presentan un potencial significativo para su aplicación en otras áreas estratégicas, como la producción de compuestos para la industria química, farmacéutica y de materiales avanzados.

El aprovechamiento de este conocimiento acumulado ofrece una vía rápida y sostenible para expandir el uso de biocatálisis más allá del sector alimentario. Sin embargo, para lograr esta transición es fundamental aplicar estrategias que permitan adaptar estas enzimas a condiciones no convencionales, propias de procesos industriales más exigentes. En este contexto, la clave está en el uso de herramientas de mejoramiento enzimático, orientadas a generar biocatalizadores robustos, capaces de mantener su actividad y estabilidad en medios no convencionales y altas temperaturas.

Las tres estrategias fundamentales para alcanzar este objetivo son: (i) la ingeniería de proteínas, que permite rediseñar la estructura enzimática para mejorar su estabilidad, especificidad o tolerancia a disolventes; (ii) la inmovilización enzimática, que facilita la reutilización de los biocatalizadores y mejora su resistencia frente a condiciones operacionales adversas; y (iii) la ingeniería del medio de reacción, que optimiza las condiciones fisicoquímicas para maximizar la eficiencia catalítica y desplazar equilibrios termodinámicos desfavorables.

Durante esta presentación se mostrarán ejemplos específicos de estas estrategias aplicadas a enzimas de origen alimentario para la producción de compuestos químicos de alto valor agregado. Se destacará el uso de lipasas en la para la síntesis de

compuestos de interés farmacéutico y de glucosa oxidasa en la oxidación de glucosa para la obtención de ácidos aldárico, precursores esenciales en la síntesis de poliésteres biodegradables.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto Fondecyt Regular N° 1220134.

BIOCATÁLISIS, TECNOLOGÍA ENZIMÁTICA, SUSTENTABILIDAD

APLICACIONES ENZIMÁTICAS EN LA SÍNTESIS DE AZÚCARES RAROS

GUERRERO SINACAS, CECILIA^A

a) Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

cecilia.guerrero@pucv.cl

Los carbohidratos son los compuestos químicos más abundantes en la naturaleza. Si bien, muchos de ellos son fácilmente extraídos desde fuentes naturales, existe un pequeño grupo de carbohidratos conocidos como azúcares raros (monosacáridos y sus derivados) que se encuentran en pequeñas cantidades en la naturaleza. En la última década, se ha incrementado el interés en la producción de estos azúcares debido a sus potenciales aplicaciones tanto en la industria de alimentos como farmacéutica, lo cual genera una gran demanda de ambos mercados por estos compuestos. Dentro de las aplicaciones más relevantes de estos azúcares (epilactosa, lactulosa, talosa, tagatosa, manosa y psicosa entre otros), destaca su uso como nutracéuticos y como potenciales prebióticos.

A pesar, del gran potencial que poseen estos azúcares, un factor importante que restringe su utilización a gran escala es su baja disponibilidad en fuentes naturales, y su compleja producción a partir de procesos químicos, los cuales requieren de varios pasos de síntesis, lo que genera productos indeseados difíciles de remover,

lo que encarece los costos de purificación. Es por este motivo, que surge la biocatálisis enzimática como una alternativa interesante y sostenible para la producción de estos azúcares. No obstante, es necesario la búsqueda de nuevas rutas de producción con enzimas de distintos origen y clases, con el fin de obtener procesos de síntesis a gran escala.

AZÚCARES RAROS, ENZIMAS, NUTRACEÚTICA

SIMPOSIO 4A. APLICACIONES DE NUEVAS HERRA- MIENTAS BIOTEC- NOLÓGICAS PARA LA SALUD: XENO- TRANSPLANTES.

MODERA: D. LEWIS

XENOTRASPLANTE: ¿PUE- DEN LOS CERDOS DE DISEÑO SOLUCIONAR LA ESCASEZ DE ÓRGANOS?

MUTTO, ADRIAN^{A,B}

*Instituto de Investigaciones Biotecnológicas,
UNSAM-CONICET*

CrofaBiotech SA

aamutto@gmail.com

Uno de los principales objetivos del ser humano, es el de combatir las enfermedades y prolongar la vida, el don más sagrado

que poseemos. Existen todavía muchas enfermedades que continúan siendo crónicas y que en forma demasiado lenta se intenta avanzar hacia la cura. La creciente esperanza de vida de los seres humanos ha llevado a un número creciente de pacientes con enfermedades crónicas e insuficiencia orgánica en etapa terminal. El trasplante es un enfoque eficaz para el tratamiento de la insuficiencia orgánica en esta etapa final; sin embargo, el desequilibrio entre los donantes y receptores, la oferta y la demanda de órganos humanos es un cuello de botella para el trasplante clínico. La lista de pacientes en espera de un órgano es exponencialmente mayor al del número de trasplantes de órgano (riñón, hígado, corazón, etc.). Esto hace que un gran porcentaje de pacientes muera esperando el órgano.

El xenotrasplante no es un concepto nuevo. Fue primero mencionado en 1667 en el contexto de la xenotransfusión de sangre de corderos a humanos. En 1905 se ha intentado el trasplante de un riñón de conejo a un humano. Desde la década de 1990, la ciencia ha intentado utilizar cerdos como fuente animal para xenotrasplante, el cual está actualmente considerada la especie candidata más apropiada. Algunas de las ventajas que presenta la especie modelo incluyen: tamaño de camada relativamente grande y período de gestación y maduración corto, su tamaño y similitud fisiológica con los humanos, el bajo riesgo de zoonosis y la fácil aplicación de técnicas de ingeniería genética para producir órganos porcinos resistentes a rechazo.

Con el advenimiento y puesta a punto de técnicas de edición genética, como CRISPR/Cas9 se logran cerdos genéticamente modificados y en conjunto a los avances en terapia inmunosupresoras, la supervivencia para los xenoinjertos ha mejorado considerablemente en modelos preclínicos de xenotrasplantes acercándonos a un modelo en cerdos permisivo y fisiológicamente viables humanos. En el primer caso, el Dr. Robert Montgomery en Nueva York, 2021, implantó un riñón de cerdo con una modificación genética, a un paciente en

muerte cerebral. En el 2022, la Universidad de Maryland el primer trasplante cardíaco de un cerdo a un humano, sin signos de rechazo. Probablemente debido a estos resultados sumamente exitosos, la FDA confirmó el pasado 5 de febrero la autorización a estudios clínicos en xenotrasplante de riñón a personas en lista de espera. El objetivo principal es obtener, validar y utilizar cerdos modificados genéticamente como donantes de órganos para humanos, riñón, corazón, páncreas e hígado. Nosotros en CrofaBiotech SA estamos en pleno desarrollo de cerdos modificados genéticamente para xenotrasplante en Argentina, en donde hasta la actualidad hemos logrado modificar, producir embriones por clonación y transferir alrededor de 1200 embriones y como resultado logramos obtener 4 preñeces en cerdas receptoras estrictamente controladas en su estatus sanitario.

CRISPRS, EMBRION, TE, XENO

AVANCES EN EL TRASPLANTE CLÍNICO DE ÓRGANO DE CERDO A HUMANO

ABALOVICH, ADRIÁN^{A,B}

Comisión de Xenotrasplante de la Sociedad Argentina de Trasplante.

Hospital Eva Perón de San Martín

aabalovich@yahoo.com.ar

La escasez de órganos humanos es uno de los grandes problemas en el trasplante de órganos. En los Estados Unidos hay más de 500.000 personas en diálisis. 120.000 esperando un riñón humano. El xenotrasplante (trasplante de animal a humano) es una de las formas de revertir el problema ya citado. La edición génica del genoma porcino ha permitido hacer a los órganos de cerdo más compatibles con los humanos. En 2021 se efectuó el primer xenotrasplante renal de cerdo editado genéticamente

en persona en muerte cerebral. Luego se realizaron 2 xenotrasplantes de corazón en persona viva y 4 de riñón en persona viva. Hoy se encuentra una paciente en Alabama, trasplantada con riñón de cerdo genéticamente modificado y llevando una sobrevida hasta el momento de más de 3 meses y continuando en funcionamiento. Se hace una puesta al día del tema.

BIOSEGURIDAD, XENOTRASPLANTE, ANIMALES, OGM, EDICIÓN GÉNICA

SITUACIÓN REGULATORIA DEL XENOTRASPLANTE EN ARGENTINA

GODOY, PERLA^A

a) Coordinación de Innovación y Biotecnología, Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca (SAGyP)

pgodoy@magyp.gob.ar

El xenotrasplante y el xenoimplante, a través del desarrollo de cerdos genéticamente modificados (GM), son una alternativa para la obtención de órganos y tejidos destinados a la utilización en humanos.

En Argentina hay grupos de investigación trabajando en la obtención de cerdos para xenotrasplante. La Coordinación de Innovación y Biotecnología (ClyB) desempeña un papel regulador en estos proyectos.

Desde noviembre de 2020, la ClyB promueve espacios de trabajo interdisciplinario, que incluye expertos de diversas instituciones: INTA, SENASA, ANMAT, CONICET, universidades y la Sociedad Argentina de Trasplantes (SAT).

En 2023 se estableció la Comisión Asesora de Xenotrasplante en el INCUCAI, integrada por representantes de dicho organismo, ANMAT, SAGyP, SAT y la Universidad Nacional de San Martín. Sus principales objetivos son formular recomendaciones técnicas sobre xenotrasplante, analizar información científica, producir informes técnicos, examinar el impacto clínico, eco-

nómico y social y monitorear los protocolos de investigación.

Para poder obtener cerdos GM con fines de xenotrasplante, es fundamental establecer un procedimiento que vincule la producción de estos animales con los ensayos preclínicos, clínicos y, finalmente, el trasplante en humanos. Actualmente, no existe una conexión regulatoria entre el animal y el uso del órgano en humanos.

Desde la ClyB estamos anticipándonos a la obtención de estos cerdos GM con el objetivo de tener listos todos los procedimientos para el uso seguro de estos órganos. Para ello estamos impulsando reuniones con todos los organismos involucrados en la regulación del proceso desde la obtención del animal GM hasta el uso de los órganos en humanos.

BIOSEGURIDAD, XENOTRASPLANTE, OGM, EDICIÓN GÉNICA

SIMPOSIO 4B. BIOCATALIZADORES Y BIOTRANSFORMACIONES.

MODERAN: V. BUSI Y J. FARIÑA

DESARROLLO, CARACTERIZACIÓN Y APLICACIÓN DE BIOCATALIZADORES

RIAL, DANIELA VERÓNICA^A

a) Área Biología Molecular, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, y CONICET, Suipacha 531, S2002LRK, Rosario, Argentina.

rial@rosario-conicet.gov.ar

La incorporación de enzimas o microorganismos en rutas de síntesis química es una estrategia muy atractiva para obtener compuestos porque permite aprovechar la alta eficiencia y la exquisita selectividad de las enzimas. Además, es un enfoque amigable con el medio ambiente, ya que las enzimas son activas en soluciones acuosas, y a temperatura y pH moderados. Las estrategias biocatalíticas pueden utilizarse para sintetizar compuestos químicos, especialmente compuestos ópticamente activos, para agregar valor a desechos industriales, para la biorremediación de suelos y aguas contaminadas, entre las aplicaciones más frecuentes. El objetivo de nuestro trabajo es promover el desarrollo de tecnologías limpias e innovadoras con el fin de reemplazar reacciones químicas por procesos biotecnológicos. Nuestro trabajo se enfoca en el desarrollo de biocatalizadores y el diseño de reacciones multienzimáticas o cascadas biocatalíticas para obtener compuestos de interés académico e industrial.

BIOCATÁLISIS, BIOTRANSFORMACIONES, ENZIMAS REDOX, CETONAS, CASCADA BIOCATALÍTICA

GLICÓSIDO HIDROLASAS, ALIMENTOS Y FÁRMACOS

BRECCIA; JAVIER^A

a) Instituto De Ciencias De La Tierra Y Ambientales De La Pampa (INCITAP, CONICET-UNLPAM)

javierbreccia@gmail.com

Las glicósido-hidrolasas (GH) catalizan la ruptura de enlaces glicosídicos entre azúcares o entre azúcares y otras moléculas. Estas enzimas están ampliamente distribuidas en organismos vivos y poseen una función mayormente catabólica. Su mayor utilidad tecnológica, se encuentra en la elaboración de alimentos (modificación de polisacáridos, de caracteres sensoriales, clarificación de jugos y vinos, etc). Sin embargo, también encuentran otro

escenario en la generación de bibliotecas de derivados de carbohidratos bioactivos. Esta presentación consta de un recorrido semejante que siguieron los resultados de nuestro grupo, desde la búsqueda de GHs microbianas para la modificación de alimentos al aterrizaje en la síntesis de glicoconjugados bioactivos.

GLICÓSIDO HIDROLASAS, ALIMENTOS,
FÁRMACOS, CONJUGADOS

SIMPOSIO 5A. NUEVAS HERRA- MIENTAS PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL: EDICIÓN GÉNICA

MODERA: E. BOSSIO

NUEVAS TÉCNICAS DE ME- JORAMIENTO DISPONIBLES PARA EL MEJORAMIENTO DE CEREALES

BOSSIO, EZEQUIEL ^A

a) Laboratorio de Mejoramiento Biotecnológico de Cereales, Instituto de Genética, INTA.

bossio.ezequiel@inta.gob.ar

La creciente demanda global de alimentos enfrenta un doble desafío: incrementar sustentablemente la producción de cereales sin expandir la frontera agrícola, mientras se mitigan los impactos de la variabilidad climática. Esta presión dual exige soluciones innovadoras que amplifiquen la eficiencia de los programas de mejora-

miento vegetal establecidos.

La edición génica se posiciona como herramienta estratégica al permitir la optimización de cultivares élite previamente desarrollados mediante mejoramiento convencional. Esta tecnología realiza modificaciones precisas en secuencias génicas específicas, preservando intacto el fondo genético adaptado y las características agronómicas esenciales obtenidas tras años de selección. Sus ventajas comparativas incluyen: reducción drástica de los tiempos de desarrollo, capacidad para mejorar simultáneamente múltiples rasgos complejos, y adopción acelerada al operar sobre variedades (fondos genéticos) previamente validadas en condiciones de campo.

La integración de esta tecnología con programas de mejoramiento convencionales establece un paradigma innovador, donde la precisión molecular complementa el conocimiento agronómico acumulado. Este enfoque sinérgico permite introducir mejoras puntuales en variedades élite sin comprometer su adaptación previa, representando un avance crucial hacia sistemas de producción intensificados y ambientalmente sostenibles.

EDICIÓN GÉNICA, CULTIVARES ÉLITE, MEJORAMIENTO ACELERADO.

EXPANDIENDO LA APLICA- CIÓN DE LA EDICIÓN GÉNI- CA EN PLANTAS

LÓPEZ OLACIREGUI, MAGDALENA ^A

a) Corteva Agriscience Argentina.

maria.lopez-olaciregui@corteva.com

Existe un potencial significativo de variabilidad en los genomas vegetales dentro de una especie. Los avances en las herramientas de secuenciación de ADN han permitido acumular en los últimos tiempos un vasto conocimiento sobre diversos tipos de variabilidad genética. La edición génica

permite introducir modificaciones genéticas específicas, y su aplicación en plantas ya se ha expandido desde simples delecciones o ediciones individuales hasta aplicaciones adicionales más complejas, que producen plantas como las que podrían darse en la naturaleza o mediante prácticas de mejoramiento convencionales. La presentación describirá tres ejemplos de aplicaciones de edición génica en las que se ha utilizado la herramienta CRISPR-Cas para lograr modificaciones genéticas específicas más complejas: reemplazo alélico en maíz para aumentar la tolerancia al tizón, inversión de un segmento cromosómico para habilitar el potencial de recombinación genética, y co-ubicación de genes nativos para facilitar el fitomejoramiento del germoplasma elite de maíz con mayor resistencia a enfermedades.

La comercialización de nuevas variedades vegetales generadas con aplicaciones de edición génica más avanzadas requiere políticas regulatorias con criterios científicos y con visión de futuro que consideren todo el potencial de variabilidad de los genomas vegetales. El criterio regulatorio que define un “OGM” en muchos países es la presencia de una “nueva combinación de material genético” debería entenderse como la inserción de ADN foráneo (ADN de una especie diferente, sexualmente incompatible). Los marcos regulatorios para determinar si los productos editados genéticamente son o no son OGM deberían considerar el amplio espectro de tipos de reordenamiento genético que podrían ocurrir en la naturaleza o mediante el mejoramiento convencional. Las políticas regulatorias serán clave para facilitar el acceso de los agricultores a la tecnología, en beneficio de toda la sociedad.

VARIABILIDAD GENÓMICA, INVERSIÓN CROMOSÓMICA, REEMPLAZO ALÉLICO, CO-UBICACIÓN DE GENES NATIVOS, EDICIÓN GÉNICA, MARCOS REGULATORIOS.

NORMATIVA SOBRE EDI-

CIÓN GÉNICA

GODOY, PERLA ^A

a) Coordinación de Innovación y Biotecnología, Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca (SAGyP)

pgodoy@magyp.gob.ar

Argentina es pionera en la creación de normativas específicas para el uso de productos derivados de las nuevas técnicas de mejoramiento (NBT por sus siglas en inglés) incluida la edición génica.

En 2013 se relevó el estado del arte del desarrollo de las NBT en el mundo y en 2015 se publicó la primera normativa sobre NBT solo para vegetales, Argentina fue el primer país en contar con una normativa de este tipo.

En 2019 se publicó la normativa sobre NBT para animales y microorganismos y se actualizó la normativa para vegetales.

En plena pandemia, se volvió a trabajar sobre en una actualización de la normativa para los desarrollos con animales, vegetales y microorganismos, esto fue gracias a la experiencia ganada desde 2015 y en 2021 se publica la normativa vigente unificada para animales, vegetales y microorganismos, la Resolución Número 21.

Hay varias características a destacar de esta normativa, por ejemplo, no es una evaluación de riesgo, es un procedimiento para determinar si un producto obtenido por NBT podría estar alcanzado por la regulación de Organismo Genéticamente Modificado (OGM) o no. Se analiza si existe o no una combinación novedosa de material genético en el producto final y los estudios que demuestren su ausencia. También se analiza si el proceso podría ocurrir o no en la naturaleza como una mutación espontánea. El análisis se realiza caso a caso y no está restringida a una lista determinada de técnicas. Quien tenga interés en realizar una consulta por esta normativa, la misma puede llevarse a cabo cuando el producto se encuentra en etapa de diseño. La normativa cuenta con anexos específicos para animales, microorganismos y

plantas.

Para hablar el mismo idioma regulatorio se toma la definición de OGM del Protocolo de Cartagena: "Cualquier organismo vivo que posea una nueva combinación de material genético obtenida mediante la aplicación de la biotecnología moderna".

Entendiendo nueva combinación de material genético: "Cambio producido en el genoma del organismo por la incorporación, de forma estable y conjunta, de UNO (1) o más genes o secuencias de ácido nucleico que forman parte de una construcción genética definida."

Esta normativa consta de formularios llamados Instancias de Consulta Previa (ICP) y la ICP contiene preguntas orientativas que se deben responder para que la Coordinación de Innovación y Biotecnología y la Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA) determinen si su producto es o no genéticamente modificado (GM). Las preguntas están orientadas a la metodología aplicada, la nueva característica, las funciones genéticas antes y después de aplicar la técnica y la evidencia que demuestre la ausencia de una nueva combinación de material genético. Se realiza el análisis de la ICP y si el producto tiene una nueva combinación de material genético es un OGM, de lo contrario es un No GM.

Esta normativa tiene diversas oportunidades, se democratiza la tecnología dado que existe una mayor variedad de actores y mayor diversidad de productos que se centran en las necesidades locales, la velocidad de la innovación es mayor en relación con los OGM, es posible predecir costos y tiempos del producto en la fase de diseño y la normativa permitiría a los desarrolladores comercializar sus productos con mayor rapidez.

CONABIA, ICP, NORMATIVA

SIMPOSIO 5B.

BIOPOLÍMEROS Y BIOLOGÍA SINTÉTICA

MODERAN: J. FARIÑA Y A. BECCARIA

PRODUCCIÓN Y DISEÑO DE BIOPLÁSTICOS PARA SER USADOS COMO SOPORTES EN INGENIERÍA DE TEJIDOS

PEÑA, CARLOS F.^A

Instituto de Biotecnología, UNAM, México

carlos.pena@ibt.unam.mx

Los polihidroxialcanoatos (PHAs) son termoplásticos biodegradables y biocompatibles que presentan propiedades similares a la de algunos plásticos petroquímicos, por lo que se ha propuesto como sustituto de estos polímeros. Entre los PHAs, el poli-3-hidroxibutirato (P3HB) es el más conocido y es sintetizado por cepas de *Azotobacter vinelandii*, una bacteria que es capaz de acumular hasta el 90 % de P3HB con base en su peso seco. Las propiedades termomecánicas y la biodegradabilidad de los PHAs dependen de su composición monomérica y peso molecular (PM). En nuestro grupo de investigación nos hemos enfocado en entender cómo las condiciones de cultivo afectan el metabolismo microbiano de diferentes cepas de *Azotobacter* para diseñar estrategias de producción de biopolímeros con composiciones monoméricas y pesos moleculares específicos, con potencial para la ingeniería de tejidos. Por ejemplo, mediante el uso de una cepa, con una doble mutación en los sistemas de regulación negativa (OPNA), hemos logrado alcanzar concentraciones mayores a 30 g/L en cultivos lote alimentados. Por otro lado, mediante el cultivo de una cepa mutante con una depolimerasa inactivada (PHBZ1), en condiciones de baja velocidad de transferencia de oxígeno (VTO), es

posible obtener P3HB de ultra-alto peso molecular, 8000-10000 kDa. Además, hemos encontrado que, un incremento de la VTO en combinación con un aumento en la concentración de ácido valérico, permite incrementar la fracción molar de 3HV en el copolímero de PHBV. Finalmente, hemos realizado pruebas con andamios diseñados por impresión 3D, para el cultivo de queratinocitos. Los resultados revelan que los andamios no son citotóxicos, y permiten una alta proliferación celular homogénea de células HaCaT. En resumen, es posible concluir que la manipulación de VTO es una estrategia factible para producir PHAs con diferentes composiciones monoméricas y pesos moleculares y que los andamios de P3HB obtenidos mediante impresión 3D son adecuados para su uso en el campo de la ingeniería de tejidos y la medicina regenerativa.

AZOTOBACTER VINELANDII, PHA, TRANSFERENCIA DE OXÍGENO, INGENIERÍA DE TEJIDOS

DISEÑO RACIONAL DE BIOFÁBRICAS MICROBIANAS Y CONSORCIOS SINTÉTICOS PARA LA BIOECONOMÍA

FERNANDEZ NIÑO, MIGUEL ÁNGEL^A

a) Departamento de Biotecnología, Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IA-TA-CSIC), 46980 Valencia, España.

mafernandezn@gmail.com

La ingeniería de biofábricas microbianas para transformar residuos industriales en productos de alto valor representa un pilar en la búsqueda de la sostenibilidad. En esta charla se explorarán estrategias innovadoras para diseñar y optimizar biofábricas sintéticas relevantes en la biotecnología blanca. Se abordarán tecnologías clave como el diseño con BioBricks, la ingeniería de vías metabólicas, el ensamblaje modular y el ajuste fino del chasis, utilizando un

enfoque multiescala que abarca desde los genes hasta las biofábricas completas. Asimismo, se destacará la importancia de las bases de datos ómicas para la minería genómica y la regulación precisa de la expresión génica. Además, se discutirá uno de los desafíos fundamentales en biología sintética: el diseño y la ingeniería de consorcios microbianos sintéticos. A diferencia de los sistemas unicelulares, los consorcios deben presentar un control preciso, comportamientos predecibles y una funcionalidad sincronizada, características aún difíciles de lograr. Se analizará cómo aprovechar propiedades emergentes como la coordinación, la resiliencia y la organización espacial para liberar el potencial completo de los consorcios microbianos. Este enfoque, que integra la biología sintética, la ecología microbiana y la ingeniería de sistemas, sienta las bases para innovaciones transformadoras en biomanufactura, biorremediación y terapias vivas, impulsando un futuro sostenible en la bioeconomía.

BIOFÁBRICAS MICROBIANAS, BIOLOGÍA SINTÉTICA, CONSORCIOS MICROBIANOS, SOSTENIBILIDAD

BIOPOLYMERS COMPOSITES: FROM FUNDAMENTAL TO MARKETING

BARUD, HERNANE^A

a) Centro Universitário de Araraquara (UniAra), Brasil

hernane.barud@gmail.com

Natural biopolymers—such as cellulose, alginate, hyaluronic acid, chitosan, gellan gum, xanthan gum, polyhydroxyalkanoates, silk fibroin, starch, among others—have emerged as highly promising materials for the development of multifunctional bionanocomposites with applications across diverse fields, including medicine, pharmaceuticals, optoelectronics, photonics,

and biological control. Owing to their intrinsic renewability, biocompatibility, and biodegradability, these biopolymers can be combined with organic and inorganic constituents to form novel organic–inorganic nanocomposites (OINs).

Through distinct synthetic strategies—commonly categorized as bottom-up and top-down approaches—biopolymer-based OINs can be engineered to exhibit tailored functionalities, catering to a wide array of emerging applications.

In this talk, I will provide an overview of our group’s research over the past decade concerning biopolymer-based nanocomposites. Additionally, I will share insights from my personal experience in the co-creation and strategic development of biotechnology startups, highlighting the intersection between scientific innovation and entrepreneurial practice.

ÇÇ

CONFERENCIAS PLENARIAS

CONFERENCIA PLENARIA 1

MODERA: E. CAMPOS

REVALORIZACIÓN ENZIMÁTICA DE LA LACTOSA

VERA, CARLOS^A

a) Laboratorio de Microbiología. Departamento de Biología. Facultad de Química y Biología. Universidad de Santiago de Chile

carlos.vera.v@usach.cl

Durante la producción de quesos se generan aproximadamente 9 kg de suero quesero por cada kilogramo de queso producido. Debido a su alto contenido de materia orgánica, el lactosuero debe ser tratado antes de su disposición final. En consecuencia, el lactosuero representa un residuo abundante y de difícil manejo para la industria láctea mayor. La lactosa es el principal componente del lactosuero, por lo cual la revalorización del lactosuero implica inherentemente transformar químicamente este carbohidrato, ya que posee escasas aplicaciones per se. En las últimas décadas se han desarrollado múltiples estrategias para la revalorización de la lactosa, en donde destacan las tecnologías enzimáticas, pues permiten la modificación simple y eficiente de los carbohidratos. En esta conferencia, se analizan los avances realizados por nuestro grupo de investigación en dos estrategias enzimáticas de revalorización de la lactosa: la síntesis de galacto-oligosacáridos (GOS) y la síntesis de D-tagatosa. La síntesis de GOS con β -galactosidasas corresponde a una de las estrategias más utilizadas para revalorizar la lactosa a nivel industrial. No obstante, esta reacción se caracteriza por un moderado rendimiento máximo y una conversión parcial del sustrato (lactosa). Para superar estas limitaciones, nuestro equipo de investigación evaluó el uso una

mutante de la celobiosa 2-epimerasa de *Caldicellulosiruptor saccharolyticus* (CsCE H356N) para transformar la lactosa no reaccionada durante la síntesis de GOS en lactulosa y epilactosa, ambos disacáridos prebióticos. Ello, permitió duplicar el rendimiento de carbohidratos prebióticos sintetizados respecto de lo obtenido por transgalactosilación de lactosa con β -galactosidasa de *Aspergillus oryzae*. Por otro lado, la D-tagatosa es un monosacárido raro producido por isomerización enzimática de la D-galactosa. En este proceso, inicialmente se hidroliza la lactosa mediante el uso de una β -galactosidasas. Luego la galactosa liberada es transformada en tagatosa a través de la acción de una L-arabinosa isomerasa. Nuestro grupo ha evaluado la síntesis one-pot de tagatosa con dichas enzimas en forma soluble e inmovilizada. Bajo este esquema el rendimiento y la productividad de la síntesis de tagatosa se incrementa notoriamente respecto de la síntesis secuencial.

Agradecimientos: Investigación financiada por los Proyectos Fondecyt Regular 1250361, 1230380 y 1220056.

LACTOSA, LACTULOSA, EPILACTOSA, TAGATOSA, GALACTO-OLIGOSACÁRIDOS, PREBIÓTICOS

CONFERENCIA DE SPONSOR

PROTECCIÓN DE LA INNOVACIÓN CIENTÍFICA: ASPECTOS CLAVE Y DESAFÍOS DE LA PI

PRADO, MARÍA S.^A; THOMPSON, STEPHANIE^A

Clarke & Modet, Buenos Aires, Argentina.

mprado@clarkemodet.com

Esta presentación brinda una mirada inte-

gral sobre las distintas formas de protección de la propiedad intelectual. Se enfoca principalmente en los aspectos prácticos de la preparación y tramitación de solicitudes de patentes, los desafíos frecuentes en el contexto argentino y las estrategias eficaces para superar obstáculos legales y técnicos. El objetivo es ofrecer herramientas concretas para quienes buscan proteger desarrollos científicos innovadores y convertirlos en activos intangibles con potencial comercial.

PROPIEDAD INTELECTUAL, ARGENTINA

CONFERENCIA PLENARIA 2

MODERA: O. DELGADO

DESDE EL LABORATORIO A UNA EBT: OPORTUNIDADES, DESAFÍOS Y TIPS PARA NO MORIR EN EL INTENTO

CAVALITTO, SEBASTIÁN^A

a) Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI-CONICET), La Plata, Argentina.

cavalitto@gmail.com

¿Es factible saltar al sector productivo con una idea propia si uno trabaja en el sistema científico en temas tecnológicos?
¿Alcanza con tener una idea disruptiva?
¿Desarrollar procesos o productos que existen en el mercado garantiza el éxito de un emprendimiento de base tecnológico?
¿una buena idea en el sistema académico es necesariamente una buena idea en el sector productivo?

Estas son algunas de las preguntas que surgieron luego de muchos años de trabajar en un grupo “aplicado” dentro de un

instituto de CONICET nacido con un enfoque tecnológico, con planes pensados en la transferencia al sector productivo y después de 6 años de haber fundado una EBT con idea de “ya que nos es fácil llegar al sector productivo, vayamos nosotros hacia allá”.

EBT, OPORTUNIDAD, EMPRENDIMIENTO

CONFERENCIA DE SPONSOR

VIGENIUS: SOLUCIONES INTEGRALES PARA BIOPRO- DUCCIÓN

DE LORENZI, JUAN^A

a) Vigenius Biotech

En el marco de esta presentación se expone la propuesta de valor de Vigenius Biotech como partner estratégico en el desarrollo de soluciones integrales para bioprocesos, abarcando desde la escala laboratorio hasta la producción industrial. Con un ecosistema de representaciones líderes en tecnología para fermentación, cultivo celular, sistemas single-use, cromatografía y filtración, la empresa se posiciona como un proveedor confiable y tecnológicamente robusto para la industria biofarmacéutica y biotecnológica. Se detallan productos clave y marcas asociadas como Eppendorf, ABEC, LePure Biotech, Lisure, Kerry, Tosoh, VitaTech, CEPA, Broadley James, etc así como servicios técnicos especializados en calificación de equipos, mantenimiento y validación, con personal capacitado bajo estándares internacionales. Además, se remarca el valor agregado que ofrece Vigenius: atención cercana, flexibilidad operativa, asesoramiento técnico especializado y rápida respuesta, elementos que complementan su capacidad de integrar

soluciones adaptadas a las necesidades de cada cliente. Finalmente, se contextualiza el potencial de crecimiento del sector en Argentina, impulsado por el auge de biosimilares, CDMOs y vacunas veterinarias, resaltando la importancia de contar con aliados estratégicos locales que comprendan las exigencias regulatorias y técnicas del entorno productivo. La propuesta de Vigenius busca acompañar este desarrollo con una visión 360° en bioprocesos, combinando tecnología, conocimiento y compromiso.

PRESENTACIÓN ESPECIAL. CENTRO INTERINSTITUCIONAL BIONA (BIORREFINERÍAS DEL NORTE ARGENTINO)

MODERA: P. ZAPATA

CENTRO INTERINSTITUCIONAL BIONA (BIORREFINERÍAS DEL NORTE ARGENTINO)

AREA MARÍA C.^A, VALLEJOS MARÍA E.^A, MENDIETA CAROLINA M.^A; ROMERO VIVIANA N.^A

a) IMAM, UNaM, CONICET, FCEQyN, PROCYP, Posadas, Misiones, Argentina.

cristinaarea@gmail.com

El Centro Interinstitucional Biorrefinerías del Norte Argentino (BioNA) es una iniciativa estratégica destinada a impulsar el desarrollo tecnológico, la innovación y la sustentabilidad mediante la valoriza-

ción de residuos de biomasa regional. Su objetivo central es investigar, optimizar y escalar procesos que permitan generar tecnologías y productos transferibles a la agroindustria del Norte Argentino, promoviendo una Bioeconomía Circular con enfoque en el desarrollo territorial.

El BioNA surge a partir de un convenio firmado en 2023 entre el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (MINCYT), el CONICET, el INTI, la Universidad Nacional de Misiones (UNaM) y la Universidad Nacional de Tucumán (UNT). Reúne capacidades científicas, tecnológicas y productivas para fortalecer y diversificar la matriz productiva del Norte Grande. Su estructura se basa en una red de plantas piloto y unidades ejecutoras distribuidas en dos sedes operativas: NEA (Misiones) y NOA (Tucumán), coordinadas técnica y administrativamente para impulsar el desarrollo sostenible regional.

Este CITES busca trabajar articuladamente con actores públicos y privados, brindando servicios de asesoramiento técnico, formulación de proyectos productivos y mejora de procesos industriales. Entre sus objetivos se encuentran la formación de recursos humanos calificados, el estímulo a la inversión y el incremento de exportaciones de productos de alto valor agregado, reduciendo a su vez las importaciones de productos derivados del petróleo.

El enclave del BioNA en Misiones es la Planta Piloto de Biorrefinerías BioNA-NEA, que forma parte del Programa de Celulosa y Papel (PROCYP) del Instituto de Materiales de Misiones (IMAM, CONICET-UNaM). Esta planta busca transformar residuos lignocelulósicos de la foresto-industria regional en bioproductos y biomateriales de alto valor, mediante tecnologías basadas en procesos físicos, químicos, térmicos y biotecnológicos sustentables. Entre los productos en desarrollo se incluyen nanocelulosa, bioetanol, bioplásticos, adhesivos, vainillina, ácidos orgánicos y sólidos carbonosos. En el ámbito biotecnológico, el PROCYP ha avanzado en la obtención de xilitol a partir de bagazo de caña de azúcar, y bioetanol y ácido láctico a partir de ase-

rrín y viruta de pino.

Su producción biotecnológica representa una alternativa sostenible y más económica que los procesos químicos tradicionales, ya que la purificación es menos compleja y requiere menores temperaturas y presión. Por otro lado, el bioetanol de segunda generación (2G), si bien presenta menor competitividad como biocombustible, puede desempeñar un rol estratégico en biorrefinerías como plataforma para la síntesis de bioproductos (como butanol o bioetileno) y biomateriales, incluidos bioplásticos como BioPE y BioPEF. Por su parte, el ácido láctico biobasado, obtenido a partir de la fermentación del licor hemice-lulósico derivado de pino, posee múltiples aplicaciones en los sectores alimentario, farmacéutico, cosmético, textil y químico. En los últimos años, su demanda ha crecido debido a su uso como precursor en la producción de ácido poliláctico (PLA), un bioplástico biodegradable y biocompatible. Estos desarrollos refuerzan la misión de BioNA de aportar soluciones tecnológicas sostenibles con impacto económico y ambiental positivo.

BIORREFINERÍAS, BIOECONOMÍA CIRCULAR,
BIOETANOL, XILITOL, ÁCIDO LÁCTICO

CONFERENCIA PLENARIA 3.

MODERA: J. FARIÑA

NANOEMULSIONES, HI- DROGELES Y PELÍCULAS PLÁSTICAS PREPARADAS A PARTIR DE PROTEÍNAS LÁCTEAS

CANDAL, ROBERTO^a

a) Instituto de Investigación e Ingeniería Am-

biental, Escuela de Hábitat y Sostenibilidad,
Universidad Nacional de San Martín

rcandal@unsam.edu.ar

La delicada situación ambiental que padece el planeta, generada por una acción antrópica cada vez más notable, impulsa (o debería impulsar) cambios en hábitos de consumo, la producción de energía, alimentos y materiales entre otros rubros fundamentales. En lo que respecta al desarrollo de nuevos materiales, la tendencia es usar materias primas renovables, que generen productos biodegradables y de bajo impacto ambiental. Dentro de los materiales que más preocupan por su impacto ambiental están los plásticos, ampliamente usados en todos los ámbitos de la vida cotidiana, cuya degradación genera pequeñas partículas que alcanzan todos los rincones del planeta, con un efecto aun no del todo claro sobre la biota y la salud humana. Uno de los desafíos actuales es reemplazar, cuando sea posible, los polímeros producidos a partir de hidrocarburos por biopolímeros para la fabricación de materiales plásticos. Los biopolímeros se obtienen de fuentes renovables y, en muchos casos, generan productos biodegradables o cuyos productos de degradación tienen bajo impacto ambiental. El desafío es grande pues las propiedades mecánicas de los materiales generados a partir de biopolímeros son muy diferentes a las de los polímeros sintéticos. Para emularlas se recurre a diferentes estrategias, entre ellas el uso de nanorefuerzos de diferente origen que, en virtud de la elevada relación área/volumen, conducen a cambios notables aun en baja concentración.

Las proteínas lácteas son un tipo de biopolímero interesante por su versatilidad y por ser aislables de efluentes generados por la industria láctea (muy desarrollada en diversas partes del globo). La posibilidad de dar uso y valor agregado a un residuo problemático de una industria muy difundida, da un atractivo adicional al desarrollo de materiales que involucren a estos biopolímeros. El caseinato de sodio y los aislados proteicos de suero de leche

(WPC, del inglés) tienen propiedades emulsionantes, generan geles bajo condiciones adecuadas, y plásticos cuando son adicionadas con plastificantes adecuados. Tanto el costo de estas proteínas como sus características fisicoquímicas son diferentes, por lo que sus aplicaciones deben adecuarse a estas características. La acción emulsionante da la posibilidad de estabilizar fases no acuosas incorporables al producto final (por ejemplo, una película plástica), lo que abre la posibilidad al desarrollo de materiales funcionales. Debido a su superlativa estabilidad, las emulsiones con tamaño de gota nanométrica son un precursor promisorio para la preparación de hidrogeles de base proteica, los cuales encuentran diferentes aplicaciones dependiendo de su microestructura. Los hidrogeles pueden actuar como precursores de materiales plásticos al eliminar el exceso de solvente y en presencia de un plastificante. Las propiedades mecánicas pueden afectarse por la incorporación de nanorefuerzos, jugando la forma y la relación de aspecto un rol importante en la definición de las características finales. Lo anterior conduce a que la caracterización de la microestructura del sistema sea crucial. En este sentido, las técnicas de dispersión de rayos X de bajo y medio ángulo, junto con diversas microscopías de diferente resolución son aliados fundamentales para la correcta caracterización de estos materiales.

NANOEMULSIONES, PROTEÍNAS LÁCTEAS,
HIDROGELES

TRABAJOS PRESENTADOS POR ÁREAS TEMÁTICAS

BIOTECNOLOGÍA DE MICROORGANISMOS

ANÁLISIS ESTRUCTURAL DE LAS ENZIMAS INVOLUCRADAS EN LA BIOCONVERSIÓN DE D-LIMONENO A ALFA-TERPINEOL EN *ASPERGILLUS NIGER*

KUCHURAK, MARIA J.^A; CHELALICHE, ANIBAL S.^{A,B}; VELÁZQUEZ, JUAN E.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

kuchurakmariajose@gmail.com

El limoneno ($C_{10}H_{16}$) es un monoterpeno, cuyo enantiómero D-limoneno, representa más del 90%, del aceite de cáscara de naranja y es principalmente empleado en estudios de biotransformación. El α -terpineol ($C_{10}H_{18}O$), derivado del D-limoneno, es un alcohol monoterpenoide de gran interés comercial empleado en la industria de sabores y fragancias. Velázquez et al. (2021) determinó que la cepa *Aspergillus niger* LBM 055 presentó un alto grado de tolerancia y un rápido crecimiento en presencia de D-limoneno. Su capacidad de bioconversión se evaluó a través de cromatografía gaseosa la cual indicó la presencia de un 3,37% de D-limoneno y un 65,91% de α -terpineol cuyo tiempo de retención fue de 7,12 y 10,63 minutos respectivamente (Velázquez et al., 2023). Aunque existe un amplio conocimiento sobre el terpenoma fúngico, aún no se han descrito las enzimas involucradas en los procesos de bioconversión del D-limoneno en *A. niger*. En el presente trabajo, se emplearon 10 genomas de *A. niger*, presentes en la base de datos del NCBI para la búsqueda

de identificación de genes involucrados en la bioconversión. Estos fueron analizados con la herramienta antiSMASH (ver. 6.1.1) para identificar los grupos de genes biosintéticos de compuestos de metabolitos secundarios. Las secuencias proteicas resultantes fueron cargados en el InterProScan, para confirmar las familias a las que corresponden y se empleó el servidor DeepLoc2.1 para identificar la localización subcelular. Estudios sobre la bioconversión de D-limoneno para la producción de α -terpineol en *Penicillium digitatum* indicaron la posibilidad de que las proteínas involucradas en el proceso sean las Citocromo p450 monooxigenasas. En los genomas analizados de *A. niger*, se identificaron 341 secuencias proteicas involucradas en las vías de los terpenos, de las cuales 24 correspondieron a Citocromos p450 monooxigenasas. Por ello se procedió con la predicción de su estructura tridimensional empleando la herramienta AlphaFold 2 y se seleccionaron aquellas con los mejores valores de pLDDT. Estas enzimas se caracterizan por presentar una cisteína en el sitio activo, que interactúa con un grupo Hemo, el cual actúa como co-factor. Por lo cual se empleó la herramienta VINA docking del servidor Galaxy para realizar el acoplamiento proteína-hemo, centrado la caja del Hemo en la cisteína, estableciendo parámetros de caja entre 10 y 20 $\text{\AA}$ y una exhaustividad de 8, 20 y 32. Posteriormente se realizó un segundo docking con D-limoneno en aquellas enzimas que presentaron una baja energía libre de Gibbs y una interacción entre el grupo hemo y la cisteína. En este caso, la caja se centró en el hierro del grupo Hemo.

BIOCONVERSION, ASPERGILLUS NIGER, BIOLOGÍA ESTRUCTURAL, DOCKING

USO DE MICROORGANISMOS BENÉFICOS PARA

MEJORAR EL DESARROLLO DE ILEX PARAGUARIENSIS: EVALUACIÓN DE HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES Y TRICHODERMA

SEDLER, CYNTIA I.^{A,B}; VIGNALE, VICTORIA^{A,B,C}; NOVAS, MARÍA V.^{B,C}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; ALVARENGA, ADRIANA E.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

c) Instituto Misionero de Biodiversidad (IMiBio). Puerto Iguazú, Misiones, Argentina.

d) Universidad de Buenos Aires. Instituto de Micología y Botánica (INMIBO), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental (DBBE)

cyntiasedler@gmail.com

Las interacciones multitróficas en la rizósfera son clave para el crecimiento y adaptación de las plantas, así como para la salud del suelo. En Misiones, la yerba mate (*Ilex paraguariensis*) es un cultivo estratégico, aunque su productividad enfrenta desafíos por prácticas no sostenibles y condiciones adversas. En este contexto, el estudio de la microbiota rizosférica, especialmente los hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y *Trichoderma*, ofrece una alternativa biotecnológica para mejorar el desarrollo vegetal y avanzar hacia una agricultura más sustentable.

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto en el desarrollo de plantas de yerba mate de la co-inoculación de HMA provenientes de dos yerbales de la provincia de Misiones y *Trichoderma*. Para ello, se llevó a cabo un ensayo en condiciones controladas que consistió en realizar seis tratamientos con veinte plantas cada uno.

Se utilizó como inóculo, suelo proveniente de yerbales de la localidad de Oberá, Misiones con dos tipos de manejos agro-nómicos diferentes: orgánico (OO) y convencional (OC). Para la inoculación con *Trichoderma* se utilizó una solución de conidias de *Trichoderma asperelloides* LBM193. El esquema de tratamiento fue el siguiente: tratamiento 1: aplicación de *Trichoderma*; tratamiento 2: inoculación con suelo de Oberá con manejo orgánico y *Trichoderma*; tratamiento 3: inoculación con suelo de Oberá con manejo convencional y *Trichoderma*; tratamiento 4: inoculación con suelo de Oberá con manejo orgánico; tratamiento 5: inoculación con suelo de Oberá con manejo convencional y tratamiento 6: sustrato sin inocular. A lo largo de los cinco meses de duración del ensayo se siguió el desarrollo de las plantas mediante la medición de parámetros morfológicos: altura del vástago, número de hojas y el diámetro del cuello. Una vez finalizado el ensayo se determinó el peso fresco y seco de la parte aérea y radicular de las plantas, el volumen radicular y la concentración de clorofila. Los resultados obtenidos muestran un mayor crecimiento en las plantas inoculadas con *Trichoderma* y HMA provenientes de suelo con manejo orgánico y aportan evidencias preliminares sobre posibles efectos sinérgicos en el desarrollo temprano del cultivo, lo que refuerza la viabilidad de estas estrategias en programas de manejo agroecológico orientados a mejorar la productividad y sostenibilidad del sistema yerbatero.

MICORRIZAS, YERBA MATE, BIOINSUMOS, HONGOS

4/BM

**MICOLOGÍA PREDICTIVA
APLICADA AL USO DE TRICHODERMA EN LA PRODUCCIÓN SOSTENIBLE DE YERBA**

MATE

**AMERIO, NATALIA^{A,B}; STOELBEN, TIZIANA M.^A;
MORALES, ANA V.^{C,D}; SCHENDELBEK, ANDREA
L.^{C,D}; ALVARENGA, ADRIANA E.^{A,B}**

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

c) Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Forestales, Eldorado, Misiones, Argentina.

d) Vivero VYO SRL

natymort@hotmail.com

El uso intensivo de agroquímicos en viveros tecnificados de yerba mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) ha generado preocupación por sus impactos en la salud humana y el ambiente. Ante esta problemática, el manejo integrado de plagas y enfermedades (MIPE) incluyendo biocontroladores como *Trichoderma* surge como una alternativa sostenible. En este trabajo se evaluó la tolerancia de dos cepas nativas endófitas de yerba mate, *Trichoderma asperelloides* LBM193 y *Trichoderma reesei* LBM202, frente a distintos productos fitosanitarios empleados en la producción de plantines de yerba mate, con el objetivo de identificar combinaciones compatibles que favorezcan la implementación de un MIPE desde etapas tempranas del cultivo. Se analizaron los efectos de siete agroquímicos (tres insecticidas y cuatro fungicidas) sobre el crecimiento micelial de ambas cepas, incorporándolos al medio Agar Papa Glucosado en dos concentraciones: la dosis recomendada en campo (D) y mitad de dosis (D1/2). El ensayo de tolerancia in vitro, realizado por triplicado, consistió en registrar el crecimiento diario de las colonias incubadas a 28°C durante ocho días. La tolerancia de las cepas se evaluó utilizando una ecuación logística,

considerando la tasa de crecimiento (K) y el tiempo necesario para alcanzar el diámetro máximo de la colonia (T). Se calculó la inhibición del crecimiento (ΔT) en función de las concentraciones de agroquímicos, siendo valores positivos indicativos de inhibición en comparación con los controles. Adicionalmente, se realizaron determinaciones enzimáticas cualitativas de lacasas (LAC) y peroxidasas totales (POX), para identificar posibles mecanismos de acción de LBM193 y LBM202, para tolerar los pesticidas evaluados.

Los resultados indicaron que los insecticidas cipermetrina y deltametrina, en dosis D, inhibieron significativamente el crecimiento de ambas cepas, reflejado en bajos valores de K y T. En cambio, el insecticida Fast Ultra® (abamectina + imidacloprid) mostró menor efecto inhibitorio, con valores de K más altos y tiempos cortos. Respecto a los fungicidas, Tacora® (tebuconazole + azoxistrobina) resultó ser el más inhibitorio, impidiendo el desarrollo de ambas cepas (K = 0). La piraclostrobina también provocó una inhibición significativa, con valores de K cercanos a cero. Los fungicidas sulfato de cobre pentahidratado y fosetil aluminio mostraron menor toxicidad, aunque también inhibieron el crecimiento ($\Delta T > 50\%$) en dosis recomendadas.

Se detectó actividad enzimática de LAC y POX en todos los tratamientos donde hubo crecimiento micelial, lo que sugiere un posible mecanismo de tolerancia. No se observó actividad en los controles sin desarrollo fúngico.

En conclusión, *T. asperelloides* LBM193 y *T. reesei* LBM202 presentan diferentes niveles de tolerancia a los agroquímicos.

MICOLOGÍA PREDICTIVA, TOLERANCIA, LACASAS, PEROXIDASAS

5/BM

STREPTOMYCES SP. M7

COMO BIOINOCULANTE EN PHASEOLUS VULGARIS L.: UNA CEPA CON POTENCIAL BIORREMEDIADOR APLICADA A LA PROMOCIÓN DEL CRECIMIENTO VEGETAL

SMALL, MARÍA A.^A; GONZALEZ HOLC, VICTORIA G.^A; VOLENTINI, SABRINA I.^{B,C}; BENIMELI, CLAUDIA S.^{A,D}; POLTI, MARTA A.^{A,B}; APARICIO, JUAN D.^{A,B}

a) Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. 4000. Tucumán, Argentina.

b) Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. 4000. Tucumán, Argentina.

c) Instituto Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO), CONICET. 4000. Tucumán, Argentina.

d) Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca. K4700. Catamarca, Argentina

marta.polti@conicet.gov.ar

La intensificación en las prácticas agrícolas para cubrir la creciente demanda global de alimentos ha generado un uso excesivo y creciente de agroquímicos, provocando efectos negativos como la degradación de suelos y la contaminación de cuerpos de agua. Frente a esto, los microorganismos benéficos, especialmente las actinobacterias del género *Streptomyces*, han despertado interés por su capacidad para mejorar la calidad del suelo, proteger a las plantas frente a patógenos y estimular su crecimiento. En particular, *Streptomyces* sp. M7, una cepa aislada de un área agrícola contaminada en el noroeste argentino, fue previamente estudiada por su habilidad para degradar agroquímicos y, además, ha evidenciado características para promover el crecimiento vegetal, constituyendo este último un hallazgo de gran relevancia. El presente estudio

tuvo como objetivo evaluar el potencial promotor del crecimiento vegetal de M7 y su posible aplicación como bioinoculante. Para ello, se realizaron ensayos cualitativos para evaluar la solubilización de potasio y fosfatos, la fijación biológica de nitrógeno, la producción de sideróforos y ácido indolacético (AIA), así como el antagonismo frente a siete hongos fitopatógenos. Las pruebas se llevaron a cabo en placas de Petri con medios de cultivo específicos, inoculando esporos de *Streptomyces* sp. M7 por diseminación en superficie y posteriormente incubándolos durante siete días. En todos los casos se incluyeron los controles adecuados. Se observó actividad positiva en todas las pruebas cualitativas, con excepción de la fijación de nitrógeno y la solubilización de potasio. En cuanto al antagonismo, M7 mostró actividad frente a cinco de los siete hongos fitopatógenos evaluados: *Colletotrichum* sp., *Penicillium digitatum*, *Penicillium italicum*, *Aspergillus* sp. y *Fusarium* sp. Por otro lado, se evaluó la capacidad de la cepa para colonizar la rizófora mediante ensayos de consumo de aniones orgánicos (citrato, lactato y acetato), compuestos presentes en los exudados radiculares y utilizados como únicas fuentes de carbono, obteniéndose resultados positivos en todos los casos. Asimismo, se confirmó su capacidad para formar biopelículas mediante el método del cristal violeta. Posteriormente, se analizó el efecto de M7 sobre el desarrollo de plantas de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.). Para ello, las semillas, previamente desinfectadas, fueron inoculadas con la cepa y cultivadas en condiciones controladas de laboratorio. Se incluyeron controles con semillas no inoculadas. Las plantas tratadas con M7 presentaron un aumento del 40 % en la biomasa aérea fresca en comparación con los controles, los cuales mostraron una mortalidad del 33 % atribuida a infección por *Fusarium* sp. Además, las plantas no inoculadas exhibieron mayores actividades de catalasa y peroxidasa, lo que sugiere un mayor nivel de estrés oxidativo, mientras que las plantas inoculadas desarrollaron

sistemas radiculares más robustos, así como mayor número de flores y vainas. Estos resultados evidencian que *Streptomyces* sp. M7 no solo promueve el crecimiento vegetal, sino que también mejora el estado fisiológico de las plantas, posicionándola como una alternativa sostenible al uso de agroquímicos, en consonancia con los enfoques actuales, orientados al desarrollo de insumos agrícolas ecológicos.

BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL, *STREPTOMYCES* SP., BIOINOCULANTE, AGRONOMÍA SOSTENIBLE

6/BM

OPTIMIZACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE ÁCIDO 3-INDOLACÉTICO POR *ACINETOBACTER BEREZINIAE*

VILTE, GUSTAVO A.^A; MAZUR, FERNANDO A.^A; FERREYRA, DARÍO J. A.^A; FERRERAS, JULIAN A.^A; MARTINA, PABLO F. A.

a) Grupo de Investigación en Genética Aplicada (GIGA), Instituto de Biología Subtropical (IBS), Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales (CONICET-UNaM).

vilte.gustavo@gmail.com

Las auxinas son fitohormonas clave en el desarrollo vegetal, involucradas en procesos como la elongación celular, el enraizamiento y las respuestas al entorno. Diversas bacterias del suelo pueden sintetizar ácido 3-indolacético (AIA), la auxina más común, lo que las convierte en candidatas prometedoras para el desarrollo de bioinsumos agrícolas. En este contexto, el presente trabajo tuvo como objetivo principal optimizar la producción de AIA por bacterias nativas del suelo de la provincia de Misiones, con miras a su futura aplicación en tecnologías sustentables para el agro. Se aislaron bacterias de muestras de suelo

colectadas en áreas protegidas del parque provincial Cañadón de Profundidad (a 35 km de la ciudad de Posadas) y se evaluó su capacidad para producir compuestos tipo auxina detectados con el reactivo de Salkowski. El aislado con mayor producción fue identificado por secuenciación del gen 16S rRNA como *Acinetobacter bereziniae* (99.48% similitud). La producción de AIA fue confirmada mediante HPLC. Para optimizar su síntesis, se aplicó un diseño factorial 24 que evaluó el efecto de cuatro variables: pH, temperatura, tipo de medio de cultivo y suplementación con L-triptofano. Las condiciones ensayadas fueron seleccionadas con base en estudios previos y en la fisiología general del género bacteriano.

La cepa *A. bereziniae* produjo AIA en cantidades detectables bajo diversas condiciones, confirmándose su identidad por HPLC. El análisis estadístico del diseño experimental permitió identificar condiciones óptimas para maximizar la producción: medio rico en triptona de soya suplementado con L-triptofano, a 28 °C y pH 6,3. Estas condiciones favorecieron significativamente el rendimiento del metabolito respecto a los ensayos sin optimización.

El aislamiento de bacterias nativas capaces de sintetizar AIA y la optimización de su producción representan avances concretos hacia el desarrollo de biofertilizantes basados en microbiota del suelo. *Acinetobacter bereziniae* se perfila como un candidato promisorio para futuras aplicaciones biotecnológicas orientadas a la promoción del crecimiento vegetal.

FITOHORMONAS, L-TRIPTOFANO, REGULADOR DE CRECIMIENTO, SALKOWSKI

7/BM

EVALUACIÓN DE CEPAS DE *TRICHODERMA* PARA EL CONTROL DE LA PUDRICIÓN

SECA DE RAÍCES EN MANI-HOT ESCULENTA

MADRASSI, LUCAS M.^{A,B}; MONACO, CECILIA^C; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; ALVARENGA, ADRIANA E.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

c) CIDEFI, UNLP

adrianaealvarenga@gmail.com

La mandioca es uno de los cultivos más importantes en el norte de la República Argentina, particularmente en la provincia de Misiones. En esta región, donde más de la mitad de la producción se destina al autoconsumo, las raíces almacenantes se emplean en una variedad de preparaciones culinarias. Sin embargo, la producción de raíces de mandioca se ve amenazada por diversas fitopatologías. Entre ellas, se destaca la Pudrición Radical Seca (PRS), una enfermedad asociada a pérdidas significativas del rendimiento. Esta afección es causada por hongos del género *Fusarium* y se caracteriza por la presencia de necrosis de aspecto seco, manchas marrones en las raíces y un desarrollo deficiente del sistema radical. En las partes aéreas de la planta, se observan síntomas secundarios como clorosis, caída de hojas, enanismo y, eventualmente, la muerte de la planta.

A pesar de su impacto, actualmente no existen herramientas específicas para el control de esta enfermedad en Misiones. Los hongos del género *Trichoderma* son conocidos por su capacidad como antagonistas naturales de otros hongos fitopatógenos, como *Fusarium*. Nuestro grupo de investigación cuenta con aislamientos de *Trichoderma* con alto potencial biocontrolador, aunque su eficacia frente a los patógenos causantes de la PRS aún no ha sido evaluada.

Por ello, el objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de dos aislamientos de *Trichoderma* (*T. asperelloides* LBM193 y *T. reesei* Tsp1) sobre la reducción de la patogenicidad de cuatro aislamientos de *Fusarium* (*F. oxysporum* Fosc1 y Fosc2; *F. solani* Fssc1 y Fssc3) en plantines de mandioca. Estos se cultivaron bajo condiciones de invernadero. Se dispusieron dos controles: un control positivo (inoculado solo con el patógeno) y un control negativo (sin patógeno ni *Trichoderma*). Adicionalmente, se incluyó un tratamiento con el fungicida CAPTÁN (2 g/l).

Se evaluó la Reducción de la Severidad de los Síntomas en las Raíces (RSR) y en las partes Aéreas (RSA). Las aplicaciones de los antagonistas y las inoculaciones de los patógenos se realizaron mediante riego con 100 ml de suspensiones de conidios (10^8 y 10^6 conidios/ml, respectivamente). Los resultados mostraron diferencias estadísticamente significativas en los valores de RSR y RSA para los patógenos Fosc1, Fosc2 y Fssc1, en comparación con los controles y el tratamiento con CAPTÁN. En estos casos, las reducciones de severidad de síntomas obtenidas por los aislamientos LBM192 y Tsp1 estuvieron entre el 47% y el 100% (ausencia total de síntomas).

FUSARIUM OXYSPORUM, FUSARIUM SOLANI, ANTAGONISMO

8/BM

BIOMASA DE MICROALGAS AUTÓCTONAS CON POTENCIAL PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOCOMBUSTIBLES Y BIOMATERIALES

FABRO, MARTÍN^A; MODINI, LAURA^B; PIDHIRNYJ, MARÍA I.^A; GERSTNER, CAROLINA^C; BERNAL, CLAUDIO^C; BECCARIA, ALEJANDRO^A; MÁRQUEZ, VANINA^A

a) Laboratorio de Fermentaciones. Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas. Universidad Nacional del Litoral

b) Laboratorio de Tratamiento de Efluentes. Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas. Universidad Nacional del Litoral

c) Cátedra de Bromatología y Nutrición. Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas. Universidad Nacional del Litoral

vmarquez@fbc.unl.edu.ar

Las microalgas son un grupo de interés en biotecnología microbiana, debido a la gama de moléculas de valor que pueden sintetizar: pigmentos, aceite unicelular, carbohidratos, antioxidantes, etc., que tienen aplicaciones actuales y potenciales en la producción de alimentos, nutraceuticos, combustibles, fertilizantes, entre otras. Su atractivo se debe también a la versatilidad metabólica que presentan, ya que pueden crecer en condiciones auto, mixo o heterotróficas. En este trabajo se exploró el potencial biotecnológico de dos cepas de microalgas aisladas de ambientes locales influenciados por actividades antrópicas: *Halochlorella rubescens*, que se caracterizó principalmente por su capacidad para acumular lípidos, y *Mychonastes* sp., que se destacó por acumular lípidos y producir polisacáridos extracelulares. Una vez aisladas en nuestro laboratorio, las microalgas fueron identificadas a nivel molecular, por homología de secuencia en una región del gen que codifica para el ARN ribosomal 18S. En un análisis preliminar de los ácidos grasos en la biomasa de *H. rubescens* cosechada, se identificaron como predominantes, en orden descendente, los ácidos linolénico, oleico, palmítico, linoleico y esteárico. Los lípidos de esta microalga han sido propuestos como materia prima para la producción de biodiésel. Se compararon los rendimientos celulares obtenidos en fotobiorreactores tanque agitado y air-lift, encontrando una mejora del 40 % en este último, usando un medio estándar para microalgas. Además, en el fotobiorreactor air-lift se probaron formulaciones de medios para

el cultivo mixotrófico, suplementando un medio salino con diferentes porcentajes de un efluente derivado de una planta de tratamiento de residuos sólidos urbanos. Se encontró que la suplementación con hasta un 22 % del efluente promueve la acumulación de lípidos, si bien con detrimento del rendimiento de biomasa. Por otro lado, el potencial biotecnológico de la cepa de *Mychonastes* sp. se analizó en cultivos realizados en un medio salino estándar para microalgas en frascos estáticos. Mediante tinciones específicas (con Rojo Nilo y con Azul de Alciano) se verificó que este aislamiento es capaz de acumular cuerpos lipídicos y producir cantidades apreciables de polisacáridos extracelulares. Posteriormente, se realizaron ensayos en frascos agitados en medios de cultivo formulados a base de un fertilizante comercial tipo NPK, encontrando la concentración adecuada para obtener rendimientos en biomasa iguales o superiores al medio salino estándar, constituyendo una alternativa viable para reducir los costos de producción de biomasa. Aplicando alimentaciones discretas con bicarbonato de sodio a cultivos realizados tanto en frascos agitados como en fotobiorreactores columniformes, se obtuvieron mejoras en los rendimientos de biomasa y exopolisacáridos, comparando con cultivos batch usados como controles. El polisacárido obtenido podría ser un candidato novedoso para la producción de hidrogeles. Además, esta macromolécula junto a la biomasa cosechada, se emplearon para la preparación de muestras de un biomaterial mixto combinado con agar-agar (otro biopolímero de uso reconocido en estas aplicaciones) con resultados favorables y alentadores.

MICROALGAS, FOTOBIORREACTORES, ACEITE UNICELULAR, BIOMATERIALES, BIORREFINERÍA

9/BM

OPTIMIZACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE BIOMASA DE EUGLENA GRACILIS EN FOTOBIORREACTORES TUBULARES BAJO DISTINTAS CONDICIONES DE CULTIVO

NEFFEN, EMILIO^{A,B}; MÁRQUEZ, VANINA^B; GUERRERO, SERGIO^B

a) Laboratorio de enzimología molecular - Instituto de Agrobiotecnología del Litoral (IAL), CONICET -UNL

b) Laboratorio de fermentaciones - Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas. Universidad Nacional del Litoral

vmarquez@fbcb.unl.edu.ar

Euglena gracilis es un protista fotosintético y mixotrófico de amplia distribución, con potencial biotecnológico debido a su capacidad para producir metabolitos de interés como lípidos, proteínas, polisacáridos (como el paramilón) y vitaminas. Su versatilidad metabólica le permite crecer en condiciones autótrofas, heterótrofas o mixotróficas, lo que la convierte en un modelo ideal para estudios de optimización de cultivos. Diversos factores como el tipo de fuente de carbono, la configuración del biorreactor y la suplementación del medio afectan su rendimiento en biomasa y composición bioquímica.

Se realizaron cultivos de *E. gracilis* en fotobiorreactores a escala de laboratorio. Para el cultivo autotrófico se usó el medio de cultivo estándar Cramer & Myers (CyM). En condiciones mixotróficas o heterotróficas, también se empleó el medio de cultivo CyM como base, suplementado con glucosa al 1% p/v. Los cultivos se desarrollaron a temperatura constante de 23°C, bajo iluminación artificial y con fotoperíodo de 16 horas de luz y 8 horas de oscuridad.

Periódicamente se tomaron muestras para estimar la densidad celular por recuento en cámara de Neubauer y la biomasa seca en un horno a 80°C hasta pesada constan-

te. Sobre la biomasa obtenida se realizó el análisis cuantitativo del contenido de proteínas mediante el método de Bradford y carbohidratos totales por el método de Dubois. También se llevó a cabo un análisis cuantitativo de los lípidos totales empleando una microtécnica colorimétrica y se realizó la extracción gravimétrica de paramilón. Asimismo, se determinaron las concentraciones de glucosa, glicerol y amonio remanentes, empleando los kits comerciales correspondientes.

El cultivo que presentó mejores resultados en términos de biomasa a tiempo final y concentración de metabolitos fue el cultivo mixotrófico. La cuantificación gravimétrica de biomasa indicó que los cultivos en condición mixotrófica generaron una producción de masa seca aproximadamente un 174% superior respecto a la autotrófica, mientras que los cultivos en condición heterotrófica mostraron comparativamente un incremento del 123%. Este aumento en la biomasa se acompañó de una mayor acumulación de paramilón y lípidos, ambos metabolitos de interés en nuestra investigación, tanto en condiciones mixotróficas como heterotróficas. El recuento celular mediante cámara de Neubauer evidenció un incremento significativo en la concentración celular bajo condiciones mixotróficas y heterotróficas, alcanzando valores finales de $3,23 \times 10^6$ y $3,33 \times 10^6$ células/mL respectivamente, en comparación con los cultivos autotróficos, que presentaron una concentración de $5,02 \times 10^5$ células/mL. Estos resultados refuerzan la superioridad de las condiciones mixo- y heterotróficas para promover la producción de biomasa celular y de metabolitos de valor comercial de *Euglena gracilis*.

Los datos obtenidos sobre los consumos de glucosa y amonio en el medio permitirán el diseño de estrategias de alimentación en futuros cultivos en modo fed-batch, orientado a alcanzar altas densidades celulares.

EUGLENA GRACILIS, FOTOBIORREACTOR, PARAMILÓN, MIXOTROFÍA

CO-PRODUCCIÓN DE BIOAROMAS TERPÉNICOS A PARTIR DE RESIDUOS DE LA INDUSTRIA CITRÍCOLA

VELÁZQUEZ, JUAN E. ^{A,B}; SADAÑOSKI, MARCELA A. ^{A,B}; TATARIN, ANA S. ^{A,B}; BENITEZ, SILVANA F. ^{A,B}; VELÁZQUEZ, ALEJANDRA B. ^A; BRUERA, FLORENCIA A. ^{A,B}; KRAMER, GUSTAVO R. ^{B,C}; ZAPATA, PEDRO D. ^{A,B}; FONSECA, MARIA I. ^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

c) Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Programa de Materiales y Fisicoquímica (PROMyF), CP3300 Posadas, Misiones, Argentina.

juane.velazquez314@gmail.com

Entre las estrategias de aprovechamiento y revalorizar integral de residuos para la disposición de los mismos, junto con el consecuente desarrollo general de las industrias que los genera, se encuentran los procesos simultáneos de bioconversión y micorremediación. Particularmente, las industrias cítricas productoras de jugos concentrados, generan un volumen relativamente elevado de residuos compuestos principalmente de cáscaras y agua de lavado, arrastrando con éstos, vitaminas, minerales, carbohidratos y aceites esenciales residuales. El objetivo del presente estudio fue evaluar la producción de derivados terpénicos a partir de residuos agroindustriales de la industria cítrica y determinar el rendimiento de bioconversión asociado al bioproceso, mediante la cepa *Aspergillus* sp. LBM322. El pre-inóculo se realizó a partir de discos de micelio de 5 mm de A. sp. LBM322 en fase exponencial, cultivados en placas de Petri de 50 mm

conteniendo 2 g/L de extracto de malta, 2 g/L de agar, en solución amortiguadora de acetato de sodio pH 5,4. Los discos se colocaron en el centro de placas de Petri de 90 mm con 2 g/L extracto de malta, 2 g/L de agar, 0,1 g/L de peptona de carne, 1 g/L de glucosa y 0,1 g/L de d-limoneno, incubadas a 28°C durante 7 días. Luego se realizó la suspensión de esporas a partir del raspado del micelio y lavado con una solución estéril 0,1% de Tween 80. El inóculo consistió en 9 ml de una suspensión de 2×10^7 esporas/ml en matraces Erlenmeyer de 500 mL con 300 mL de medio natural en solución amortiguadora de acetato de sodio 0,1 N, pH 5,4, suplementados con: 15 g/L bagazo de caña de azúcar y 150 g/L residuos de cáscara de naranja de efluente cítrico, el cual fue cedido por la Cooperativa Cítrica Agroindustrial de Misiones (CCAM Ltda.). La incubación se realizó a 28°C y 500 rpm durante 14 días. Se tomaron muestras y se procedió a realizar la separación del micelio y del sobrenadante mediante centrifugación a 2500 rpm durante 15 min. Posteriormente, se realizó un lavado del sobrenadante con n-hexano a 100 rpm durante 10 min. La fracción superior de menor densidad se separó a otro tubo cónico, al cual se le adicionó una punta de espátula de acetato de sodio anhidro para eliminar la humedad. Finalmente, las muestras se analizaron empleando Cromatografía Gaseosa acoplada a Espectrometría de Masa (Perkin Elmer, Clarus 680 MS SQ8T). Todos los ensayos se realizaron por triplicado. El limoneno residual fue de $3,11 \pm 0,31$ % GC-MS, en tanto que el principal producto de bioconversión se identificó como a-terpineol, con un rendimiento de $66,1 \pm 0,27$ % GC-MS. Este compuesto se destaca por sus propiedades organolépticas, elevado valor comercial y potenciales capacidades medicinales en estudio. La co-producción de a-terpineol en el marco de una plataforma estratégica de bioconversión y micorremediación.

RESIDUOS AGROINDUSTRIALES, BIOCONVERSIÓN, ASPERGILLUS, TERPENOS, TERPINEOL

PÉPTIDOS DE FUSIÓN QUE INCREMENTAN LA SOLUBILIDAD Y ACTIVIDAD DE LA ENZIMA DE USO DIAGNÓSTICO LACTATO OXIDASA

AMARANTO, MARILLA ^A; GARAY NOVILLO, JAVIER N. ^A; FRITZ, MORENA A. ^A; GROSSO, VICTORIA ^A; GODINO, AGUSTINA ^A; BARRA, JOSÉ L. ^A

a) Departamento de Química Biológica Ranwel Caputto, CIQUIBIC-CONICET, FCQ, Universidad Nacional de Córdoba, X5000HUA Córdoba, Argentina

marilla.amaranto@unc.edu.ar

La expresión de proteínas recombinantes en *Escherichia coli* es una estrategia ampliamente utilizada en biotecnología debido a su bajo costo, rapidez y facilidad de manipulación genética. No obstante, una de sus principales limitaciones es la formación de cuerpos de inclusión, que afecta negativamente la solubilidad y funcionalidad de muchas proteínas heterólogas. Este problema es particularmente significativo en el caso de la lactato-oxidasa (LOX) de *Aerococcus viridans*, una enzima flavoproteica tetramérica que cataliza la oxidación del L-lactato a piruvato y peróxido de hidrógeno. Esta enzima se emplea extensamente en biosensores y kits diagnósticos para la detección de lactato en muestras biológicas. En nuestro laboratorio, se desarrolló un proceso biotecnológico para su producción en *E. coli*. Aunque se logró una expresión eficiente tanto a escala de laboratorio como en un biorreactor de 2 litros, aproximadamente el 80 % de la LOX se acumula en forma insoluble, lo que reduce significativamente la productividad del sistema.

El objetivo de este trabajo fue aumentar la expresión soluble y activa de la LOX recombinante mediante la fusión con distintos péptidos en el extremo N-terminal. Se

diseñaron variantes de la LOX fusionadas a péptidos homopoliméricos (serina, lisina o ácido aspártico) y a tres secuencias híbridas de 8 a 12 aminoácidos, evaluando también la presencia o ausencia de una etiqueta de afinidad (Histag) en dicho extremo.

Los resultados demostraron que tanto los péptidos de fusión como la etiqueta de afinidad influyen significativamente en la solubilidad y la actividad enzimática de la LOX. De manera destacada, algunas variantes lograron una expresión notablemente mayor en forma soluble, alcanzando hasta un 74 % más de proteína con la mejor de ellas. Además, esta variante mostró una mayor actividad enzimática específica, lo que, combinado con el incremento en la cantidad de proteína soluble, permitió duplicar la actividad enzimática total por litro de cultivo. Estos hallazgos evidencian que tanto la longitud como la composición de los péptidos ejercen un impacto significativo sobre los niveles de expresión soluble y la funcionalidad de la LOX.

En conjunto, estos resultados destacan la importancia del diseño racional en la producción de proteínas recombinantes funcionales. La combinación de péptidos solubilizantes y la eliminación estratégica de etiquetas de afinidad ofrece una alternativa eficaz para mejorar la calidad y el rendimiento de bioproductos destinados a aplicaciones diagnósticas, donde la actividad enzimática es un factor fundamental.

LACTATO OXIDASA, SOLUBILIDAD, ETIQUETA DE AFINIDAD, PÉPTIDOS SOLUBILIZANTES, *E. COLI*

OPTIMIZACIÓN DE LA ACTIVIDAD TRANSGALACTOSIDASA DE ENZIMAS DEL TIPO B-GALACTOSIDASAS

DE ORIGEN METAGENÓMICO

SANTIAGO, GONZALO M.^{A,B}; EBERHARDT, MARIA F.^{A,B}; CRAVERO, LUISINA^B; IRAZOQUI, MATIAS^{A,B}; AMADIO, ARIEL^A.

a) Instituto de Investigaciones de la Cadena Láctea (IDICAL), CONICET-INTA.

b) Universidad Nacional de Rafaela

santiago.gonzalo@inta.gob.ar

La demanda de compuestos prebióticos por parte de los consumidores ha aumentado fuertemente en los últimos años, por lo que el desarrollo de métodos para la síntesis de estos productos se ha convertido en un objetivo con gran relevancia industrial. Los galactooligosacáridos (GOS) constituyen uno de los principales tipos de moléculas prebióticas ya que son resistentes al ácido gástrico y a las enzimas digestivas. Cuando llegan al colon, son metabolizados preferentemente por bacterias intestinales benéficas (efecto prebiótico). Los GOS se han asociado con múltiples efectos promotores de la salud, como dificultar la adhesión de enteropatógenos al epitelio intestinal, mejorar la absorción de calcio y prevenir patologías cardiovasculares. Los GOS generalmente se sintetizan a partir de lactosa a través de la reacción de transgalactosidación catalizada por una β -galactosidasa produciendo una mezcla compuesta de diferentes oligosacáridos (tri-, tetra-, penta- oligosacáridos, e incluso oligosacáridos superiores). Según la base de datos de enzimas activas sobre carbohidratos (Cazy), las β -galactosidasas se pueden dividir en cuatro familias relacionadas (GH1, GH2, GH35 y GH42) agrupadas en el clan GH-A de las glucósido hidrolasas. En este trabajo nos propusimos optimizar la actividad transgalactolítica frente a la actividad hidrolasa de dos β -galactosidasas obtenidas mediante un estudio de bioprospección de metagenomas de lagunas de tratamiento de efluentes lácteos. Se realizaron dos bibliotecas de mutantes. La primera se basó en la incorporación de oligonucleótidos sintéticos con las mutaciones propuestas mediante el reensamblaje

génico (ISOR). Esta estrategia se realizó sobre la β -galactosidasa del grupo GH42 (β -gal5), donde se evaluaron 5 residuos involucrados en la unión al sustrato, que se encuentran altamente conservados en un grupo de β -galactosidasas GH42 con actividad transgalactolítica reportada. La segunda estrategia fue la de mutagénesis combinatoria (Genscript) realizada sobre 6 aminoácidos de la β -galactosidasa del grupo GH2 (β -gal16). En este caso, la selección de las posiciones a mutar fue definida en base a reportes bibliográficos de enzimas GH2 con actividad transgalactolítica. Las bibliotecas se transformaron en una cepa de E.coli de expresión deficiente en el operon lac que permitió el screening directo sin purificación. El mismo se realizó en cultivos en microplacas, a partir de los cuales se evaluó inicialmente la actividad β -galactosidasa con el sustrato cromogénico ONPG. La actividad hidrolasa se determinó con el método GOD/POD, donde se determina la glucosa liberada. Finalmente, la producción de GOS se determinó de manera exploratoria mediante la técnica de cromatografía en capa delgada (TLC) y con los mejores candidatos se llevará a cabo el análisis del rendimiento de síntesis y composición de GOS, utilizando un HPLC con detector de light scattering (ELSD). Esta estrategia permitió evaluar el efecto de las mutaciones propuestas sobre las 2 β -galactosidasas provenientes del metagenoma, obteniendo candidatas mejoradas que deberán ser evaluadas con respecto a las condiciones de transgalactosilación mediante HPLC.

GALACTOOLIGOSACÁRIDOS, TRANSGALACTOSIDACIÓN, MUTAGÉNESIS COMBINATORIA, ISOR, METAGENOMA

13/BM

TOLERANCIA OSMÓTICA Y PRODUCCIÓN DE MANITOL POR BACTERIAS LÁCTICAS

FRUCTOFÍLICAS AUTÓCTONAS

LAUTHARTE, TAMARA E. ^A; FELISSIA, FERNANDO E. ^A; RAMALLO, LAURA A. ^A; DALLAGNOL, ANDREA M. ^A

a) Instituto de Materiales de Misiones (IMaM, CONICET-UNaM)

andymicd@gmail.com

Las bacterias lácticas fructofílicas (BLF) pertenecen a un subconjunto de bacterias lácticas (BL) que están profundamente adaptadas a ambientes ricos en fructosa, como flores, frutas y miel. Las especies fructofílicas obligadas carecen de la enzima alcohol deshidrogenasa E (adhE) necesaria para mantener el balance redox celular. En compensación, utilizan la enzima manitol deshidrogenasa (MDH), que reduce la fructosa a manitol, el cual, a su vez, también posee propiedades osmoactivas que protegen a las células frente al estrés osmótico. Por otro lado, el manitol posee bajo valor calórico y nula respuesta glucémica, por lo cual es utilizado en la industria de alimentos como sustituto de los azúcares. El objetivo de este estudio fue evaluar la capacidad de BL aisladas de miel de abejas nativas sin aguijón de Misiones, para crecer, producir manitol y ácidos orgánicos en medios hiperosmóticos, con el fin último de utilizarlas en la industria de productos azucarados. Las cepas de *Nicoliella* spp. LMA_MQQ37, LMA_TF61, LMA_SP95 y *Fructobacillus durionis* LMA_SP107 fueron inoculadas en medio GYPf conteniendo fructosa/glucosa (relación 2:1) en concentraciones finales del 2 % (control), 30 %, 40 % y 50 % (p/v), e incubadas a 30°C, por 5 días. Al cabo de este tiempo se midió el crecimiento por recuento en placas (UFC/mL) y se analizó el consumo de azúcares (glucosa y fructosa) y la producción de metabolitos (manitol, lactato y acetato) por HPLC. Se encontró que todas las cepas toleraban el medio al 30 % con una tasa de crecimiento similar al control, no así al 50 % con una disminución de un

ciclo logarítmico ($p < 0.05$) o más, con respecto al 2%. Comparando entre cepas, se observó que *Nicoliella* sp. LMA_MQQ37 fue la que más creció en todos los medios con un máximo de 7×10^6 UFC/mL al 30%. *F. durionis* LMA_TF61 fue la más afectada por el estrés osmótico con un crecimiento máximo de 5×10^5 UFC/mL en el medio control. Con respecto a los azúcares, se observó que el consumo de fructosa fue entre 1.8 y 2.5 veces mayor que el de glucosa para todas las cepas en todos los medios hiperosmóticos. En cuanto a la producción de ácido láctico y acético, los medios al 30 y 40% no presentan diferencias significativas, y la cepa LMA_MQQ37 produjo la mayor concentración ($9,5 \pm 0,2$ g/L y $7,2 \pm 0,2$ g/L al 30% y 40%, respectivamente). El manitol fue el metabolito más abundante, alcanzando su mayor concentración ($38,2 \pm 0,1$ g/L) en *Nicoliella* sp. LMA_MQQ37 al 30%. En el medio control, toda la fructosa consumida fue virtualmente convertida en manitol (rendimiento del 0.9 - 1). En los medios hiperosmóticos se observaron azúcares residuales y los rendimientos para la conversión en manitol.

BACTERIAS LÁCTICAS FRUCTOFÍLICAS, MANITOL, TOLERANCIA OSMÓTICA

14/BM

PRODUCCIÓN DE ZEARALENONA POR FUSARIUM SPP. EN MEDIO SABOURAUD

NARVAEZ, MARIA^A; ROMERO DIAZ, GABRIELA M.^B; LUGO PEDROZO, FERNANDO J.^B; PALACIOS ESCOBAR, JOSE F.^B; OVIEDO, ELIZABETH^C; BERNIS, DAVID^D; FERNANDEZ, DANILO^A; ARRÚA WIDMER, ANDREA A.^B

a) Universidad Nacional de Asunción. Facultad de Ciencias Veterinarias. Campus Universitario. San Lorenzo, Paraguay.

b) Universidad Nacional de Asunción. Centro

Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas - Facultad de Ciencias Químicas.

c) Servicio Nacional de Calidad y Salud Animal, Ciencias Veterinarias 810 C/ Ruta Mariscal Estigarribia Km 10 1/2, San Lorenzo, Departamento Central, Paraguay.

d) Laboratorio de Fitopatología, Unidad Pedagógica Hohenau, Universidad Católica "Nuestra Señora de la Asunción", Itapúa, Paraguay.

gabiromero15@gmail.com

Se evaluó la capacidad de producción in vitro de zearalenona (ZEA) por la cepa PIRIM de *Fusarium* sp., aislada de pasturas destinadas a la alimentación bovina en el Departamento de Presidente Hayes, región del Chaco Paraguayo. Este estudio se realizó en el marco del proyecto PINV01-37 financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) de Paraguay. La investigación tuvo como objetivo caracterizar el potencial toxigénico de esta cepa bajo condiciones controladas de laboratorio, empleando el medio de cultivo Sabouraud como sustrato de crecimiento. La cepa PIRIM fue cultivada durante un periodo de 45 días en caldo Sabouraud, un medio compuesto por peptona y dextrosa, rico en nitrógeno y carbono, generalmente utilizado para el crecimiento de hongos filamentosos, pero no considerado como ideal para la inducción de micotoxinas. Posteriormente, se realizó la extracción de las toxinas presentes en el medio utilizando metanol al 70 %, y el sobrenadante fue analizado mediante la técnica de ELISA, utilizando el kit comercial AgraQuant (Romer Labs®). Las mediciones de absorbancia se efectuaron a una longitud de onda de 450 nm. Los resultados obtenidos revelaron concentraciones de ZEA que oscilaron entre 62,6 y 104,0 ppb a los 45 días de incubación, siendo esta última la concentración máxima observada en una de las réplicas. Este hallazgo es de particular interés, ya que la producción de zearalenona suele ser mayor en medios a base de cereales como arroz o maíz, los cuales contienen polisacáridos que mimetizan el ambiente poscosecha de los

cultivos donde habitualmente se detectan estas micotoxinas. Sin embargo, la cepa PIRIM mostró una capacidad notable para sintetizar ZEA en un medio no cerealizado, lo que sugiere una alta eficiencia metabólica y una posible activación de los genes involucrados en la biosíntesis de esta toxina, como PKS4, PKS13, ZEB1 y ZEB2. Este comportamiento convierte a PIRIM en una cepa modelo con alto valor para futuros estudios enfocados en la regulación genética y ambiental de la producción de micotoxinas. Además, podría ser útil en ensayos destinados al desarrollo de estrategias de control químico o biológico de ZEA, particularmente bajo condiciones estándar de laboratorio. La información generada también podría contribuir al monitoreo y mitigación del riesgo toxicológico en sistemas ganaderos que emplean pasturas contaminadas por cepas fúngicas toxigénicas.

FUSARIUM SPP., ZEARELENONA, CHACO PARAGUAYO, PASTURAS BOVINAS

15/BM

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE CEPAS DE FUSARIUM AISLADAS DE DIFERENTES ÓRGANOS DE GLYCINE MAX (SOJA)

PALACIOS ESCOBAR, JOSÉ F. ^A; LUGO PEDROZO, FERNANDO J. ^A; ROMERO DIAZ, GABRIELA M. ^A; JARA VILLAMAYOR, JORGE D. ^A; ADORNO FERNÁNDEZ, CHRISTIAN D. ^A; ESCOBAR AVALOS, MELISSA M. ^A; ALMEIDA GENEZ, LUZ M. ^A; BALBUENA GÓMEZ, NIDIA M. ^A; MARSAL VON GLASENAPP, AXEL A. ^A; FAELLA DUARTE, FLORENCIA M. ^A; COLMAN MOREL, CAMILA M. ^A; VERA COLMAN, MAYRA L. ^A; ARRÚA WIDMER, ANDREA A. ^A

a) Universidad Nacional de Asunción. Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas. Campus Universitario. San Lorenzo, Para-

Fusarium spp. es un género de hongos fitopatógenos que afecta a diversos cultivos, entre ellos la soja (*Glycine max*), ocasionando importantes pérdidas económicas. En este trabajo se aislaron cepas de *Fusarium* a partir de muestras de hojas, raíces, tallos y vainas de plantas de soja con síntomas de infección. El objetivo del trabajo fue caracterizar morfológicamente a nivel macroscópico las cepas de *Fusarium* aisladas de distintos órganos de la planta de soja. Los aislamientos se realizaron en condiciones estériles en medio Papa Dextrosa Agar (PDA) y posteriormente se resembraron con el objetivo de evaluar sus características morfológicas macroscópicas. El PDA, al ser un medio nutritivo rico en azúcares, favorece la expresión de pigmentos secundarios en algunas especies de *Fusarium*, lo que permite observar una mayor diversidad de coloraciones en las colonias. Esto lo convierte en un medio útil para diferenciar morfotipos fúngicos. Se observaron variaciones en la morfología de las colonias, especialmente en cuanto a coloración y textura del micelio. Las colonias presentaron tonalidades que permitieron agruparlas en diferentes morfotipos: blancos algodonosos, rosados pálidos, y anaranjados. Estas diferencias macroscópicas sugieren una posible diversidad intraespecífica o la presencia de diferentes especies dentro del género *Fusarium*. Para complementar la identificación, se realizaron observaciones microscópicas de las estructuras fúngicas. Las observaciones incluyeron el análisis de macroconidios y microconidios. La combinación de caracteres morfológicos macroscópicos y microscópicos puede permitir una aproximación inicial a la caracterización de los aislamientos de *Fusarium* presentes en diferentes órganos de la soja. Estos resultados sientan las bases para estudios futuros de caracterización molecular y evaluación de patogenicidad.

FUSARIUM, GLYCINE MAX, PDA, MACROCONI-

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE CEPAS DE *FUSARIUM* AISLADAS DE PASTURAS DESTINADAS A LA ALIMENTACIÓN BOVINA EN EL CHACO PARAGUAYO

ROMERO DIAZ, GABRIELA M.^A; LUGO PEDROZO, FERNANDO J.^A; PALACIOS ESCOBAR, JOSE F.^A; ENCISO, GUILLERMO^B; RAMIREZ, MARIA L.^C; OVIEDO, ELIZABETH^D; BERNIS, DAVID^B; GAYOSO, EDITH^D; QUINTANA, ANDRES^E; FERNANDEZ, DANILO^E; ARRÚA WIDMER, ANDREA A.^A.

a) Universidad Nacional de Asunción. Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas. Campus Universitario. San Lorenzo, Paraguay.

b) Laboratorio de Fitopatología, Unidad Pedagógica Hohenau, Universidad Católica "Nuestra Señora de la Asunción", Itapúa, Paraguay.

c) Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Posadas, Argentina.

d) Servicio Nacional de Calidad y Salud Animal, Ciencias Veterinarias 810 C/ Ruta Mariscal Estigarribia Km 10 1/2, San Lorenzo, Departamento Central, Paraguay.

e) Universidad Nacional de Asunción. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Campus Universitario. San Lorenzo, Departamento Central, Paraguay.

gabiromero15@gmail.com

El género *Fusarium* comprende numerosos hongos filamentosos que habitan suelos y tejidos vegetales, y cuya importancia radica tanto en su patogenicidad vegetal como en su capacidad de producir micotoxinas que afectan la salud animal y humana. En

este estudio se reporta la identificación de cepas de *Fusarium* aisladas de pasturas naturales y cultivadas utilizadas para la alimentación del ganado bovino en establecimientos productivos del Departamento de Presidente Hayes, región del Chaco paraguayo. Este trabajo fue realizado en el marco del proyecto PINV01-37 financiado por el CONACYT Paraguay, con el objetivo de contribuir al conocimiento de la diversidad fúngica en ecosistemas de importancia agropecuaria. Las muestras de material vegetal sintomático o senescente fueron recolectadas en campo y trasladadas al laboratorio para su procesamiento. Se realizaron cultivos monospóricos en medio PDA, y las colonias morfológicamente compatibles con *Fusarium* fueron seleccionadas para su identificación molecular. Se extrajo ADN genómico y se amplificó la región del gen *tef1α* (factor de elongación de la traducción 1-alfa), un marcador ampliamente aceptado para la delimitación de especies dentro del complejo *Fusarium*. Los productos amplificados fueron secuenciados y comparados con secuencias tipo utilizando bases de datos curadas y las claves taxonómicas propuestas por Crous et al. (2016). Los resultados permitieron asignar las cepas a distintas especies dentro del género *Fusarium*, incluyendo representantes del complejo *F. incarnatum-equiseti* y *F. fujikuroi*, ambos con antecedentes de producción de micotoxinas como zearalenona, moniliformina y fumonisinas. La identificación precisa a nivel de especie aporta información crucial para evaluar los riesgos potenciales de contaminación de la cadena alimentaria, especialmente en sistemas ganaderos que dependen de pasturas expuestas a condiciones climáticas extremas, como las del Chaco. Este trabajo representa el primer reporte de caracterización molecular de *Fusarium* en pasturas del Chaco paraguayo y subraya la importancia de incorporar herramientas moleculares para la vigilancia sanitaria de forrajes. El uso del gen *tef1α*, combinado con criterios morfológicos y taxonomía molecular actualizada, permite mejorar la

precisión diagnóstica, facilitando futuras estrategias de mitigación de riesgos micotoxológicos en la producción animal de la región.

FUSARIUM, CHACO PARAGUAYO, *tef1α*, PASTURAS, TAXONOMÍA MOLECULAR

18/BM

ACTIVIDAD BIOPROTECTORA DE *LACTOBACILLUS CURVATUS* ACU-1 Y *LACTOBACILLUS SAKAI* ACU-16 EN SISTEMAS CÁRNICOS MODELO

SANCHEZ, LUDMILA^A; BOHACEK, MELISA R. ^A; SKOPIUK, ERIK^A; CASTRO, MARCELA^A; PALAVECINO PRPICH, NOELIA^A

a) Laboratorio de Microbiología de Alimentos. Instituto de Investigaciones en Procesos Tecnológicos Avanzados (INIPTA, CONICET-UNCAUS). Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco, Argentina.

bohacekmelisa@gmail.com

Los productos cárnicos cocidos se someten a un proceso térmico que garantiza la inocuidad microbiológica. Sin embargo, algunas condiciones fisicoquímicas del alimento permiten la supervivencia y eventual proliferación de bacterias patógenas y alterantes, incluso a temperaturas de refrigeración. Entre los patógenos de mayor relevancia implicados en la contaminación de estos productos se encuentra *Listeria monocytogenes*. Las bacterias lácticas (BL) representan una herramienta fundamental para la biopreservación de este tipo de productos, siendo la inoculación de cultivos viables con la producción in situ de sustancias inhibitorias una estrategia emergente. Por lo expuesto, en el presente trabajo se evaluó la capacidad bioprotectora de las cepas autóctonas

bacteriocinogénicas - *Lactobacillus curvatus* ACU-1 y *Latilactobacillus sakei* ACU-16 - sobre un modelo cárnico del tipo "listo para consumir". En este sentido, se utilizó carne porcina cocida a vapor fluente durante 15 min, y enfriada asépticamente. Se cortaron fetas de 5 mm de espesor, las cuales se impregnaron con suspensiones de las cepas autóctonas (10^6 UFC/ml) y del microorganismo indicador *Li. innocua* ATCC 33090 (10^4 UFC/ml), utilizado como sustituto de *L. monocytogenes*. Luego de la impregnación, las fetas se envasaron en bolsas estériles y se almacenaron durante 28 días a 4 ± 1 °C. Se tomaron muestras cada 7 días, para monitorear pH y recuento de BL y *Li. innocua*, en agar MRS y Palcam, respectivamente. Se evaluaron los siguientes sistemas: (1) sin inocular; e inoculados con: (2) *L. curvatus*, (3) *Lb. sakei*, (4) *L. curvatus* + *Lb. sakei*, (5) *Li. innocua*, (6) *L. curvatus* ACU-1 + *Li. innocua*, (7) *Lb. sakei* ACU-16 + *Li. innocua*, (8) *L. curvatus* ACU-1 + *Lb. sakei* ACU-16 + *Li. innocua*. La toma de muestras se realizó por hisopado de la superficie de las fetas de carne. Las BL mostraron un crecimiento sostenido en todos los sistemas, alcanzando un valor promedio de $8,66 \pm 0,12$ Log UFC/cm² al final del período de almacenamiento, sin diferencias significativas entre los sistemas. Por otro lado, los recuentos de *Li. innocua* en el sistema control no mostraron variaciones significativas durante el almacenamiento con respecto al recuento inicial ($4,05 \pm 0,06$ Log UFC/cm²); sin embargo, en los sistemas co-inoculados se observó una disminución a los 28 días. Los sistemas 6 y 8 alcanzaron un valor medio de $3,57 \pm 0,02$ Log UFC/cm², sin diferencias significativas entre ambos, mientras que el sistema 7 mostró el recuento significativamente más bajo $3,26 \pm 0,05$ Log UFC/cm². Ahora bien, como la reducción de la población de *Li. innocua* fue inferior a la 1 Log UFC/cm², se considera que el efecto inhibitorio de las cepas bioprotectoras no es significativo. Por su parte, las cepas autóctonas colonizaron adecuadamente el modelo utilizado y el pH se mantuvo sin diferencias signi-

ficativas durante el almacenamiento, en todos los sistemas; este hecho es fundamental para considerarlas como cultivos bioprotectores. Se considera que podría alcanzarse el efecto inhibitorio esperado adecuando las concentraciones de cultivo utilizadas. El uso de estas cepas autóctonas resulta promisorio ya que constituyen una "alternativa verde" al uso de preservadores de síntesis química.

BACTERIAS LÁCTICAS, BIOCONSERVACIÓN, CULTIVOS AUTÓCTONOS, CÁRNICOS COCIDOS

19/BM

ESTRATEGIA DE ACOPLAMIENTO AL CRECIMIENTO PARA LA EVOLUCIÓN DE FASII PARA MEJORAR LA PRODUCCIÓN DE ÁCIDOS GRASOS DE CADENA METIL-RAMIFICADA AL AZAR EN *ESCHERICHIA COLI*

BRACALENTE, FERNANDO^{A,B}; GRAMAJO, HUGO C.^B; PFLEGER, BRIAN^C; ARABOLAZA, ANA L.^B.

a) INMET SA, Rosario, Argentina

b) Universidad Nacional de Rosario (UNR), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR)-CONICET

c) University of Wisconsin-Madison, Department of Chemical and Biological Engineering

bracalente@ibr-conicet.gov.ar

Los ácidos grasos (AG) microbianos ofrecen alternativas prometedoras y sustentables a los productos químicos derivados del petróleo. Sin embargo, las rutas nativas producen una gama limitada de AG lineales saturados e insaturados con diversidad estructural y propiedades fun-

cionales restringidas. Los AG de cadena metil-ramificada (AGMR) poseen propiedades superiores a sus contrapartes lineales, incluyendo puntos de fusión más bajos, mejor fluidez en frío y mayor estabilidad oxidativa, lo que los hace atractivos para aplicaciones como lubricantes biodegradables y productos de cuidado personal. A pesar de sus propiedades deseables, su aplicación se encuentra limitada por rendimientos moderados y altos costos de producción. Para superar estas limitaciones a través de la biotecnología, demostramos previamente que *E. coli* puede sintetizar in vivo una mezcla de AGMR al azar o "random" (R-AGMR). Si bien *E. coli* utiliza naturalmente malonil-ACP como unidad extensora para la elongación de AG, demostramos que su Sintasa de Ácidos Grasos (FASII) puede incorporar también metilmalonil-ACP como unidad extensora de cadena ramificada, produciendo R-AGMR. A pesar de probar su factibilidad, los títulos iniciales fueron bajos (~2,5% de los AG totales). La sobreexpresión de aciltransferasas o tioesterasas específicas aumentó los rendimientos a ~7% o ~12%, respectivamente. Sin embargo, la combinación de estos enfoques no mostró efectos aditivos, indicando la existencia de cuellos de botella complejos dentro del ciclo FAS y destacando la necesidad de una estrategia más general. Con el objetivo de superar estas limitaciones, proponemos una estrategia de acoplamiento al crecimiento para evolucionar FASII. Este enfoque vincula directamente la síntesis de R-AGMR con la supervivencia y el crecimiento celular, aprovechando el rol esencial de la fluidez de la membrana para el crecimiento bacteriano. Dado que *E. coli* requiere Ácidos Grasos Insaturados (AGI) para ajustar esta fluidez, una cepa mutante $\Delta fabA$ depende de AGI exógenos para su supervivencia. Hipótesis: los AGMR, debido a sus propiedades físicas, podrían reemplazar funcionalmente a los AGI en la membrana. Primero, establecimos un chasis de *E. coli* K12 (cepa FB-E-01.A) con deleciones en *fadE* (degradación de AG), *cfa* (ciclopropanación) y *fabA* (síntesis

de AGI). Screening iniciales con diferentes AGMR.

BIOSÍNTESIS DE ÁCIDOS GRASOS, LÍPIDOS NUEVOS, INGENIERÍA METABÓLICA, BIOFÁBRICAS MICROBIANAS

20/BM

MICROENCAPSULACIÓN DE ENZIMAS MICOLÍTICAS DE LOS AISLAMIENTOS TRICHODERMA KONINGIOPSIS POS7 Y TRICHOH, IMPLICADOS EN EL BIOCONTROL DE HONGOS FITOPATÓGENOS

BARENGO, MARCELA P.^{A,B}; SCHMIDT, KEVIN^A; AMERIO, NATALIA^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; VILLALBA, LAURA L.^A; BICH, GUSTAVO A.^{A,B}; CASTRILLO, MARIA L.^{A,B}.

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

mlc_827@hotmail.com

La creciente preocupación debido al impacto ambiental y sanitario por el uso intensivo de agroquímicos ha impulsado la búsqueda de estrategias sostenibles en el ámbito agrícola. En este contexto, los bioinsumos formulados con microorganismos nativos representan una alternativa prometedora para el manejo de enfermedades de cultivos. Entre estos microorganismos, las especies del género *Trichoderma* han demostrado eficacia como agentes de control biológico, debido a su capacidad para secretar

enzimas hidrolíticas, producir compuestos antifúngicos, inducir resistencia en plantas y competir eficientemente por espacio y nutrientes. Sin embargo, la aplicación en campo de estos biocontroladores suele verse limitada por factores ambientales adversos que afectan su viabilidad y funcionalidad. La microencapsulación surge como una tecnología innovadora que permite inmovilizar y proteger los compuestos bioactivos microbianos, mejorando su estabilidad, liberación controlada y eficacia en condiciones variables. El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficiencia de inmovilización de enzimas micolíticas producidas por dos cepas nativas de *Trichoderma koningiopsis* (POS7 y TrichoH), a través de su microencapsulación en alginato de sodio. Los sobrenadantes enzimáticos se obtuvieron mediante fermentación sumergida en medios optimizados para la secreción enzimática, conteniendo principalmente paredes celulares de *Fusarium* sp. como fuente de carbono y extracto de levadura como fuente de nitrógeno. Posteriormente, se mezclaron con alginato en proporción 1:3 y se extruyeron en solución de CaCl_2 estéril para formar las microcápsulas. Se empleó un diseño experimental de superficie de respuesta Box-Behnken (RSM-BBD) para optimizar tres variables: concentración de alginato (1–2 %), concentración de CaCl_2 (1–2 %) y diámetro de la cánula de extrusión (0,3–0,7 mm). Se evaluó la actividad de proteasas y β -1,3-glucanasas como indicadores de eficiencia enzimática. Los resultados mostraron que la eficiencia media de inmovilización de proteasas fue notablemente superior en Tricho H (84,8 %) en comparación con POS7 (33,3 %), mientras que las β -1,3-glucanasas mostraron eficiencias menores en ambas cepas (29,8 % en POS7 y 26,2 % en TrichoH). El ANOVA-RSM reveló que en POS7, la concentración de CaCl_2 (efecto cuadrático) influyó significativamente sobre la eficiencia de inmovilización de proteasas, mientras que para β -1,3-glucanasas, se observó influencia significativa de la concentración

de alginato y del término cuadrático del diámetro de cánula. En Tricho H, la eficiencia proteasa no mostró factores significativos, pero para β -1,3-glucanasas se repitió el patrón observado en POS7. Mediante análisis de optimización de múltiples respuestas, se establecieron condiciones experimentales óptimas: 1 % de alginato de sodio, 1 % de CaCl_2 y 0,5 mm de cánula. En conclusión, la microencapsulación en alginato de sodio permitió conservar parcialmente la actividad enzimática de las cepas de *T. koningiopsis*, siendo Tricho H más eficiente en la inmovilización de proteasas.

BIOINSUMOS, FERMENTACIÓN SUMERGIDA, ALGINATO Na

21/BM

EXTRACCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LIPOPÉPTIDOS BIOACTIVOS DE *BACILLUS ALTITUDINIS* CON POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

FLAMMER, PAULA N.^A; AMERIO, NATALIA^{A,B}; CASTRILLO, MARIA L.^{A,B}; CORTESE, ILIANA J.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

cortesejulietta@gmail.com

Los lipopéptidos (LPs) microbianos son metabolitos secundarios de alto valor biotecnológico, especialmente por sus propiedades antifúngicas, antimicrobianas y tensoactivas. Su obtención y caracterización resulta esencial para el desarrollo de bioinsumos destinados al control de

fitopatógenos. El presente trabajo tuvo como objetivo extraer, analizar e identificar bioquímicamente los LPs producidos por dos cepas de *Bacillus altitudinis* T5S-T4 y 19RS3 aisladas de *Ilex paraguariensis* St. Hil. (yerba mate) y seleccionadas por su potencial biocontrolador y biofertilizante. Para ello se cultivaron ambas cepas en caldo Luria Bertani a 28 °C durante 48 y 72 h. Posteriormente, se centrifugaron a 12.000 rpm durante 15 min, se conservó el sobrenadante y se realizó una precipitación ácida de los LPs utilizando HCl 3N, hasta llegar a pH 2. Se conservó a 4 °C durante 24 h y se centrifugó nuevamente a 12.000 rpm durante 15 min para la obtención de pellets de LPs. Éstos se resuspendieron en agua destilada estéril y alcohol etílico al 80 %. Se comprobó su efecto biosurfactante en placas de agar-sangre ovina 5 %. Para ello se colocó una gota de 20 µl y se incubó a 28 °C durante 24 h. Se observó la presencia de un halo de hemólisis completa (transparente) alrededor de la misma. Los LPs obtenidos fueron sometidos a análisis espectrofotométrico UV-visible, evaluando su comportamiento óptico en el rango de 200–800 nm. Este análisis permitió detectar picos a una longitud de onda de aproximadamente 260 nm asociada a la presencia efectiva de LPs. Para una identificación estructural más precisa, se aplicó espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier (FTIR), en modo ATR. Este análisis permitió detectar grupos funcionales clave como hidroxilos, aminas, carbonilos, metilos, metilenos y amidas, consistentes con la presencia de LPs cíclicos de tipo surfactina, fengicina e iturina. La combinación de estos datos permitió inferir la naturaleza química de los metabolitos extraídos, relacionándolos con compuestos conocidos por su capacidad antifúngica y biosurfactante. La correcta identificación y caracterización de los LPs no solo valida su producción por parte de las cepas bacterianas estudiadas, sino que también respalda su aplicación potencial como herramientas para el control biológico de fitopatógenos agrícolas, como se observó en estudios previos fren-

te a *Fusarium* sp. En conjunto, estos resultados posicionan a *B. altitudinis* T5S-T4 y 19RS3 como fuentes prometedoras de LPs bioactivos, con aplicaciones concretas en agricultura sostenible. Este enfoque metodológico ofrece una base sólida para optimizar la producción de LPs y evaluar su funcionalidad en condiciones reales, favoreciendo el diseño de bioinsumos eficaces y seguros.

METABOLITOS SECUNDARIOS, BIOCONTROL, *BACILLUS ALTITUDINIS*, FTIR

22/BM

VARIACIÓN EN POLIFENÓLES Y OTROS COMPUESTOS EN *ILEX PARAGUARIENSIS* BAJO DIFERENTES TRATAMIENTOS DE BIOFERTILIZACIÓN EN DISTINTOS SUSTRATOS EVALUADOS MEDIANTE FTIR

ONETTO, ANDREA L.^A; CORTESE, ILIANA J.^{A,B}; RODRIGUEZ, MARÍA D.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; CASTRILLO, MARÍA L.^{A,B}; LACZESKI, MARGARITA E.^{A,C}.

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

c) Cátedra de Bacteriología. Departamento de Microbiología. FCEQyN, UNaM

mlc_827@hotmail.com

La espectrofotometría infrarroja con transformada de Fourier (FTIR) es un método analítico caracterizado por alta

velocidad, resolución, sensibilidad, precisión y exactitud, siendo uno de sus usos más difundidos la caracterización de diferentes fitoconstituyentes bioactivos presentes en hojas y extractos vegetales. La yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil) es una especie vegetal ampliamente consumida en América del sur en forma de infusión, principalmente por sus propiedades nutritivas, nutracéuticas y estimulantes. Además de su riqueza en minerales, destaca por su contenido de polifenoles, alcaloides, flavonoides, saponinas y vitaminas, productos del metabolismo secundario que se asocian con sus propiedades funcionales y su actividad farmacológica. El objetivo del presente trabajo fue conocer el efecto de tratamientos de biofertilización utilizando bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) sobre diferentes metabolitos secundarios presentes en plantines de *I. paraguariensis* cultivados en tres sustratos mediante el estudio de los espectros FTIR de sus hojas. Se trabajó con plantines de *I. paraguariensis* St. Hil cultivados en tres sustratos: sustrato de vivero, tierra de un yerbal en producción hace más de 50 años (Y50) y tierra de un yerbal en producción hace 6 años (Y6). Se ensayaron seis tratamientos de fertilización empleando las cepas PGPB *Bacillus altitudinis* 19RS3, *B. altitudinis* T5S-T4, la combinación de ambas (19RS3+T5S-T4), *Azospirillum brasilense* sp.245 (control positivo biológico), Basacote®Mini13-6-16+14MgO+10S (control positivo químico), y un control sin fertilizar. Luego de 120 días se tomaron muestras de las hojas (además de una muestra inicial). Se obtuvieron espectros a partir de las hojas secas y molidas utilizando un espectrofotómetro FTIR modelo IRSpirit (Shimadzu Corporation, Japan) con accesorio QATR-S con ventana de seleniuro de zinc. Se registraron valores de transmitancia entre 600-4600cm⁻¹ para cada muestra (resolución de 4cm⁻¹ y apodización de Happ-Genzel) mediante el software LabSolutions IR v2.3. Se suavizó cada espectro empleando un filtro de

Savitzky-Golay usando 20 puntos, y se normalizaron en 2500cm⁻¹. Se identificaron picos característicos para polifenoles, cafeína, azúcares (carbohidratos y polisacáridos), compuestos estructurales (celulosa, hemicelulosa y lignina) y saponinas. Se diferenciaron dos zonas, correspondientes a las regiones entre 4000-2800cm⁻¹ y entre 1750-800cm⁻¹. En la primera, se detectaron picos asociados a compuestos polifenólicos y cafeína, mientras que en la segunda se detectaron principalmente picos asociados a la presencia de azúcares, polisacáridos y polímeros como la celulosa. Para el sustrato de vivero, el tratamiento 19RS3+T5S-T4 fue el que presentó los valores de picos más altos para los cinco tipos de compuestos estudiados. Para el tratamiento en tierra Y6, todos los tratamientos con las bacterias PGPB en estudio (19RS3, T5S-T4 y combinado) presentaron los valores

FTIR, ILEX PARAGUARIENSIS, POLIFENOLES, BIOFERTILIZANTES, SUELO

23/BM

EXPLORACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE ACTIVIDADES ENZIMÁTICAS EXTRACELULARES DE ALTO VALOR BIOTECNOLÓGICO EN ACTINOBACTERIAS

RAIMONDO, ENZO E.^{A,B}; BAZÁN, LUCAS A.^A; PISA, JOSÉ H.^{A,C}; FUENTES, MARIA S.^A; BENIMELI, CLAUDIA S.^{A,D}.

a) Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. Tucumán, Argentina.

b) Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán (FBQF-UNT). Tucumán, Argentina.

c) Universidad de San Pablo - Tucuman (USPT)

d) *Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca. Catamarca, Argentina.*

soledadfs@gmail.com

Las actinobacterias son bacterias Gram positivas o Gram variables que, históricamente, han sido reconocidas por su capacidad para producir metabolitos con aplicaciones en medicina humana, agricultura y veterinaria. No obstante, en los últimos años ha crecido el interés por su potencial para secretar enzimas extracelulares con aplicaciones en industrias emergentes, lo que las posiciona como candidatas clave en procesos de biocatálisis. La identificación de actividades enzimáticas en cepas novedosas resulta fundamental, ya que permite detectar microorganismos con valor estratégico para futuros desarrollos biotecnológicos. El objetivo del trabajo fue analizar el potencial de actinobacterias aisladas de diferentes ambientes para producir enzimas extracelulares de interés industrial, médico y/o farmacológico. Para ello, se trabajó con cepas pertenecientes a la colección de cultivo del Laboratorio de Biotecnología de Actinobacterias, evaluándose la producción de queratinasa, fosfolipasa, proteasa, asparaginasa, tirosinasa y lacasa. La detección de estas actividades se realizó en placas de Petri con medios de cultivo sólidos suplementados con sustratos específicos: pluma de pollo molida, yema de huevo, leche descremada, asparagina, tirosina y guayacol, respectivamente. Las cepas se sembraron por punción y se incubaron a 30 °C durante cinco días, incluyendo los controles adecuados. La expresión de las actividades enzimáticas se evidenció mediante la aparición de halos de hidrólisis en los ensayos de queratinasa, fosfolipasa y proteasa, un halo rojo en el caso de asparaginasa y un cambio de coloración en la colonia para tirosinasa y lacasa. Para las tres primeras actividades, se calculó el Índice Enzimático (IE) como la relación entre el diámetro del halo y el diámetro de la colonia, el cual se utilizó como indicador del potencial productor de enzimas de cada cepa. De las 36 cepas

evaluadas, todas expresaron al menos una de las actividades enzimáticas analizadas, con excepción de las cepas ER6 y A6, que no manifestaron actividad en las condiciones y medios de cultivo utilizados. Las actividades más frecuentes fueron proteasa (77,8 %) y fosfolipasa (63,9 %), mientras que la menos representada fue lacasa (19,4 %). En los casos donde se determinó el IE, los valores oscilaron entre 1,2 y 4,0, destacándose la actividad proteasa por presentar los índices más elevados. Si bien no se calculó el IE para asparaginasa, las cepas positivas exhibieron una intensa coloración roja alrededor de la colonia. Ninguna cepa produjo simultáneamente todas las enzimas evaluadas; sin embargo, seis de ellas expresaron cinco de las seis actividades analizadas. Entre estas, la cepa ER4 se destacó por exhibir los valores más altos de IE en la mayoría de las actividades. Por su parte, la cepa ER17 mostró una notable actividad lacasa, evidenciada por la intensa coloración oscura desarrollada en su colonia. Los resultados obtenidos demuestran la notable versatilidad enzimática de las actinobacterias estudiadas, resaltando su potencial biotecnológico. Este potencial adquiere mayor relevancia si se considera que las enzimas evaluadas presentan aplicaciones tanto en el ámbito ambiental como en áreas de salud e industria farmacéutica.

ACTINOBACTERIAS, ENZIMAS EXTRACELULARES, ÍNDICE ENZIMÁTICO, SCREENING ENZIMÁTICO, INDUSTRIA FARMACÉUTICA

24/BM

ESCOVOPSIS COMO ENTOMOPATÓGENO DE LAS HORMIGAS CORTADORAS DE HOJAS DEL GÉNERO ACROMYRMEX EN EL DESARROLLO DE BIOINSUMOS

**PEDROZO, TANIA T. ^{A,B}; CABRAL, AGUSTIN^A;
BARENGO, MARCELA P. ^{A,B}; BICH, GUSTAVO A.
^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D. ^{A,B}; VILLALBA, LAURA L.
^A; CASTRILLO, MARIA L. ^{A,B}.**

a) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

b) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.*

taniatamarapedrozo@gmail.com

Las hormigas cortadoras de hojas del género *Acromyrmex* mantienen una asociación simbiótica con un hongo mutualista del género *Leucoagaricus*, que cultivan como fuente de alimento. En este contexto, hongos del género *Escovopsis* son micoparásitos especializados que invaden y degradan el hongo simbiote, afectando indirectamente la supervivencia de la colonia. Una estrategia innovadora de control biológico surge al explotar su capacidad natural para interferir con el mantenimiento del jardín fúngico. *Escovopsis* además de su rol micoparásito en los jardines de hongos de las hormigas, podría presentar un efecto entomopatógeno directo sobre los individuos del nido, que potenciaría su rol biocontrolador y multifuncional. De esta manera con el objetivo de evaluar la capacidad multifuncional de *Escovopsis* mediante su efecto entomopatógeno frente a las hormigas cortadoras de hojas se realizaron ensayos de antagonismo in vitro frente a hormigas cortadoras de hojas del género *Acromyrmex*. Cada bioensayo consistió en 20 individuos adultos. Cada insecto fue inoculado con una suspensión de esporas de los aislamientos *Escovopsis* HEP25 y HMP8 ($1-2 \times 10^7$ esporas/mL). Como control positivo se inocularon a las hormigas con suspensiones de esporas de los aislamientos entomopatógenos *Beauveria* HEP1 y HEP13, en las mismas condiciones. Como control negativo, las hormigas fueron tratadas con una solución acuosa estéril de Tween 80 (0,1

% v/v). El criterio de evaluación de los tratamientos ensayados fue el número de insectos muertos por unidad de tiempo. Los datos obtenidos se analizaron mediante un ANOVA utilizando el software STATGRAPHICS Centurion XV.II. Se aplicó el método LSD de Fisher con un nivel de 95,0 % de confianza, y una prueba de múltiples rangos para determinar diferencias estadísticamente significativas entre los ensayos. Se calcularon los parámetros de tiempo letal medio (TL_{50} , en días) y noventa (TL_{90} , en días), mediante pruebas de regresión con el programa estadístico GraphPad Prims 8. Se observó que la aplicación de los aislamientos micoparásitos *Escovopsis* HEP 25 y HMP 8 disminuyó la supervivencia de las hormigas con diferencias estadísticamente significativas frente a los controles negativos, al igual que los aislamientos entomopatógenos. En los análisis de regresión, el aislamiento *Escovopsis* HEP 25 mostró un $TL_{50} = 5,86$ y un $TL_{90} = 8,89$ y HMP 8 un $TL_{50} = 5,29$ y $TL_{90} = 9,92$, para la concentración ensayada. *Beauveria* HEP 1 presentó un valor de $TL_{50} = 4,99$ y un $TL_{90} = 6,6$, mientras que HEP 13 presentó un valor de $TL_{50} = 5,06$ y $TL_{90} = 5,78$. Se verificó que las cepas estudiadas presentaron capacidad biocontroladora sobre los insectos plaga. Se destaca que las cepas de *Escovopsis* HEP25 y HMP8.

BIOCONTROL, HORMIGAS CORTADORAS, HONGOS MICOPARASÍTICOS, HONGOS ENTOMOPATÓGENOS, PLAGAS

CEPAS NATIVAS DE BEAUVERIA BASSIANA COMO AGENTES BIOCONTROLADORES FRENTE A HONGOS FITOPATÓGENOS DE CULTIVOS AGRÍCOLAS Y FORESTALES

DUARTE, FACUNDO H. ^{A,B}; PEDROZO, TANIA T. ^{A,B}; BICH, GUSTAVO A. ^{A,B}; CASTRILLO, MARIA L. ^{A,B}.

a) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

b) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.*

mlc_827@hotmail.com

El control biológico surge como una alternativa biotecnológica sostenible frente a una urgente necesidad de reducir el uso de pesticidas químicos que presentan efectos negativos en la salud humana y el medio ambiente. *Beauveria bassiana* es un hongo ampliamente utilizado como agente biocontrolador gracias a su alta capacidad de infectar diversas especies de insectos. Además, se han reportado cepas de esta especie que presentan la capacidad de inhibir el crecimiento de hongos fitopatógenos mediante la secreción de metabolitos. La identificación de microorganismos con múltiples capacidades biocontroladoras resulta fundamental para el desarrollo de bioinsumos más eficientes. Para ello, como primer paso es necesario validar experimentalmente el potencial multifuncional del agente biocontrolador. El presente trabajo buscó evaluar la capacidad micopatógena de cuatro cepas de *B. bassiana* nativas de la provincia de Misiones, frente a aislamientos fúngicos fitopatógenos de cultivos agrícolas y forestales pertenecientes a los géneros *Fusarium* y *Alternaria*. Las cepas de *Beauveria* en estudio, codificadas como LBM216, LBM211, LBM192 y LBM283, fueron previamente aisladas, identificadas, y seleccionadas por su capacidad entomopatógena sobre los principales insectos plaga de la región. La evaluación fue realizada a través de diferentes ensayos microbiológicos in vitro: detección del antagonismo por cultivo dual, producción

de metabolitos difusibles y producción de metabolitos volátiles. Los ensayos fueron realizados en placas de Petri conteniendo medio de cultivo PDA 3,9%, inoculando discos de micelio fúngico de las cepas biocontroladoras y de los fitopatógenos. El ensayo de antagonismo consistió en inocular un disco de cada cepa biocontroladora en el centro de la placa y dos discos de los patógenos en los extremos. Para la detección de metabolitos difusibles se sembró a cada cepa biocontroladora sobre un disco de papel celofán que actuó a modo de membrana, evitando el contacto directo con el medio; luego de 3 días se retiró el celofán y se inoculó un disco de micelio de los fitopatógenos sobre el medio. Para la detección de metabolitos volátiles se dividió el medio de cultivo en dos regiones independientes mediante un surco central, y en ellas se sembró a cada cepa biocontroladora y fitopatógena. Cada ensayo se realizó por triplicado y se incluyeron controles negativos. Se registró el crecimiento radial diario de las colonias de los fitopatógenos en los enfrentamientos y en los controles sin interacción, y se realizó un análisis estadístico mediante el software Statgraphics Centurion XV incluyendo ANOVA simple y multifactorial. Los resultados indicaron que todas las cepas de *B. bassiana* lograron inhibir el crecimiento de ambos fitopatógenos in vitro, observándose diferencias estadísticamente significativas y alcanzando índices de inhibición entre 10,6% y 31,7%. Se logró determinar que la inhibición del crecimiento de los patógenos fue causada principalmente por la producción de metabolitos difusibles con efectos antifúngicos, secretados por las cepas biocontroladoras, ya que la producción de metabolitos volátiles no generó un efecto inhibitorio significativo. Se concluye que las cepas de *B. bassiana* en estudio presentan potencial como agentes de control biológico de hongos fitopatógenos, además de su efecto.

HONGOS MULTIFUNCIONALES, DETECCIÓN DE METABOLITOS, CONTROL BIOLÓGICO

DIVERSIDAD MICROBIANA EN RAÍZ DE LÍNEAS ENDOCRÍADAS DE GIRASOL ASOCIADA A LA RESISTENCIA AL MARCHITAMIENTO POR *VERTICILLIUM DAHLIAE*: INFLUENCIA DEL GENOTIPO

BEN GUERRERO, EMILIANO^A; LASA, ANA V.^B; FERNANDEZ-GONZALES, ANTONIO^B; AGUILERA, PABLO; MARTINEZ, MARIA C.^C; MERCADO-BLANCO, JESUS^B; FERNÁNDEZ LÓPEZ, MANUEL^B; PANIEGO, NORMA^D.

a) INTA

b) Departamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, España.

c) Instituto de Biotecnología-Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, IABIMO UEDD INTA-CONICET, CICVyA, CNIA

d) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

emibenguerrero@gmail.com

La marchitez por *Verticillium* (MV) del girasol, causada por el hongo de suelo *Verticillium dahliae* Kleb., representa una de las principales enfermedades del cultivo en Argentina. El control de la enfermedad se basa en el empleo de híbridos comerciales resistentes. Recientemente, el auge del estudio de ecosistemas microbianos mediante el uso de nuevas tecnologías de secuenciación puso en relevancia la contribución del microbioma del suelo y de la planta en la sanidad vegetal. El objetivo de este trabajo consiste en estudiar el efecto del genotipo sobre la composición y estructura de la comunidad bacteriana y fúngica presente en la raíz de dos líneas endocriadas (LEs) de girasol, que difieren en su resistencia a la MV: RHA 266 (origen francés) susceptible y PMA26 (de INTA) resistente. Se realizó un ensayo de infección en condiciones controladas por

inmersión de raíces en una suspensión de conidios de *V. dahliae* Colón (raza 1 de girasol). Se tomaron muestras de raíces a 0, 17 y 30 días postinfección. La diversidad microbiana presente en la raíz se estudió mediante secuenciación masiva de la región V3-V4 del ARNr y el ITS2. A partir del estudio de dinámica temporal, se observó una comunidad bacteriana y fúngica diversa en la raíz de ambos genotipos. Las mayores diferencias se observaron para los valores de los índices de diversidad beta, revelando que el tiempo de muestreo tuvo un mayor efecto en la comunidad bacteriana que en la comunidad fúngica. El microbioma de las LEs infectadas mostró cambios importantes con respecto al microbioma de las mismas líneas sin inocular. En la línea susceptible RHA266 el género *Olpidiaster* es el predominante mientras que para la resistente PMA26 se observó una mayor diversidad de géneros a lo largo del tiempo. Para ambas LEs, los filos bacterianos predominantes en raíz fueron *Pseudomonadota*, *Bacteroidota*, *Verrucomicrobiota* y *Actinomycetota*. A nivel de género, la comunidad estuvo representada principalmente por: *Flavobacterium*, *Methylophilus*, *Pseudomonas*, *Sphingobium*, *Cellvibrio* y *Streptomyces*. Por otro lado, los filos fúngicos mayoritarios fueron *Olpidiomycota*, *Ascomycota* y *Basidiomycota*. Estos resultados muestran la influencia del genotipo de girasol en la diversidad de la comunidad microbiana de la raíz infectada por *V. dahliae*. En ese sentido, los factores de resistencia del genotipo podrían desempeñar un papel en el reclutamiento diferencial de microorganismos con potencial comportamiento antagonista a *V. dahliae*. Este estudio sienta las bases para la selección de genotipos en el programa de mejoramiento de girasol teniendo en cuenta las características del microbioma de la raíz para la resistencia a enfermedades. Por otro lado, permitiría contribuir al desarrollo de bioinsumos para el control biológico de *V. dahliae* mediante el uso de microorganismos específicos.

RESISTENCIA GENÉTICA, SECUENCIACIÓN

CARACTERIZACIÓN TÉRMICA Y DE pH EN NIDOS DE ACROMYRMEX: IMPLICANCIAS PARA LA APLICACIÓN DE BIOINSUMOS A BASE DE HONGOS BIOCONTROLADOS

BOAGLIO, MARIA V.^{A,B}; BARENGO, MARCELA P.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; VILLALBA, LAURA L.^A; CASTRILLO, MARIA L.^{A,B}; BICH, GUSTAVO A.^{A,B}.

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

boagliomariavictoria@gmail.com

Las hormigas de los géneros Atta, Acromyrmex y Amoimyrmex, comúnmente conocidas como hormigas cortadoras de hojas (HCH), recolectan material vegetal fresco que utilizan como sustrato para cultivar su hongo simbionte (*Leucoagaricus gongylophorus*). Este hongo es mantenido en una estructura dentro de los hormigueros conocida como "honguera". Aunque las HCH han sido estudiadas por su impacto como plagas agrícolas, su papel como modificadoras del ambiente edáfico ha recibido menor atención. Las HCH son consideradas ingenieras del ecosistema por su capacidad de modificar las propiedades físicas, químicas y biológicas del suelo mediante la excavación de galerías, acumulación de materia orgánica y redistribución de par-

tículas entre horizontes. No obstante, las modificaciones del suelo asociadas a HCH en Misiones aún no han sido estudiadas en profundidad. Esto resulta relevante en el contexto del manejo integrado de plagas, ya que el control biológico mediante cepas fúngicas —una alternativa prometedora frente al uso de agroquímicos— requiere condiciones específicas para su desarrollo favorable, como pH ligeramente ácido y temperatura ambiente, parámetros que podrían verse modificados por la actividad de estas hormigas. Con el objetivo de evaluar diferencias en el pH y temperatura entre el interior del hormiguero de las HCH y el suelo circundante, se muestrearon cuatro nidos activos durante abril de 2025: dos en Posadas y dos en el municipio de Garupá, pertenecientes al Departamento Capital (Misiones, Argentina). De cada hormiguero se tomaron, por duplicado, muestras de la honguera y del suelo ubicado a un metro del nido. Para medir el pH, cada muestra fue diluida en agua destilada estéril (1:2) y analizada con un pHmetro Apera-PH700. Las temperaturas de la honguera y del suelo circundante fueron registradas con un termómetro de vidrio con columna de alcohol, que mide la temperatura por contacto y un termómetro infrarrojo al momento del muestreo. Además, se recolectaron en alcohol 70% diez obreras por nido para su identificación mediante claves taxonómicas y lupa estereoscópica Leica-MZ6. Esta metodología permitió determinar que los cuatro hormigueros correspondían al género *Acromyrmex*. En todos los casos, la temperatura fue mayor en las hongueras que en el suelo circundante: 1) Hormiguero 1: $25,1 \pm 1,20$ °C (honguera) y $22,7 \pm 0,64$ °C (suelo); 2) Hormiguero 2: $24,15 \pm 1,20$ °C (honguera) y $22,53 \pm 0,46$ °C (suelo); 3) Hormiguero 3: $24,35 \pm 0,49$ °C (honguera) y $21,93 \pm 0,81$ °C (suelo); 4) Hormiguero 4: $22,5 \pm 0,70$ °C (honguera) y $21,55 \pm 0,64$ °C (suelo). Respecto al pH, se registraron valores más bajos en las hongueras: 1) Hormiguero 1: $4,70 \pm 0,16$ (honguera) y $5,67 \pm 0,12$ (suelo); 2) Hormiguero 2: $4,74 \pm 0,14$ (honguera) y $5,26 \pm 0,12$ (suelo); 3) Hormiguero 3: $4,67 \pm 0,04$ (honguera) y $5,26 \pm 0,12$ (suelo).

ra) y $5,96 \pm 0,19$ (suelo); 4) Hormiguero 4: $4,98 \pm 0,08$ (honguera) y $5,31 \pm 0,01$ (suelo). Estas observaciones muestran una tendencia hacia temperaturas más elevadas y pH más ácido en las hongueras frente al suelo circundante. Estas diferencias podrían estar asociadas a la actividad metabólica del hongo cultivado y de las hormigas, lo cual justifica ampliar el muestreo para confirmar estas tendencias y comprender con mayor profundidad la dinámica microambiental de los hormigueros de esta región.

PLAGAS AGRÍCOLAS, AMBIENTE EDÁFICO, HONGUERAS

28/BM

PERSPECTIVAS DEL ENTOMOPATÓGENO *ENGYODONTIUM ARANEARUM* COMO HERRAMIENTA BIOTECNOLÓGICA PARA LA DEGRADACIÓN DE POLÍMEROS

GOICOCHEA, MIKEL^A; CASTRILLO, MARIA L. ^{A,B}; BICH, GUSTAVO A. ^{A,B}.

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

gustavobich@gmail.com

El género *Engyodontium* comprende seis especies de hongos Ascomycetes con amplia distribución global, incluyendo hábitats naturales y artificiales. La especie *Engyodontium album* ha sido previamente identificada en algunos trabajos como un biodegradador de

polímeros como el plástico polipropileno, lo que plantea la posibilidad de que la especie emparentada *E. araneorum* comparta características similares. El polipropileno es el segundo plástico más utilizado a nivel mundial y es altamente resistente a la degradación, contribuyendo significativamente a la acumulación de residuos plásticos en el ambiente. El presente trabajo tiene como objetivo el aislamiento e identificación morfológica y microscópica de una cepa del género *Engyodontium*, como base para estudios futuros destinados a evaluar su potencial biodegradador de polipropileno. Para el aislamiento del hongo entomopatógeno se seleccionaron insectos parasitados, específicamente arañas *Pholcus phalangioides*, observando su estado de infección fúngica. Las muestras fueron recolectadas en condiciones controladas y procesadas bajo ambiente estéril. Se realizó la inoculación en medios de cultivo tradicionales para hongos, como Papa Dextrosa Agar (PDA), permitiendo el desarrollo de estructuras fúngicas. Las placas inoculadas fueron incubadas a 28°C durante un período de 5 a 14 días, observando el crecimiento de colonias compatibles con *Engyodontium* spp. Posteriormente, se llevaron a cabo resiembras en medios frescos para asegurar la pureza del cultivo y evaluar la estabilidad de la cepa en distintos sustratos de cultivo. Para la identificación del hongo, se emplearon técnicas de caracterización morfológica y microscópica. A nivel macroscópico, se analizaron la textura, pigmentación y velocidad de crecimiento de las colonias. A nivel microscópico, se prepararon muestras teñidas con lactofenol azul de algodón para la observación detallada de estructuras reproductivas bajo microscopía óptica. Se identificaron hifas septadas, conidióforos y conidios compatibles con el género *Engyodontium*. En este estudio, se realizó el aislamiento de *E. araneorum* a partir de muestras de arañas *P. phalangioides*, sobre las cuales actúa como un patógeno natural con una tasa de mortalidad del 100%. La cepa obtenida fue caracterizada morfológica y

microscópicamente, confirmando su identidad preliminar, aunque la validación molecular está pendiente. La colonia fúngica aislada presentó una coloración blanca en su anverso y reverso y de apariencia algodonosa. Microscópicamente presentó un micelio septado portando conidióforos en forma de dentículas estrechas portando conidias de aproximadamente 3 μ m en raquis característicos de este género fúngico. Se evaluó su crecimiento en distintos medios de cultivo, observándose una rápida generación de biomasa, alta adaptabilidad y resistencia a la contaminación. A futuro, se plantea la evaluación de su capacidad biodegradadora de plásticos, particularmente polipropileno, mediante pruebas de adhesión y formación de biofilms, así como la producción de enzimas extracelulares.

HONGO ENTOMOPATÓGENO, BIODEGRADACIÓN, PLÁSTICOS, POLIPROPILENO

30/BM

NANOARQUEOSOMAS COMO PLATAFORMA BIOTECNOLÓGICA PARA VACUNAS A SUBUNIDAD EN AVES: FORMULACIÓN Y CARACTERIZACIÓN IN VITRO

DE ROSA, JAVIER E.^A; YASYNSKA, OLENA^B; VALDEZ, AGUSTINA R.^B; RIZZI, LUCIA^A; GRAVISACO, MARÍA J.^A; MORILLA, MARÍA J.^B; ROMERO, EDER L.^B; BERINSTEIN, ANALÍA^A; GÓMEZ, EVANGELINA^A; LUCERO, MARÍA S.^A.

a) Laboratorio de Inmunología y Vacunas Aviares, Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA-CONICET), Buenos Aires, Argentina.

b) Centro de Investigación y Desarrollo en Nanomedicinas, Departamento de Ciencia y Tecno-

logía, Universidad Nacional de Quilmes, Buenos Aires, Argentina

derosa.javier@inta.gob.ar

Las vacunas a subunidad en aves representan una estrategia eficaz y segura para el control de enfermedades infecciosas, aunque requieren adyuvantes que potencien su inmunogenicidad. Entre los adyuvantes de nueva generación se encuentran los nanoarqueosomas (ARC), preparados a partir de arqueolípidos de *Halorubrum tebenquichense*, desarrollados en el CI-DeN-UNQ. Estas nanovesículas poseen un lípido mayoritario que es ligando del receptor Scavenger A1 expresado en la membrana de células presentadoras de antígenos. Los ARC son estables y muy versátiles, ya que además de poder asociar antígenos de interés o moléculas como imiquimod (IMQ), un agonista del receptor 7 de tipo Toll endosomal. Trabajos previos demostraron que el empleo de dichas nanovesículas en estrategias de direccionamiento específico de antígenos e inmunomoduladores, inducen respuestas inmunes robustas. Hasta el momento no existen reportes sobre la utilización de nanoarqueosomas en el modelo aviar. Por ello, nos propusimos caracterizar estructuralmente y funcionalmente formulaciones de ARC cargadas con IMQ y el antígeno VP2, que es la proteína de cápside del virus de la enfermedad infecciosa de la Bursa (IBDV), patógeno que causa inmunosupresión e interferencia en la vacunación. En nuestro laboratorio expresamos VP2 recombinante por agroinfiltración en *Nicotiana benthamiana*, y la purificamos mediante gradiente discontinuo de sacarosa para utilizarlo en la formulación vacunal. Los ARC se prepararon por el método de hidratación de película lipídica, obteniendo nanovesículas estables (670 nm de tamaño y potencial ζ de -39 mV), con alta eficiencia de encapsulación de IMQ (74%), y se confirmó la presencia de VP2 asociada a las mismas por SDS-PAGE y Western Blot. Luego, se realizó el estudio in vitro de combinaciones de las formulaciones de ARC, IMQ y VP2, utilizando la línea celular

de macrófagos aviares HD-11. En primer lugar, para evaluar citotoxicidad mediante un ensayo de XTT, se cultivaron los macrófagos a una densidad de $1,5 \times 10^5$ cel/cm² a 41°C por 24 hs con concentraciones crecientes de nanoarqueosomas (31 a 1000 µg/mL de fosfolípidos). Se determinó un umbral de tolerancia hasta 500 µg/mL de fosfolípidos y 175 µg/mL de IMQ, observándose en esta concentración una reducción del 20% de viabilidad celular. Finalmente se evaluó el nivel de captura de los nanoarqueosomas marcados con rodamina:PE, en cultivos de HD-11, a una densidad de 1×10^5 cel/cm² a 41°C por 4 hs, analizando las células por citometría de flujo. Para las ARC asociadas a IMQ y VP2, se observó un aumento de más del doble en la mediana del índice de fluorescencia media ($7,78 \pm 0,33$) respecto a los controles negativos de captura a 4°C ($3,87 \pm 0,20$). Se demostró por primera vez que las formulaciones evaluadas de ARC son internalizadas por macrófagos aviares. En conclusión, en este trabajo se reporta el uso de formulaciones de nanoarqueosomas con IMQ y el antígeno viral VP2 en macrófagos aviares. Aunque restan más ensayos in vitro e in vivo por realizar, para evaluar de manera integral el efecto inmunomodulador, se puede resaltar que la plataforma de ARC constituye una novedosa herramienta para el desarrollo de vacunas a subunidad de nueva generación en avicultura.

NANOARQUEOSOMAS, ADYUVANTES, VACUNAS AVIARES, IBDV

31/BM

UTILIZACIÓN DE RAPD-PCR PARA LA DIFERENCIACIÓN DE ESPECIES DE LEVADURAS VÍNICAS AUTÓCTONAS AISLADAS DE

LOS CULTIVARES TANNAT

CORRADO, MARÍA B.^A; NIETO CENTURION, MARÍA C.^A; DAVIES, CRISTINA V.^A; DALZOTTO, MARÍA G.^{A,B}; SOLDA, CARINA A.^A; GERARD, LILIANA M.^A.

a) Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos, Concordia, E. Ríos.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

belen.corrado@uner.edu.ar

En la industria enológica, las levaduras desempeñan un papel fundamental, especialmente las cepas autóctonas de *Saccharomyces cerevisiae*, ampliamente reconocidas por su protagonismo en la fermentación alcohólica. En los últimos años, también ha ganado importancia el uso de cepas nativas de *Pichia kudriavzevii*, debido a su capacidad para mejorar diversos atributos sensoriales y tecnológicos de los vinos. La diferenciación entre cepas permite optimizar tanto el proceso fermentativo como la calidad final del producto. Con esta finalidad, se utilizó la técnica molecular de amplificación aleatoria del ADN polimórfico usando la reacción en cadena de la polimerasa (RAPD-PCR). Esta permite medir la variabilidad genética entre individuos de una misma especie o especies diferentes. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar intraespecíficamente cepas de *S. cerevisiae* y *P. kudriavzevii*, previamente aisladas, identificadas y caracterizadas provenientes de cultivos de uvas Tannat de la ciudad de Concordia, Entre Ríos. Se realizaron las PCR para las 47 cepas de levaduras utilizando los cebadores OPA9 y el M13 para las identificadas como *P. kudriavzevii* y *S. cerevisiae*, respectivamente. El producto se detectó en gel de agarosa (2% p/v) y bromuro de etidio (concentración final 0,4 µg/mL) con buffer TBE 1X, utilizando marcador de 100pb. A partir de la lectura de las amplificaciones generadas, se construyó una matriz binaria de presencia (1) y ausencia (0) de la banda, con la cual

se calculó el índice de similitud Dice y la transformación raíz cuadrada de (1-similitud). Para su interpretación se realizó una representación gráfica en un dendograma, utilizando el método de agrupamiento jerárquico de pares de media aritmética no ponderada (por sus siglas en inglés UPGMA). Todos los cálculos se realizaron mediante el paquete estadístico Info-Gen. El dendograma filogenético muestra las relaciones genéticas entre las cepas ensayadas. Se distinguieron 16 grupos de cepas de *S. cerevisiae* aisladas de uvas Tannat, todos dentro del conglomerado 1, excepto la cepa T43, que difiere del resto al ubicarse en el conglomerado 2. Ambos conglomerados se agrupan con un 86% de similitud en el rango de distancias observadas. Por otra parte, las cepas T115-T99 y T95-T94 son iguales entre pares. Se identificaron 2 grupos de aislados de *P. kudriavzevii* provenientes de uvas Tannat en el conglomerado 1 y 5 en el conglomerado 2. Estos se diferencian claramente, ya que se unen recién a una distancia superior al 96% del rango observado. Las cepas T83-T84, T85-T86 y T105-T106-T107 resultaron idénticas entre sí. En general, los resultados evidencian una notable diversidad dentro de los aislados, aunque la similitud entre la mayoría de los patrones indica un grado notable de proximidad genética. Por otro lado, dentro del total de las cepas analizadas, las que resultaron idénticas son escasas. El presente estudio reveló que fue posible caracterizar intraespecíficamente cepas de *S. cerevisiae* y *P. kudriavzevii* provenientes de cultivos de uvas Tannat de la ciudad de Concordia, Entre Ríos. Asimismo, se evidenció que la diversidad genética presente dentro de estas cepas podría ser aprovechada para desarrollar vinos con perfiles sensoriales distintivos, representativos de las condiciones locales de cultivo.

LEVADURAS NATIVAS, RAPD-PCR, VARIABILIDAD GENÉTICA, TANNAT

EVALUACIÓN DE MECANISMOS DE INHIBICIÓN DE ACTINOMYCETOTAS NATIVAS DE MISIONES FRENTE A PATÓGENOS DE YERBA MATE

AZNAR, SILVINA S.^{A,B*}; VERESCHUK, MANUELA L.^A; FUENTES, MARIA S.^C; ALVARENGA, ADRIANA E.^{A,B}.

a) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

b) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.*

c) *Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, (PROIMI-CONICET).*

silvina.soledad.aznar@gmail.com

La yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) es un cultivo de gran importancia económica, social y cultural en el nordeste argentino, particularmente en la provincia de Misiones. En las últimas décadas, el aumento de la demanda ha intensificado las prácticas de manejo, lo que ha favorecido la aparición de diversos problemas fitosanitarios, particularmente enfermedades fúngicas. En este contexto, el control biológico representa una alternativa sustentable y eficaz al uso de fungicidas sintéticos. Entre los agentes de biocontrol, las actinomicetotas, particularmente del género *Streptomyces*, destacan por su capacidad de inhibir patógenos a través de múltiples mecanismos, como la producción de metabolitos antimicrobianos (antibióticos y compuestos volátiles orgánicos), enzimas hidrolíticas y sideróforos, que les permiten competir por nutrientes esenciales. El objetivo de este trabajo fue evaluar los mecanismos de biocontrol de doce aisla-

mientos de bacterias rizosféricas nativas de Misiones. Estos fueron seleccionados previamente mediante pruebas in vitro de antagonismo dual frente a tres fitopatógenos de yerba mate: *Fusarium* sp., *Alternaria* sp. y *Ceratobasidium niltonsouzanum*. Para ello, se detectó cualitativamente la producción de sideróforos y de enzimas líticas (proteasas, quitinasas y lipasas). Además, se determinó in vitro la producción de metabolitos difusibles y volátiles, utilizando *Fusarium* sp. como patógeno. Los resultados de los ensayos, realizados por triplicado, fueron analizados mediante ANOVA y prueba LSD de Fisher, correlación de Pearson y gráficos de dispersión utilizando el software InfoStat. Entre los doce aislamientos evaluados, cuatro presentaron halos en la prueba de proteasas, cinco en la prueba lipasas, y seis en la de quitinasas. Por otro lado, la mitad de los aislamientos evidenciaron halo en el medio para la determinación de sideróforos. Tres de ellos expresaron al menos tres mecanismos: OTA 312 (proteasas, lipasas y quitinasas), OTA 412 y OTA 412(2) (lipasas, quitinasas y sideróforos). En cuanto a la inhibición por metabolitos difusibles, se observaron diferencias significativas respecto al control, con inhibiciones superiores al 50%, destacándose OTA 425 (96,51%), OTA 426 (95,96%) y OTA 312 (94,71%). Para los metabolitos volátiles, también se detectaron diferencias significativas, aunque con inhibiciones más moderadas, mayormente entre 30% y 40%, lo que sugiere que el mecanismo predominante fue la producción de metabolitos difusibles. La correlación obtenida entre los mecanismos de inhibición ($r \approx -0,29$; $p > 0,05$) fue débil y no significativa, indicando que ambos mecanismos operan de manera independiente. Algunos aislamientos como OTA 522 y OTA 00A415, mostraron alta inhibición por volátiles, pero baja por difusibles, mientras que OTA 425 y OTA 426 fueron eficaces solo por vía difusible. Este estudio confirma el potencial biocontrolador de las actinomicetotas nativas de Misiones, y destaca la importancia de sus metabolitos como compuestos antimicro-

bios efectivos contra enfermedades del cultivo de yerba mate. Además, refuerza la necesidad de avanzar hacia ensayos controlados y a campo que permitan validar su eficacia y evaluar su aplicabilidad en el desarrollo de bioinsumos para una agricultura regional más sustentable.

ACTINOMYCETOTAS, CONTROL BIOLÓGICO, RIZÓSFERA, YERBA MATE, AGRICULTURA SUSTENTABLE

33/BM

HONGOS LEVADURIFORMES COMO BIOCONTROLADORES DE HONGOS FILAMENTOSOS FITOPATÓGENOS DE PLANTACIONES DE YERBA MATE EN MISIONES, ARGENTINA

BADER, CANDELA A.^A; CASTRILLO, MARIA L.^{B,C}; CHADE, MIRIAM E.^A.

a) *Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Cátedra de Micología "Dr. Carlos Malbran"*

b) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

c) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.*

mlc_827@hotmail.com

Las enfermedades fúngicas son una de las principales causas de la pérdida de productividad en yerba mate. Los agentes de biocontrol ofrecen una alternativa eficaz a los pesticidas químicos, contribuyendo con la sostenibilidad ambiental y el bienestar de los agricultores y consumidores. El grupo de trabajo ha aislado cepas fúngicas levaduriformes nativas con potencial biotecnológico. En el presente proyecto se

evaluó la capacidad inhibitoria de estas cepas levaduriformes seleccionadas sobre hongos fitopatógenos, empleando dos tratamientos in vitro diferentes que permitan determinar su efectividad en condiciones reales de cultivo. Como material biológico se utilizaron cuatro cepas fúngicas levaduriformes: dos cepas de *Pichia membranifaciens*, una de *Kluyveromyces marxianus* y una de *Debaryomyces hansenii*; y dos hongos filamentosos fitopatógenos: *Fusarium* sp. y *Alternaria* sp. Para evaluar la capacidad antagónica de las cepas levaduriformes sobre los hongos fitopatógenos, se empleó el medio Agar Sabouraud 40% (Agar Sb) y se ensayaron dos tratamientos diferentes. En el tratamiento A se utilizaron placas de Petri con Agar Sb y se inocularon sembrando 3 estrías rectas y paralelas de: cepa fitopatógena – cepa levaduriforme – cepa fitopatógena. En el tratamiento B se utilizó Agar Sb atemperado e inoculado con una suspensión de cada cepa levaduriforme a una concentración de $1-2 \times 10^7$. Una vez solidificado se inoculó un disco de micelio de cada hongo fitopatógeno en el centro de la placa. En ambos tratamientos se realizaron controles negativos, los cuales consistieron en el mismo procedimiento, pero sin la siembra de las cepas levaduriformes. Todos los ensayos se realizaron por duplicado y se incubaron durante 10 días a $28 \pm 1^\circ\text{C}$, con observaciones diarias y registro de su crecimiento. Los datos obtenidos fueron analizados estadísticamente mediante análisis de varianza (ANOVA) utilizando statgraphic centurión. El análisis ANOVA mostró que tanto el día como el tipo de ensayo influyeron significativamente en el crecimiento de los hongos fitopatógenos (diámetro), en ambos tratamientos. Por lo que todas las cepas fúngicas levaduriformes ensayadas generaron biocontrol sobre las cepas fitopatógenas. En el tratamiento B se observó una interacción significativa entre ambos factores y se determinó que la cepa levaduriforme *K. marxianus* fue la que inhibió el crecimiento de ambas cepas fitopatógenas con diferencias estadísticamente significativas frente a

las demás cepas levaduriformes. Por lo tanto, el Tratamiento B fue el más efectivo, mostrando resultados más consistentes, claros y correlacionados a la metodología necesaria para evaluar in vitro la capacidad antagónica de cepas levaduriformes frente a cepas fitopatógenas y la cepa levaduriforme *K. marxianus* mostró tener mejor potencial de biocontrol frente a los hongos fitopatógenos evaluados.

ANTAGONISMO, AGAR SABOURAUD, IN VITRO

34/BM

EVALUACIÓN SENSORIAL DE PANIFICADOS ELABORADOS CON XILANASAS Y LACASAS RECOMBINANTES

MOLINA, MELISA A.^{A,B}; SCHÖEDER, NOELIA M.^{A,B}; MILDE, LAURA^C; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; SGROPPO, SONIA C.^D; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}.

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.

c) Cátedra de Química Biológica, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Universidad Nacional de Misiones (UNaM).

d) Laboratorio de Tecnología Química (FaCENA-IQUIBA-CONICET), Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.

antonella.molina.lesiw@gmail.com

La aplicación de enzimas recombinantes en la industria alimentaria ofrece una alternativa sostenible a los aditivos químicos tradicionales. En este estudio se evaluó el efecto de las enzimas xilanasas y lacasas recombinantes, obtenidas a partir de *Trichoderma atroviride* LBM 117 y *Phlebia brevispora* BAFC633, respectivamente,

sobre las propiedades sensoriales de panificados elaborados con harina de trigo. Ambos genes fueron clonados y expresados en la levadura GRAS *Kluyveromyces lactis* GG799, y tras su producción, purificación y caracterización, se utilizaron para formular panificados con diferentes concentraciones de enzimas. El objetivo principal de esta investigación fue determinar el efecto de la adición xilanas y lacasa recombinantes sobre propiedades organolépticas de panificados elaborados con harina de trigo. Para ello, se realizaron evaluaciones sensoriales con un panel de 129 consumidores habituales de panificados de trigo. Se emplearon escalas hedónicas no estructuradas y pruebas CATA (Check All That Apply) para recopilar datos sobre los diversos atributos sensoriales, "aspecto general", "color de la corteza y miga", "blandura", "sabor" y "aroma". Se aplicó el Test Q de Cochran para identificar diferencias significativas en la percepción sensorial, seguido del análisis de Bonferroni para determinar diferencias específicas entre las muestras. Los resultados mostraron que la incorporación de las enzimas recombinantes tuvo un impacto significativo en las propiedades de los panificados. En el análisis de los valores promedio de los atributos sensoriales elaborados con diferentes concentraciones de xilanas, se observó una mejor puntuación en "aspecto general del pan", "aroma" y "color de la corteza". Por su parte, según las frecuencias de calificación de las características, los panes fueron mayormente mencionados por tener "sabor intenso", "sabor a cocido", "sabor persistente" y "color suave". Por su parte, en la evaluación sensorial de panificados elaborados con lacasa recombinante, se obtuvo la puntuación más alta en el "aspecto general del pan", y en la CATA, los panificados tuvieron un mayor número de menciones para los descriptores calificados como "sabor intenso y a cocido". Esta investigación demuestra que el uso biotecnológico de enzimas provenientes de hongos nativos y expresadas en sistemas heterólogos constituye una estrategia prometedora para el desarrollo de productos

panificados innovadores, con valor agregado y aceptación por parte del consumidor.

ENZIMAS RECOMBINANTES, XILANASA, LACASA, EVALUACIÓN SENSORIAL, PANIFICADOS

35/BM

ROL PGPB Y CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE *BACILLUS ALTITUDINIS* SF5 PARA EL DESARROLLO DE BIOFERTILIZANTES PARA AMBIENTES CON PRESENCIA DE ARSÉNICO

PRÁMPARO, ROMINA P.^A; WEVAR OLLER, ANA L.^A; TORRES TEJERIZO, GASTÓN^B; PEREIRA, PAOLA P.^A; VEZZA, MARIANA^A; CABRERA, MARIA D.^B; CARDOZO, PAULA G.^C; TALANO, MELINA A.^A; AGOSTINI, ELIZABETH^A.

a) Universidad Nacional de Río Cuarto, Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS-CONICET), Córdoba.

b) Universidad Nacional de La Plata. Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM-CONICET), Buenos Aires.

c) Universidad Nacional de Río Cuarto, Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB-CONICET), Córdoba.

mtalano@exa.unrc.edu.ar

La biofertilización es uno de los pilares de la agricultura sostenible. En ambientes desfavorables, la coinoculación o inoculación múltiple resulta una estrategia superadora a la inoculación simple. Esta práctica permite combinar microorganismos con funciones complementarias, capaces no solo de promover el crecimiento vegetal, sino también de mitigar el estrés causado por contaminantes. En Argentina, la presencia de extensas áreas agrícolas con suelos naturalmente contaminados por arsénico

(As) exige el desarrollo de biofertilizantes que garanticen cultivos seguros y productivos. Además, crece el consenso en torno a la importancia de identificar adecuadamente los microorganismos utilizados en los biofertilizantes, sus propiedades funcionales y los métodos de aplicación. Previamente, la cepa bacteriana caracterizada como *Bacillus pumilus* SF5, presentó una tolerancia a As adecuada para uso agrícola y propiedades promotoras del crecimiento vegetal in vitro: solubilización de fosfato inorgánico y orgánico, producción de AIA y liberación de enzimas hidrolíticas aún en presencia de As. En este trabajo se realizaron ensayos en microcosmos, en soja (*Glycine max* L.), para evaluar el potencial ex vitro de esta cepa en coinoculación con el simbionte natural *Bradyrhizobium japonicum* E109 y en presencia de una mezcla 25 μ M de AsV/AsIII. Los resultados revelaron que, respecto a la inoculación simple con el simbionte en presencia de As, la coinoculación incrementó significativamente la longitud de la parte aérea, disminuyó signos de fitotoxicidad, mantuvo niveles elevados de clorofila y disminuyó la acumulación de As en parte aérea. No se registraron mejoras en la nodulación. Además, atenuó el estrés oxidativo inducido por As, redujo significativamente el contenido de polifenoles en raíces y parte aérea, generó acumulación de flavonoides en raíces y aumentó levemente los niveles de prolina en raíces y parte aérea. A nivel nutricional, la coinoculación favoreció la acumulación de boro (B) en raíces y aumentó los contenidos de B, Cu y Fe en la parte aérea bajo condiciones sin As. También tendió a mejorar la captación de P, Ca, Mg y S, aunque sin diferencias significativas respecto de la inoculación simple. Por otro lado, se secuenció el genoma de *B. pumilus* SF5 mediante la tecnología Oxford Nanopore Technology, se realizaron análisis filogenéticos comparativos con EDGAR 3.0 utilizando cepas tipo del género *Bacillus* y se analizaron los genes involucrados en la resistencia al As. El genoma se ensambló en 2 contigs, alcanzando un tamaño total de 3,76

Mb y una cobertura de 70x. El análisis filogenético reveló que *B. pumilus* SF5 está estrechamente relacionada con *B. altitudinis* 41KF2b, coincidiendo con un valor de identidad nucleotídica promedio (ANI) de 97,82- 97,88 % entre ambas cepas, sugiriendo su reclasificación como *B. altitudinis* SF5. Respecto a la resistencia a As, se encontraron ortólogos de los genes *arsB* y *arsR*, dispersos en el genoma. Finalmente, la coinoculación E109+SF5 se perfila como estrategia eficaz para mitigar el estrés por As en soja. Disponer del genoma completo de *B. altitudinis* SF5 permitirá su uso en biofertilizantes comerciales, profundizar en los determinantes genéticos de sus propiedades PGPB, así como diseñar herramientas biotecnológicas para potenciar la capacidad de esta cepa.

BIOFERTILIZANTE, BACILLUS, PGPB, ARSÉNICO, SECUENCIACIÓN

36/BM

DESARROLLO Y EVALUACIÓN DE BIOCATALIZADORES PARA LA REDUCCIÓN DE CETONAS INSATURADAS

ZOCCHI, SOFIA B.^A; CECCOLI, ROMINA D.^A; BIANCHI, DARÍO A.^B; RIAL, DANIELA V.^A.

a) Área Biología Molecular, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, y CONICET, Rosario, Argentina.

b) Instituto de Química Rosario (IQUIR, CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario, y CONICET, Rosario, Argentina.

zocchisofia@gmail.com

La biocatálisis se posiciona progresivamente como una alternativa sostenible a la síntesis química tradicional, permitiendo transformaciones selectivas con alta eficiencia y menor impacto ambiental. La

levadura de panadería ha sido ampliamente utilizada para reducir cetonas, facilitando la obtención de alcoholes quirales, y para reducir selectivamente el doble enlace C=C de cetonas α,β -insaturadas. Previamente, el grupo de trabajo utilizó levadura de panadería para reducir el enlace C=C de una cetona α,β -insaturada. Además, enzimas conocidas como OYEs (Old Yellow Enzymes) también pueden reducir, con alta enantioselectividad, enlaces C=C activados por un grupo atrayente de electrones, haciéndolas muy atractivas para la industria. Las OYEs son flavoproteínas que tienen el mononucleótido de flavina (FMN), origen del color, como cofactor y presentan actividad oxidorreductasa dependiente de NAD(P)H. Hasta la fecha, se han identificado numerosos miembros de la familia OYE en hongos, bacterias, arqueas, algas y plantas superiores. El objetivo del presente trabajo fue ampliar el repertorio de biocatalizadores basados en células de *Escherichia coli* recombinantes que expresen una enzima OYE y utilizarlos en reemplazo de las levaduras. En primera instancia evaluamos la reacción de levaduras con dos nuevas cetonas α,β -insaturadas. Estas moléculas fueron convertidas principalmente a la cetona saturada correspondiente y en menor medida al alcohol secundario correspondiente. La secuencia codificante de una OYE de *Saccharomyces cerevisiae* y la secuencia que codifica para una posible OYE identificada por nuestro grupo fueron clonadas en vectores de expresión, obteniéndose ambas proteínas recombinantes en forma soluble en *E. coli*. La capacidad de estas enzimas de reducir las tres cetonas α,β -insaturadas fue evaluada mediante ensayos de biotransformación in vivo utilizando células recombinantes en reposo. Las biotransformaciones fueron analizadas por cromatografía gaseosa acoplada a espectrometría de masa. En las condiciones ensayadas, *E. coli* que expresaba la OYE de *S. cerevisiae* fue capaz de reducir las tres cetonas evaluadas mientras que las células de *E. coli* que expresaban la nueva OYE mostraron actividad sobre dos de las cetonas en

estudio. En todos los casos, las cetonas α,β -insaturadas fueron convertidas casi totalmente a la saturada correspondiente. En resumen, en este trabajo, logramos catalizar la reducción microbiológica de tres cetonas α,β -insaturadas utilizando en primera instancia levadura de panadería, y posteriormente mejoramos la reacción trabajando con células de *E. coli* recombinantes.

BIOCATÁLISIS, BIOTRANSFORMACIONES, REDUCTASAS, LEVADURAS, *ESCHERICHIA COLI*

37/BM

AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ENDÓFITAS DE MANDIOCA CON POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO PARA EL CONTROL DE FITOPATÓGENOS REGIONALES DEL NORESTE ARGENTINO

AZNAR, SILVINA S.^{A,B*}; GALDEANO, ERNESTINA^{A,B*}; COLLAVINO, MÓNICA M.^{A,B*}; CARDOZO, MARINA C.^{A,B}.

a) Universidad Nacional del Nordeste. Facultad de Ciencias Agrarias.

b) Laboratorio de Fisiología Vegetal e Interacción Planta Microorganismos. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE) - CONICET.

silvina.soledad.aznar@gmail.com

Los microorganismos endófitos asociados a plantas representan una fuente valiosa de compuestos y funciones con potencial para promover el crecimiento vegetal y controlar fitopatógenos, constituyendo una alternativa sostenible al uso de agroquímicos. En este trabajo se aislaron y caracterizaron bacterias endófitas a partir de raíces de *Manihot esculenta* Crantz

(mandioca) y de los sobrenadantes generados durante la fermentación del almidón extraído de este cultivo, con el objetivo de identificar cepas con potencial biotecnológico para el control de patógenos prevalentes en el Noreste Argentino (NEA). Se emplearon raíces tuberosas de cultivares de ciclo anual, bianual y tetranual, cultivadas en el Campo Experimental de la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNNE y se analizaron bacterias presentes en los sobrenadantes del proceso de obtención de almidón nativo y fermentado. Se realizaron recuentos bacterianos, purificación y conservación de los aislamientos. Las concentraciones bacterianas oscilaron entre 2,51 y 4,78 log UFC·g⁻¹ en raíces, y entre 3,68 y 4,78 log UFC·mL⁻¹ en los sobrenadantes de almidón. Si bien los pH ácidos no inhibieron el crecimiento bacteriano, sí influyeron en la selección de las poblaciones. Se conservaron 188 aislamientos puros. De una selección de 33 cepas, se evaluaron características asociadas al biocontrol, incluyendo movilidad (swimming, swarming y twitching) y actividad antagónica in vitro frente a tres bacterias fitopatógenas (*Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*, *Ralstonia solanacearum* y *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*), además de ensayos de cultivo dual contra el hongo *Fusarium oxysporum*. Estos ensayos se realizaron por duplicado, y el análisis estadístico del crecimiento del patógeno se efectuó mediante ANOVA con comparaciones de medias por el test de Duncan empleando el software Infostat. En cuanto a los resultados, siete aislamientos presentaron alta movilidad por swimming, ocho se destacaron en swarming y cinco en twitching. Siete cepas produjeron halos de inhibición frente a bacterias fitopatógenas. En los ensayos frente a *F. oxysporum*, 17 aislamientos mostraron diferencias significativas con respecto al control ($p < 0,05$), y 12 de ellos lograron índices de inhibición entre el 25% y el 65%, destacándose los aislamientos AM2 (il = 61,3%), CB8 (il = 37%) y CB10 (il = 34%) por combinar movilidad e inhibición. Asimismo, los aislamientos AA5, CM4, AM6, AM4 y CB8 evidenciaron un amplio

espectro inhibitorio, actuando contra al menos una bacteria fitopatógena y contra *F. oxysporum*. Destaca el aislamiento AA5 por su capacidad de inhibir *P. syringae*, *R. solanacearum* y *F. oxysporum*. Estos resultados evidencian que las bacterias endófitas aisladas de raíces de mandioca y de sus derivados poseen propiedades de interés agrícola, particularmente por su potencial como agentes de biocontrol. La movilidad y la actividad antagonista observadas en un número considerable de aislamientos respaldan su valor como candidatos para el desarrollo de herramientas biotecnológicas aplicadas al manejo fitosanitario de cultivos regionales.

BACTERIAS, ENDÓFITOS, CONTROL BIOLÓGICO, MANDIOCA

38/BM

OPTIMIZACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE LACASA POR HONGOS NATIVOS DE MISIONES EN CULTIVO EN MEDIO LÍQUIDO

SALCEDO, LUCILA A.^{A,B}; ACOSTA, GABRIELA^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; RODRIGUEZ, MARÍA D.^{A,B}.

a) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

b) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.*

danielarodriguez@fceqyn.unam.edu.ar

La enzima Lacasa (EC 1.10.3.2) es una oxidasa multicobre producida principalmente por hongos ligninolíticos, reconocida por su capacidad de catalizar la oxidación de una amplia variedad de compuestos

fenólicos y no fenólicos. Esta versatilidad la convierte en una herramienta de gran interés para diversas aplicaciones biotecnológicas, especialmente en procesos de remediación ambiental. El objetivo de este trabajo fue evaluar la producción de lacasa (Lac) extracelular en tres cepas autóctonas de Agaricomycetes, aisladas en la provincia de Misiones, Argentina, con el fin de identificar la cepa con mayor producción enzimática como etapa preliminar para su aplicación en estrategias de biorremediación de aguas contaminadas. Los cultivos se realizaron a partir de las cepas Polyporus PF15, Pycnoporus PF17 y Trametes PF20 inoculadas en medio líquido preparado con cereal All-bran molido, suplementado con CuSO_4 500 mM y amortiguador fosfato 60 mM pH 6. Se utilizaron Erlenmeyer de 100 mL con 20 mL de medio final, y fue inoculado con un taco micelial de 3 mm de diámetro, proveniente de cultivos en extracto de malta-agar. El experimento se llevó a cabo bajo dos condiciones: incubación a 28 °C en modo estático y, en paralelo, con agitación constante a 120 rpm a la misma temperatura. Se tomaron muestras a los días 0, 3, 6, 9, 12, 15, 18, 21 y 24 para determinar la actividad Lac mediante espectrofotometría a 469 nm, utilizando 2,6-dimetoxifenol (DMP) como sustrato y expresada en U/L. El experimento se realizó por triplicado. En condiciones de agitación, la cepa PF17 fue la que presentó mayor actividad, alcanzando un máximo de $6175,69 \pm 151,49$ U/L ($p < 0,05$) al día 15. La cepa PF20 también mostró una alta producción, con un pico de $6252,82 \pm 550$ U/L ($p < 0,05$) al día 21. Por el contrario, PF15 presentó una actividad menor en estas condiciones de cultivo, con un máximo de $801,75 \pm 29,72$ U/L ($p < 0,05$ respecto a PF17 y PF20). En condiciones estáticas, PF17 alcanzó una actividad de $6979,38 \pm 832,18$ U/L ($p < 0,05$) al día 24. PF15 logró una actividad Lac al día 15 de $2320,63 \pm 368,82$ U/L ($p < 0,05$). PF20 alcanzó una actividad Lac de $2359,37 \pm 187,09$ U/L ($p < 0,05$) en condiciones estáticas a los 18 días. Los resultados obtenidos demuestran que las cepas autóctonas de

Agaricomycetes evaluadas poseen potencial para la producción de Lac extracelular en condiciones controladas. En particular, Pycnoporus PF17 se destacó como la cepa con mayor producción enzimática, tanto en condiciones estáticas como con agitación, alcanzando niveles máximos de actividad en torno al día 15 y 24 del cultivo. Trametes PF20 también mostró un rendimiento elevado, aunque con un patrón de producción más tardío. En cambio, Polyporus PF15 presentó una actividad enzimática considerablemente menor bajo ambas condiciones. Estos hallazgos permiten seleccionar a PF17 como la cepa más promisoría para estudios posteriores orientados al desarrollo de tecnologías de tratamiento de aguas contaminadas mediante sistemas fúngicos productores de Lac.

HONGOS DE PUDRICIÓN BLANCA, LACASA, CINÉTICA DE PRODUCCIÓN

39/BM

DESCUBRIMIENTO DE UNA ENDONUCLEASA Cas12B NOVEDOSA CON POTENCIAL EN LA EDICIÓN GÉNICA DESDE LA BIODIVERSIDAD DEL SUELO

LEZCANO, LAILA V.^A; SCHMITT FERRARI, FRANCO E.^A; LITWINIUK, SERGIO^A; MAZUR, FERNANDO^A; RAMIREZ, ALICE M.^A; STACHUK, MICAELA^A; FERRERAS, JULIAN A.^A; MARTINA, PABLO F.^A

Universidad Nacional de Misiones – CONICET. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biología Subtropical (IBS-CO-NICET-UNaM). Grupo de Investigación en Genética Aplicada (GIGA).

pfmartina@fceqyn.unam.edu.ar

El sistema CRISPR-Cas, una defensa inmu-

nológica adaptativa de bacterias y arqueas, permite escindir ADN de forma específica y ha revolucionado la biotecnología. Se divide en dos clases principales; la clase 2, de especial interés biotecnológico, utiliza una única endonucleasa efectora, y se subdivide en los tipos II (Cas9), V (Cas12) y VI (Cas13). En el contexto celular, los cortes generados por estas endonucleasas se reparan mediante HDR, NHEJ o variantes, permitiendo modificar el genoma. Además, los efectores tipo V presentan actividad colateral de escisión sobre ssDNA no objetivo, lo que se utiliza en diagnóstico molecular. Si bien la mayoría de las herramientas actuales provienen de microorganismos cultivables, esto limita la exploración de variantes funcionales. En este contexto, la metagenómica se presenta como una herramienta clave. El objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar nuevas endonucleasas Cas con capacidad de escisión dirigida de ADN, a partir del análisis de un metagenoma de suelo proveniente de un Parque Provincial de Misiones, una fuente potencial de diversidad genética subexplorada. El abordaje metodológico combinó análisis bioinformáticos y validaciones experimentales. Se utilizó la secuencia conservada del gen *cas1* como punto de partida para identificar loci CRISPR-Cas mediante alineamientos utilizando la herramienta TBLASTX. Los marcos de lectura abiertos (ORFs) fueron identificados con ORFfinder, y las secuencias proteicas resultantes se analizaron mediante BLASTP. Se identificaron endonucleasas de clase 2, tipo V-B (con Cas12b como nucleasa efectora), que no habían sido previamente registradas en bases de datos públicas. La caracterización funcional incluyó el análisis de residuos críticos mediante alineamientos múltiples con secuencias de referencia, revelando sustituciones no conservadas en posiciones relevantes para la actividad de escisión. Se predijeron las propiedades fisicoquímicas de las proteínas candidatas usando ProtParam, identificándose diferencias en estabilidad, vida media y punto isoeléctrico. El modelado estructural se realizó con AlphaFold2,

y las estructuras se analizaron con ChimeraX, verificando la calidad de predicción con los valores de pLDDT. Además, los complejos Cas-sgRNA fueron modelados utilizando AlphaFold3, y se analizó la distribución del potencial electrostático, donde se observaron regiones de carga positiva consistentes con los sitios esperados de interacción con el ARN guía. Finalmente, los modelos tridimensionales se alinearon con una estructura cristalina de referencia mediante el algoritmo TM-align, arrojando valores de TM-score y RMSD compatibles con una similitud estructural y funcional significativa. A pesar de los intentos de clonación y transformación, no se logró aún la expresión efectiva de la proteína. En conclusión, se identificó y amplificó exitosamente una endonucleasa Cas12b novedosa, optimizando el diseño de oligonucleótidos y las condiciones de PCR. El análisis metagenómico y el modelado estructural respaldan su potencial biotecnológico en edición génica y diagnóstico molecular.

CRISPR-CAS, EDICIÓN GENÓMICA, METAGENÓMICA, MODELADO ESTRUCTURAL, CLONACIÓN

40/BM

ANÁLISIS Y CARACTERIZACIÓN DE NUEVAS ACIL HOMOSERINA LACTONA ACILASAS DERIVADAS DE METAGENOMA CON POTENCIAL BIOTERAPEUTICO FRENTE A PSEUDOMONAS AERUGINOSA

SCHMITT FERRARI, FRANCO E. ^A; LEZCANO, LAILA V. ^A; MAZUR, FERNANDO ^A; LITWINIUK, SERGIO ^A; RAMIREZ, ALICE M. ^A; STACHUK, MICAELA ^A; MARTINA, PABLO F. ^A; FERRERAS,

JULIAN A. ^A

Universidad Nacional de Misiones – CONICET. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biología Subtropical (IBS-CO-NICET-UNaM). Grupo de Investigación en Genética Aplicada (GIGA).

fremesch@gmail.com

Pseudomonas aeruginosa es un patógeno que afecta la vida de millones de personas alrededor del mundo, y cuyo aumento en la frecuencia de cepas resistentes a los antibióticos genera profundas preocupaciones. Siendo comúnmente encontrada en las infecciones asociadas al cuidado de la salud (IACS) *P. aeruginosa* presenta mecanismos de virulencia diversos que resultan un desafío para los sistemas de salud. De esta forma, se requiere la búsqueda de compuestos que puedan bloquear la virulencia, y que en principio no constituyan una presión de selección que favorezca el surgimiento de resistencia. El quórum sensing en *P. aeruginosa* resulta una diana interesante para la búsqueda de estos tipos de compuestos, ya que controla aproximadamente el 10% de los genes en su genoma, y es el sistema que controla el estado poblacional para coordinar la virulencia conjunta con cada célula de la colonia. En la naturaleza, se han encontrado enzimas capaces de intervenir con el quórum sensing de *P. aeruginosa* a través de la desacilación irreversible de la Acil Homoserina Lactona (AHL). Sin embargo, las enzimas descritas hasta la fecha carecen de actividad considerable hacia el metabolito C4-HSL que resulta crucial para la virulencia y la interconexión con los demás circuitos del quórum sensing. De este hecho se desprende la necesidad de la búsqueda de nuevas AHL acilasas utilizando un enfoque rápido, que permita una exploración exhaustiva, y con el que se pueda hacer el análisis de múltiples genes al mismo tiempo. En este contexto, los metagenomas del suelo se han consolidado como una fuente rica en genes con potencial biotecnológico, debido a la enorme diversidad microbiana que albergan. Esta diversidad ha permitido identificar

enzimas con aplicaciones industriales, farmacéuticas y ambientales, muchas de las cuales no podrían haberse descubierto mediante enfoques clásicos basados en cultivos. El objetivo del presente trabajo fue identificar AHL acilasas derivadas de metagenoma de suelo y evaluar tanto in silico como in vitro su potencial para extinguir el quórum del patógeno *P. aeruginosa*. Con este fin, se desarrolló un pipeline bioinformático que integró herramientas de predicción estructural, análisis de secuencias y molecular docking, lo que permitió filtrar las AHL acilasas derivadas de metagenomas con mayor potencial bioterapéutico. Este enfoque facilitó además el diseño de cebadores específicos para la amplificación de genes candidatos con propiedades funcionales prometedoras. Posterior a la amplificación de uno de los genes a través de ensayos de digestión se generaron constructos con los plásmidos pUC18 y pET28a y se transformaron en la cepa DH5α. La evaluación de la presencia del gen se realizó a través de la extracción y purificación de los plásmidos, con un nuevo ensayo de digestión. A pesar de no poder expresar las proteínas recombinantes, se logró amplificar el gen AiiS1 a partir de ADN metagenómico de suelo y se obtuvo bacterias transformantes con el constructo pUC18+AiiS1. La obtención de colonias positivas para pET28a+AiiS1 para continuar con el paso de expresión de la proteína recombinante se encuentra en curso.

PSEUDOMONAS AERUGINOSA, QUORUM SENSING, METAGENÓMICA, MOLECULAR DOCKING, CLONACIÓN

41/BM

BÚSQUEDA DE NUEVAS ENZIMAS HALOGENASAS DEPENDIENTES DE FLAVINA EN CEPAS NATIVAS DE STREP-

TOMYCES

CAVALLARO DI BLASI, FLORENCIA^A; VILA, AGUSTINA^B; GIORGI, VICTORIA^B; IGLESIAS SANTOS, CÉSAR^A.

a) *Laboratorio de Microbiología Molecular, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Udelar, Montevideo, Uruguay.*

b) *Laboratorio de Biocatálisis y Biotransformaciones, Departamento de Química Orgánica, Facultad de Química, Udelar, Montevideo, Uruguay.*

fcavallaro@fq.edu.uy

La halogenación es una estrategia importante en la síntesis de compuestos bioactivos, pero requiere reactivos costosos y condiciones no amigables con el ambiente. Se conoce una gran cantidad de productos naturales halogenados que son producidos por diversos organismos de todos los reinos, y actualmente métodos *in silico* se utilizan como estrategia para hallar las enzimas responsables de estas transformaciones, conocidas como halogenasas. En este trabajo se analizaron los genomas de 12 cepas de *Streptomyces* aisladas previamente de suelos uruguayos, y seleccionadas por su potencial biosintético evidenciado en estudios previos. Se realizó la búsqueda de secuencias de halogenasas dependientes de flavina reportadas en bases de datos, se detectaron motivos conservados y aminoácidos esenciales para la actividad de halogenasas FAD-dependientes y se buscaron estos motivos en los genomas de *Streptomyces* disponibles identificando cuatro cepas que albergan genes de interés. Además, se construyó un árbol filogenético para clasificar las distintas halogenasas documentadas en grupos de regioselectividad similar. Los genes identificados se clonaron para su expresión en *E. coli*, y se testearon en la biotransformación del triptófano como sustrato modelo analizando los crudos de reacción por HPLC-DAD y HPLC-MS. Los resultados preliminares revelan que las halogenasas de *Streptomyces* sp. nativos ofrecen un

espectro de regioselectividad interesante, específicamente en la posición 5 y 7 del anillo indólico, subrayando su potencial para aplicaciones biotecnológicas en la síntesis sostenible de compuestos halogenados. Se sigue trabajando en la producción de mutantes de las mismas para lograr abarcar la halogenación de sustratos más complejos como la triptamina o el harmano.

BIOCATÁLISIS, HALOGENACIÓN, MINERÍA GENÓMICA, STREPTOMYCES

42/BM

CONTROL BIOLÓGICO DE LA PUDRICIÓN RADICAL NEGRA EN MANIHOT ESCULENTA CRANTZ

GONZALEZ, ROMINA D.^A; MADRASSI, LUCAS M.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; MONACO, CECILIA^C; ALVARENGA, ADRIANA E.^{A,B}.

a) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

b) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas (CONICET). Buenos Aires, Argentina.*

c) *CIDEFI, UNLP.*

romidai93@gmail.com

El cultivo de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) constituye una fuente fundamental de carbohidratos y posee un gran valor socioeconómico en el noreste argentino especialmente en la provincia de Misiones, donde se concentra la mayor producción del país. Sin embargo, este cultivo enfrenta importantes desafíos fitosanitarios, entre ellos la Pudrición Radical Negra (PRMN), una enfermedad causada por hongos del género *Lasioidiplodia*, que produce lesiones ennegrecidas en raíces, las cuales

suelen detectarse recién al momento de la cosecha. Las raíces pueden desarrollar una podredumbre blanda, sin la presencia de olor desagradable. Los síntomas aéreos como clorosis, defoliación, enanismo y muerte de la planta se manifiestan en etapas avanzadas, lo que dificulta su diagnóstico y agrava su impacto económico, ocasionando grandes pérdidas en la producción. Dado que en Misiones actualmente no se disponen de métodos de control específicos para esta patología, resulta prioritario implementar alternativas sostenibles. En este contexto, los hongos del género *Trichoderma* son reconocidos como potenciales agentes de biocontrol debido a su capacidad antagonista frente a diversos fitopatógenos, incluido *Lasioidiplodia*. Considerando este potencial resulta necesario comprobar su efectividad frente a los hongos responsables de la PRMN en el cultivo de mandioca. Es por ello, que el presente trabajo tuvo como objetivo evaluar el efecto de dos aislamientos nativos de *Trichoderma* (*T. asperelloides* LBM193 y *T. reesei* Tsp1) sobre la patogenicidad de dos aislamientos de *Lasioidiplodia* (*L. parva* Ltsc1 y *L. theobromae* Ltsc2) en plantines de mandioca cultivados bajo condiciones de invernadero. Se establecieron dos controles: uno positivo (solo con patógeno) y uno negativo (ausencia de patógeno y *Trichoderma*). Además, se incorporó un tratamiento con el fungicida captán (2 g/l). Se analizó la Reducción de la Severidad de los Síntomas en Raíces (RSR) y en partes Aéreas (RSA). La inoculación de patógenos y la aplicación de los antagonistas se realizó mediante riego con suspensiones de conidios (1×10^8 conidios/ml para *Trichoderma* y 1×10^6 conidios/ml para *Lasioidiplodia*). Los resultados mostraron que frente a *L. parva* (Ltsc1), *T. asperelloides* LBM193 logró una disminución significativa de los síntomas en raíces (RSR= 92 %), y ambos antagonistas (*T. asperelloides* LBM193 y *T. reesei* Tsp1) mostraron eficacia en la reducción de los síntomas en la parte aérea (RSA). En cambio, frente a *L. theobromae* (Ltsc2), no se detectaron diferencias significativas entre los tratamientos. Las

aplicaciones con el fungicida químico no obtuvieron reducciones en la severidad de los síntomas. La acción antagonista de los aislamientos de *Trichoderma* frente a la PRMN causada por *L. parva* en mandioca sugiere que este agente de biocontrol es una alternativa viable para el manejo de esta enfermedad. Su aplicación podría reducir el uso de insumos químicos y contribuir a sistemas de producción del cultivo de mandioca más sostenibles y amigables con el ambiente.

MANDIOCA, LASIODIPLODIA, ANTAGONISMO.

43/BM

TRICHODERMA ASPERELLUM (SAMUELS, LIECKF & NIRENBERG) Y SU ACTIVIDAD ANTAGÓNICA: UN CASO DE BIOTECNOLOGÍA APLICADA AL SECTOR AGRÍCOLA EN MISIONES

MUNEVAR, ANA^A; SILVA, MARILYN R. ^A; ROTA, GUSTAVO F. ^A; IMBROGNO, LUCIANA P. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

bioinsumos_i.d.i@biofabrica.com.ar

En la agricultura sustentable se usan agentes de control biológico que ofrecen protección a los cultivos contra plagas y patógenos. Diversos estudios han demostrado la acción antagónica de múltiples especies del género *Trichoderma* mediante mecanismos como la competencia, el micoparasitismo, entre otros. El objetivo de este estudio fue evaluar el control de diversos patógenos usando el insumo biológico MIHOBIA creado a partir de la bioprospección, formulación y escalado de tres cepas del hongo *T. asperellum* en la planta biológica de Biofábrica Misiones S.A. Para evaluar el efecto antagónico se

enfrentaron las tres cepas de *T. asperellum* contra hongos patógenos aislados de diversos cultivos de importancia agrícola para la provincia de Misiones. Se realizaron cinco bioensayos en cultivos duales en medio de agar papa dextrosa (PDA), con cuatro repeticiones por bioensayo. En cada uno se estimó y comparó el radio de crecimiento micelial del hongo patógeno y del hongo antagonista y, la acción antagonista de *T. asperellum* basada en la escala modificada de Mañka (1974), en un periodo total de 10 días. Los resultados indicaron que las cepas de *T. asperellum* influyeron en el crecimiento micelial inhibiendo el desarrollo de los patógenos (*Botrytis* sp., *Acremonium* sp., *Cylindrocladium* sp., *Alternaria* sp. y *Fusarium* sp.) al cuarto día del enfrentamiento, cuando se produjo el primer contacto aparente. Además, las cepas de *T. asperellum* sobrecrecieron y esporularon en las colonias de cada uno de los patógenos, lo que puede significar que *T. asperellum* ejerce un control sobre los patógenos por micoparasitismo. En conclusión, este estudio sugiere que MI-HOBA podría ser un insumo prometedor para el control biológico de patógenos de diversos cultivos de importancia para la provincia de Misiones ratificando la aplicación de herramientas biotecnológicas que ofrezcan soluciones al sector agrícola adaptadas al contexto local.

BIOINSUMOS, BIOTECNOLOGÍA, I+D+i, TRICHODERMA, SOSTENIBILIDAD

46/BM

PERFILADO ENZIMÁTICO EN HONGOS DE LAS YUNGAS TUCUMANAS PARA EL DESARROLLO DE BIONEMATOCIDAS

PEREYRA, LEONARDO A.^A; DELGADO, OSVAL-

DO D.^{B,C}; FARIÑA, JULIA I.^A

Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET. Tucumán, Argentina.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina.

Universidad Nacional de Catamarca, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN-UNCa).

leonardopereyra93@gmail.com

La región fitogeográfica de Las Yungas es una selva húmeda que se extiende desde Venezuela hasta las laderas orientales de las Sierras Subandinas de Argentina, incluyendo Tucumán. Es uno de los ambientes con mayor biodiversidad del país y uno de los ecosistemas más amenazados del mundo. Constituye un acervo biológico con recursos genéticos irremplazables y desempeña un rol ecológico crucial. La Selva Pedemontana de las Yungas tucumanas (400–700 m s.n.m.) representa un reservorio subexplorado de hongos filamentosos con capacidad de producir metabolitos bioactivos de interés biotecnológico, permitiendo aislar, cultivar, conservar e identificar especies fúngicas nativas para avanzar en el conocimiento de su micodiversidad. Por otro lado, los nematodos son invertebrados que incluyen numerosas especies parásitas que afectan seriamente la producción agropecuaria. En Argentina, provocan importantes pérdidas tanto en ganadería (especialmente nematodos gastrointestinales de bovinos y ovinos) como en cultivos de alto valor como ser soja, tomate y papa. El control químico convencional con nematocidas posee efectos ambientales adversos y ha generado fenómenos de resistencia. Así, en el marco de un enfoque de bioprospección fúngica para el desarrollo de nematocidas ecoamigables, este trabajo abarcó un cribado preliminar de actividades enzimáticas hidrolíticas potencialmente relevantes para la acción nematocida. Para ello, se colectaron muestras de macrohongos, agua, suelo, par-

tes de plantas, materia orgánica en descomposición e insectos, obtenidas en la Selva Pedemontana. Los aislamientos se realizaron en medio MYSA con antibióticos (ATBs, tetraciclina y cloranfenicol), y posteriormente los morfotipos únicos seleccionados, en estado puro, fueron replicados en medio MYSA sin ATBs, incubándolos a 28-30°C durante 7 días. Las actividades enzimáticas se evaluaron en medio MYSA 10%-C agar suplementado con sustratos específicos para el revelado de cada actividad de interés: i.e. leche descremada en polvo 3% p/v (proteasas), carboximetilcelulosa, CMC 0.5% p/v (celulasas), quitina coloidal 0.2% p/v (quitinasas), aceite de oliva 3% v/v - rodamina B (lipasas) y yema de huevo 8% p/v (fosfolipasas). La actividad se valoró de forma semicuantitativa en base a los halos de clarificación (proteasa, CMCasa, quitinasa), precipitación (fosfolipasa) o zonas coloreadas/fluor, ya sea de forma directa post-crecimiento o mediante la aplicación de reveladores específicos (ej. rojo Congo para CMCasa, luz UV para lipasa). De 145 aislamientos analizados, un porcentaje significativo (~90%) presentó actividad positiva para al menos una de las enzimas evaluadas, destacándose algunos aislamientos con perfiles multienzimáticos. Las actividades de mayor prevalencia fueron CMCasa, fosfolipasa y proteasa, seguidas por valores intermedios de lipasa, y quitinasa de forma minoritaria. Los aislamientos pre-seleccionados luego serán sometidos a tests directos frente a *Panagrellus redivivus*, para evaluar actividad nematocida. Los perfiles muestran concordancia con el hecho de la enorme biodiversidad con la que deben competir estos hongos por alimento, o para garantizar su supervivencia, siendo capaces de producir compuestos y actividades que les permitan enfrentar a sus competidores o predadores. Este estudio respalda la utilidad del cribado enzimático como herramienta preliminar para la búsqueda de hongos nematocidas, reforzando la importancia de explorar y preservar la micodiversidad nativa como importante fuente de bioinsumos.

ACTIVIDADES ENZIMÁTICAS, NEMATICIDA, MICOPROSPECCIÓN, YUNGAS

47/BM

MICOPROSPECCIÓN EN LAS YUNGAS TUCUMANAS: POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO FRENTE A NEMATODOS

PEREYRA, LEONARDO A.^A; SALAS, AUGUSTO^B; DELGADO, OSVALDO D.^{A,C}; ACHINELLY, MARÍA F.^D; FARIÑA, JULIA^A

a) Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET. Tucumán, Argentina.

b) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA).

c) Universidad Nacional de Catamarca, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN-UNCa).

d) CEPAVE-CONICET

leonardopereyra93@gmail.com

Los nematodos son invertebrados que incluyen especies fito-parásitas que afectan la producción agropecuaria, causando importantes pérdidas económicas. En Argentina, diversos nematodos gastrointestinales impactan a bovinos y ovinos, y fitonematodos atacan cultivos clave como soja, tomate y papa. El control tradicional de estos organismos es mediante la aplicación de productos de síntesis química que generan contaminación ambiental y resistencia. Como alternativa, el control biológico con hongos nematófagos se destaca por su capacidad de producir metabolitos secundarios e incluso otras estrategias de predación y competencia, que conllevan a una actividad nematocida con menor impacto ambiental. La región de las Yungas, una selva subtropical que alcanza al noroeste argentino y llega hasta

Tucumán, es un ecosistema con gran biodiversidad, de donde se han aislado hongos nativos con potencial biotecnológico relevante. Así, hemos considerado a la Selva Pedemontana como posible fuente de hongos autóctonos capaces de aportar compuestos bioactivos y estrategias de biocontrol, para el desarrollo de nematocidas ecoamigables, biodegradables y de producción sostenible. En el presente trabajo se evaluó la actividad nematocida de extractos crudos enzimáticos (ECE) y sobrenadantes de cultivo (SN) de diferentes aislamientos nativos de las Yungas tucumanas, sobre el nematodo modelo *Panagrellus redivivus*. Para ello, se cultivaron diez cepas fúngicas nativas en medio MP20 sólido (15 días a 30°C) y líquido (7 días a 30°C y 200 rpm), como así también en medio MYSA sólido suplementado con leche descremada (15 días a 30°C). Posteriormente, se prepararon ECE a partir de los cultivos en medio sólido mediante ciclos de congelamiento y descongelamiento, seguidos de centrifugación (10.000 × g, 15 min), para recuperar los SN. A partir de los cultivos en medio líquido, se obtuvo el SN libre de células, separando la biomasa por centrifugación en iguales condiciones. Para los bioensayos de actividad nematocida se colocaron 300 µl de cada ECE o SN y cinco juveniles de *P. redivivus* por pocillo, en placas de cultivo celular de 24 pocillos de fondo plano, seguido de incubación a 27°C y se registró la mortalidad después de 24 h. Los ensayos se realizaron por quintuplicado, incluyendo controles para cada medio de cultivo utilizado y un control negativo con solución fisiológica. Los resultados permitieron observar altos porcentajes de mortalidad, cercanos al 80%, para los aislamientos Chi 3, LP 17 y LY 4.1; mortalidad moderada (30-40 %) para LY 72.14 y HM 9; y baja o nula mortalidad (<10 %) para Chi 1, CHW 2, LP 27, TF y LY 4.4. Estos hallazgos respaldan el potencial de la micodiversidad nativa como fuente de bioinsumos en el desarrollo de nematocidas alternativos, alineados al concepto de OneHealth. Los hongos analizados en este estudio representan candidatos promiso-

rios para posteriores estudios de purificación, caracterización química y evaluación de micoproductos que podrían constituir una alternativa al uso de agroquímicos convencionales.

NEMATOCIDA, BIOTECNOLOGÍA FÚNGICA, MICOPROSPECCIÓN, YUNGAS

48/BM

EVALUACIÓN DE INSUMOS BIOLÓGICOS EN LA PRODUCCIÓN EN VIVERO DE *PELTOPHORUM DUBIUM* (SPRENG.) TAUB

MORALES, RAFAELA^A; LOPEZ, ANA C.^B; ALVARENGA, ADRIANA E.^{C,D}.

a) Universidad Nacional de Misiones, Centro de Investigación y Producción "Jardín Botánico Alberto Roth", Posadas, Misiones, Argentina.

b) Universidad Tecnológica Nacional (UTN), Facultad Regional de Concordia, Departamento de Ingeniería Civil.

c) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

d) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

adrianaealvarenga@gmail.com

La cañafístola (*Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub.) es una especie de alto valor ornamental y comercial, frecuentemente utilizada en reforestación, forestación y restauración de áreas degradadas, y juega un papel esencial en la mitigación de impactos ambientales derivados de la deforestación, además de promover la biodiversidad en un contexto de cambio climático. Dado el creciente

interés en la producción de plantines de especies nativas, es fundamental identificar los factores que mejoran su rendimiento en vivero, siendo los insumos biológicos una alternativa ecológica y sostenible que permite reducir el uso de agroquímicos. En el estudio se evaluó el uso de *Trichoderma asperelloides* LBM193, lombricompost y lixiviado de lombricompost en la producción de plantines de cañafístola en vivero, con el objetivo de evaluar su efecto en la promoción del crecimiento vegetal y analizar los costos de producción de cada uno para evaluar la viabilidad económica. El ensayo se realizó en el vivero del centro de investigación y producción del Jardín botánico de la ciudad de Posadas. Para las inoculaciones se utilizó *T. asperelloides* LBM193, caracterizada en trabajos previos como microorganismo promotor del crecimiento vegetal (PGPM) y agente de control biológico (BCA). El compost, humus y lixiviado de lombricompost utilizados tenían una antigüedad de acopio de tres años de compostaje, y fueron provistos por un productor de la ciudad de Posadas. Para realizar este ensayo se utilizaron las siguientes proporciones de fertilizantes biológicos según el tratamiento: suspensión de 10^7 conidios/ml de *T. asperelloides* LBM193; lombricompost (mezclado con sustrato a base de CPC en proporción 1:100) y lixiviado de lombricompost (dilución 1/5). Como control químico se utilizó "Plantacote Plus 8M". Para la evaluación del efecto de promoción de crecimiento se utilizaron plántulas germinadas de *P. dubium*. Se repicaron las plántulas en bandejas forestales de 100 cm³ y 25 cavidades con sustrato CPC. Se realizaron 10 repeticiones por tratamiento. Se ensayaron 6 tratamientos, donde se evaluaron el crecimiento de las plántulas, considerando variables como altura, diámetro del cuello, número de hojas, peso seco aéreo y radicular, y parámetros físico-químicos de los sustratos (pH y conductividad eléctrica). También se calculó el costo de producción de los plantines teniendo en cuenta los diferentes tratamientos. Los resultados indican que el tratamiento T5

(Sustrato + Fertilizante químico (Plantacote Plus 8M) + riego foliar de solución de lixiviado cada 7 días) ofreció los mejores valores en altura de planta y peso seco aéreo. Respecto a los parámetros físico-químicos, el T2 (Sustrato adicionado de lombricompost, con inoculación de *T. asperelloides* LBM193 al inicio y cada 30 días + riego foliar de solución de lixiviado cada 7 días) fue el que se destacó con un valor de pH de 6,43; y en cuanto a la conductividad eléctrica el tratamiento T4 (control químico) fue el de mayor valor, destacándose también como el tratamiento de menor costo por planta. Estos hallazgos subrayan el potencial de los bioinsumos en la producción de plantines forestales, ya que favorecen el desarrollo de la planta y la sostenibilidad ambiental al reducir la dependencia de fertilizantes químicos.

PLANTAS NATIVAS, BIOINSUMOS, VIVERO

49/BM

ESTRATEGIAS COMPARATIVAS DE CRIBADO DE PROTEASAS FÚNGICAS Y SU PROYECCIÓN AL CULTIVO SUMERGIDO PARA SÍNTESIS DE BIOACTIVOS

VEGA GORDILO, AELIA S.^A; DELGADO, OSVALDO D.^{A,B}; FARIÑA, JULIA I.^A

a) Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET, Tucumán, Argentina.

b) Universidad Nacional de Catamarca, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN-UNCa).

jifarina@yahoo.com

La diversidad de perfiles metabólicos y la notable capacidad para producir enzimas

extracelulares con propiedades fisicoquímicas destacables, hace de los hongos filamentosos una fuente prometedora para este tipo de bioactivos. Su coexistencia en ambientes naturales, junto a una enorme biodiversidad con la que deben competir por alimento o espacio, y también para garantizar su supervivencia, los hace capaces de producir compuestos y actividades para enfrentar competidores o predadores. Así, las proteasas pueden ser parte de diversas estrategias para el hongo productor, no sólo para alimentarse y competir por nutrientes, sino también como mecanismos de patogenicidad, predatorismo, etc. A nivel industrial, estas enzimas poseen amplia aplicación en manufacturas alimentaria, farmacéutica y biotecnológica. En este estudio se compararon dos estrategias para la exploración del potencial proteolítico en organismos fúngicos nativos. De 194 muestras recolectadas en Las Yungas tucumanas, se obtuvieron unos 200 aislamientos autóctonos en estado puro y con morfotipos únicos, los que fueron ensayados por su habilidad para producir actividad proteasa, tanto asociada al cultivo, como liberada al medio extracelular. Los aislamientos fueron crecidos a 30°C durante 7 días en medio MYSA 10%-C agar suplementado con leche al 0.5% p/v, registrando diariamente crecimiento y halos radiales externos de clarificación. Se calculó la productividad proteolítica (Pdv, cm halo ext./día) a los 5 y 7 días. Asimismo, se obtuvieron exudados extracelulares (ECE) por congelación/descongelación (-15°C/24°C, 2 ciclos) de placas completas, seguido de centrifugación (10.000 × g, 15 min), y posterior recuperación de cada sobrenadante. Los ECEs fueron evaluados en placas agar soft-leche 0.5% p/v, realizando pocillos (3 mm $\pm$) y adicionando 30 μ L de cada ECE. Luego de incubar (6 h a 30°C), se midieron los diámetros (cm) de los halos de proteólisis. La evaluación in vivo (durante el cultivo) dio (+) para 55 aislamientos (27.5% del total) con valores de Pdv de 0.02 a 0.39 cm radial/día. De este análisis resultaron seleccionadas 8 cepas (Pdv 0.20-0.39 cm/día). Al aplicar

la segunda metodología, se registraron 66 ECEs (33% del total) con valores (+) y diámetros de clarificación entre 0.30 y 1.75 cm. De esta evaluación se seleccionaron 12 cepas (halos entre 1.40 y 1.75 cm). La metodología por crecimiento directo en leche podría evidenciar no sólo la actividad extracelular sino también ligada a pared/membrana pudiendo asemejarse más al contexto de una fermentación en sustrato sólido. Mientras, en la segunda técnica quedaría expuesta la actividad netamente extracelular, lo que probablemente refleje mejor el entorno de una producción en cultivo sumergido. Los resultados indican que ambas metodologías son relevantes para detectar un perfil productor de proteasa. La prevalencia de dicha actividad en la microbiota estudiada fue bastante representativa (~30%), permitiendo seleccionar 20 cepas con 4 casos de coincidencia entre técnicas (CAM 6, LF 3.13, FIB 135 y PL jif). Los organismos promisorios según ambas técnicas serán evaluados para producir actividad fibrinolítica, así como también enzimas terapéuticas. Estos resultados exponen un valioso ecosistema con alta diversidad fúngica que debe ser explorado y valorizado como fuente de bioactivos de alto valor agregado.

PROTEASA, HONGOS DE LAS YUNGAS, SCREENING, FIBRINOLÍTICAS

50/BM

INTERACCIONES MICROSCÓPICAS Y EFICACIA DE CEPAS DE TRICHODERMA SPP. AISLADAS DE PASTOS EN PARAGUAY CONTRA FUSARIUM SPP.

LUGO PEDROZO, FERNANDO J.^A; ROMERO DIAZ, GABRIELA M.^{A,B}; JARA VILLAMAYOR,

JORGE D.^a; PALACIOS ESCOBAR, JOSE F.^a; ADORNO FERNÁNDEZ, CHRISTIAN D.^a; ESCOBAR AVALOS, MELISSA M.^a; VERA COLMAN, MAYRA L.^a; ALMEIDA GENEZ, LUZ M.^a; BALBUENA GÓMEZ, NIDIA M.^a; FAELLA DUARTE, FLORENCIA M.^a; COLMAN MOREL, CAMILA M.^a; MARSAL VON GLASENAPP, AXEL A.^a; CASTRILLO, MARÍA L.^{c,d}; ARRÚA WIDMER, ANDREA A.^a

a) *Universidad Nacional de Asunción. Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas. Campus Universitario. San Lorenzo, Paraguay.*

b) *Universidad Nacional de Asunción. Facultad de Ciencias Químicas.*

c) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.*

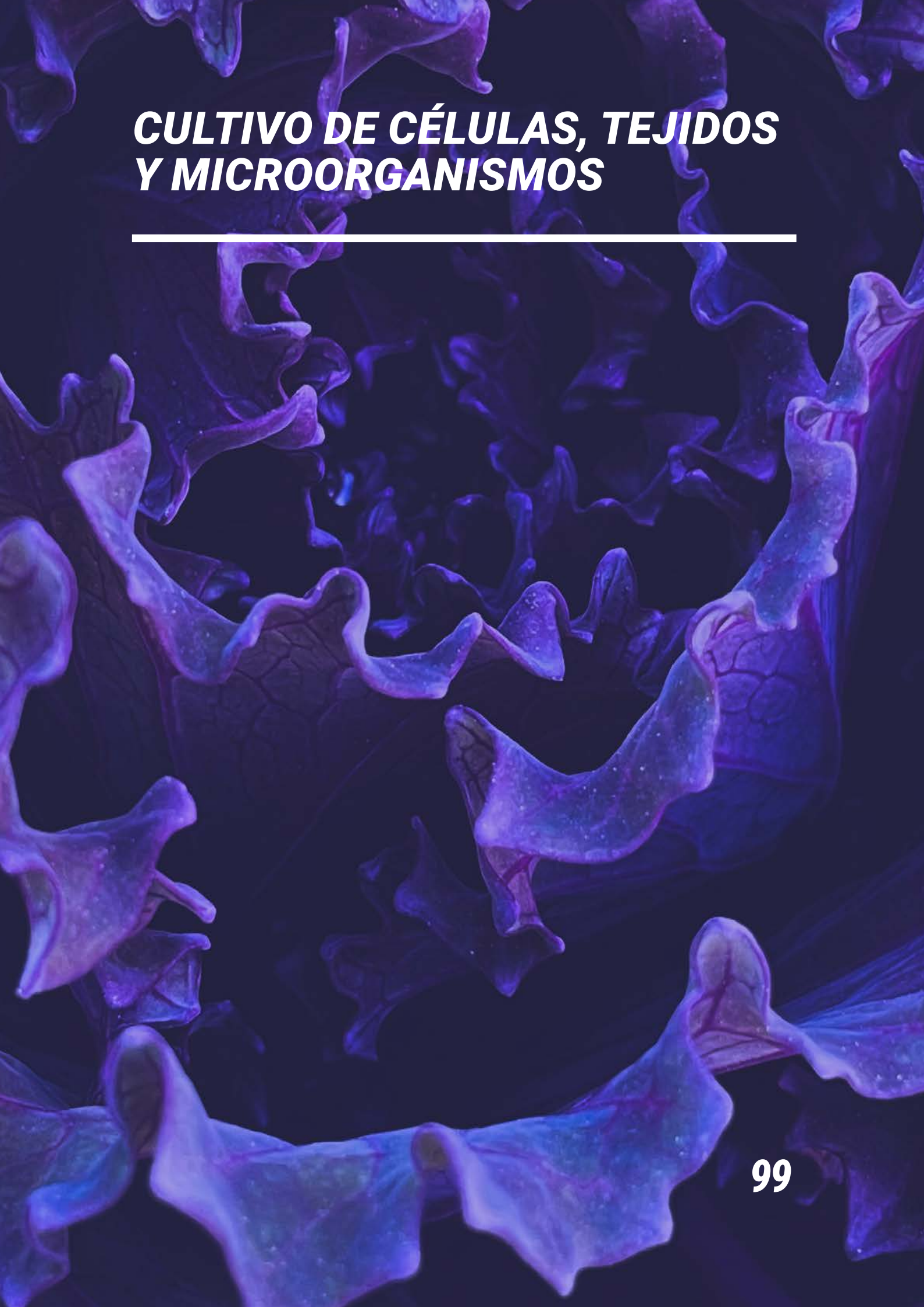
d) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.*

f.lugopedrozo@gmail.com

Los pastos destinados a la alimentación animal son nichos ecológicos que albergan una diversidad de hongos, incluyendo especies fitopatógenas y micotoxigénicas como *Fusarium* spp., que representan un riesgo para la salud animal y humana debido a la contaminación por micotoxinas. Por otro lado, *Trichoderma* es un género reconocido por su capacidad de biocontrol, gracias a su rápido crecimiento, competencia por nutrientes y producción de metabolitos antifúngicos. Identificar cepas nativas con potencial antagonico constituye una estrategia clave para desarrollar alternativas biológicas que reduzcan el uso de fungicidas sintéticos en sistemas productivos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad antagonica de cepas de *Trichoderma* spp. contra cepas de *Fusarium* spp., ambas aisladas de pastos para alimentación bovina en Paraguay, mediante ensayos de confrontación dual y análisis microscópico de las interacciones fúngicas. El experimento se desarrolló

en medio PDA utilizando dos cepas de *Trichoderma* spp. y dos cepas de *Fusarium* spp. Tras 15 días de incubación a 25° C, se midió el crecimiento radial de las colonias para calcular el porcentaje de inhibición (%I) en presencia de *Trichoderma*. De igual forma, se tomaron muestras de las zonas de contacto fúngico, montadas en azul de lactofenol, para su observación microscópica. Los resultados mostraron que ambas cepas de *Trichoderma* lograron una inhibición significativa del crecimiento de *Fusarium* spp., con porcentajes promedio que oscilaron entre 67.2% y 71.30%, en comparación con los controles donde las colonias de *Fusarium* alcanzaron el máximo desarrollo. El análisis estadístico evidenció diferencias significativas entre tratamientos y controles, confirmando la eficacia de *Trichoderma* como antagonista. Las observaciones microscópicas revelaron alteraciones estructurales en las hifas de *Fusarium* spp., como enrollamiento con las hifas de *Trichoderma*, vacuolización y granulación citoplasmática, características asociadas a procesos de micoparasitismo. Las hifas de *Trichoderma*, en cambio, se mantuvieron íntegras, evidenciando su rol activo en la interacción. En conclusión, las cepas de *Trichoderma* aisladas de pastos demostraron capacidad inhibitoria efectiva y mecanismos de micoparasitismo frente a *Fusarium* spp., destacando su potencial como agentes de biocontrol. Estos resultados refuerzan la importancia de explorar ambientes forrajeros como fuentes de microorganismos benéficos, con aplicaciones futuras en sistemas agrícolas.

TRICHODERMA, FUSARIUM, MICOPARASITISMO, BIOCONTROL, VACUOLIZACIÓN

The background of the page is a microscopic image of plant tissue, likely a leaf, showing intricate cellular structures. The image is colorized with a deep purple and blue palette, giving it a scientific and artistic feel. The text is overlaid on the upper portion of this image.

CULTIVO DE CÉLULAS, TEJIDOS Y MICROORGANISMOS

AVANCES EN CULTIVO CELULAR IN VITRO: APLICACIONES BIOMÉDICAS, BIOTECNOLÓGICAS Y EVALUACIÓN DE FITOCOMPUESTOS ANTIVIRALES

KACHUK, ANALIA^A; LAZARTE, JUAN LUIS^A; ZAPATA, PEDRO D.^{B,C}; ESPINDOLA, SONIA^A

a) Instituto de Biología Subtropical (IBS) Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEyQN) UNaM - CONICET

b) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

c) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

sonialespindola@gmail.com

El cultivo de células in vitro ha constituido una innovación trascendental en el ámbito de la biotecnología, proporcionando herramientas fundamentales para la investigación científica, el desarrollo de terapias avanzadas, posibilita el estudio del comportamiento e interacciones celulares y la respuesta a diversos agentes químicos o biológicos en un entorno experimental rigurosamente controlado. En el contexto de sus aplicaciones biomédicas, el cultivo celular in vitro permite identificar con precisión los mecanismos fisiopatológicos subyacentes a distintas enfermedades, así como evaluar la eficacia y seguridad de potenciales agentes terapéuticos antes de su validación en modelos animales o en ensayos clínicos en humanos. Asimismo, la capacidad de expandir poblaciones celulares específicas y dirigir su diferenciación hacia linajes determinados ha permitido avances significativos en los campos de

la ingeniería tisular y la medicina regenerativa. En el área de la biotecnología farmacéutica, previo al inicio de ensayos clínicos, posibilita los estudios de toxicidad sobre nuevos fármacos. En esta oportunidad evaluaremos el abordaje metodológico en cultivo celular in vitro para probar el fitocompuesto quercetina como un potencial agente antiviral contra el virus de dengue en el Laboratorio de Bioseguridad BSL2 "MADAR". En estudios previos del grupo se encontró un elevado porcentaje de seroprevalencia positiva para dengue (27%) en pacientes dadores sanos de la provincia de Misiones y 45% de infecciones secundarias (IgG+) en pacientes transitando viremia de dengue (PCR+), estos resultados en conjunto remarcaban la alta probabilidad de desarrollo de formas graves de dengue en la población misionera. Por lo tanto, resulta de suma importancia el desarrollo de terapias antivirales capaces de detener el progreso sintomatológico y las complicaciones de los pacientes infectados por DENV. El compuesto flavonoide quercetina y sus derivados ha sido largamente estudiado por sus efectos antivirales en HIV, EBV y otros virus. Además, varios trabajos han evaluado in silico su capacidad para inhibir la replicación de DENV. Por lo tanto, en este trabajo nos planteamos evaluar la capacidad antiviral del fitocompuesto quercetina en infecciones con DENV in vitro. Al tratarse de un compuesto natural, su baja toxicidad (que también será evaluada) y buena biodisponibilidad, la quercetina en pacientes infectados con dengue, sería de fácil translación a la terapia médica.

DENGUE, BIOMEDICINA, CULTIVO IN VITRO

COMPORTAMIENTO IN VITRO DE DIFERENTES EXPLANTOS DE CANNABIS SATIVA

DIP, BELÉN^A; GOROSITO, VALENTIN^A; CURTI, LUCÍA^A; ALGASIBIUR, DAVID^A; FERRANDO, AGUSTIN^A; SOSA BOSIO, PILAR^A; SCAGNETTI, GUADALUPE^A; GARCÍA GIMÉNEZ, PABLO^A; MATURO, HERNÁN^B; RUA, FEDERICO^C; CHAMORRO, DEBORA^B; BUENO, MIRIAN SUSANA^A.

a) Cátedra de Biología, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

b) Cátedra de Botánica, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

c) Cátedra de Química General e Inorgánica, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.

belen.dip.99@gmail.com

Dentro de las técnicas de cultivo de tejidos vegetales varios aspectos influyen en la respuesta de las especies evaluadas, entre ellas el medio de cultivo utilizado, la combinación de reguladores vegetales y los explantos utilizados para iniciar los cultivos. Es objetivo de este trabajo presentar la respuesta in vitro de diferentes explantos de Cannabis sativa. Los explantos evaluados fueron: 1- semillas, 2- segmentos nodales, 3- hojas y 4- Inflorescencias femeninas (cimas). Los medios evaluados dependieron del tipo de explanto, pero todos estaban constituidos por la base salina de Murashige and Skoog y las vitaminas de Gamborg. La fuente de energía utilizada fue sacarosa 30 g.L⁻¹, el pH se ajustó a 5,8. Se solidificaron con 7 g.L⁻¹ de agar. Los reguladores utilizados fueron 6-Bencilamino purina (BAP) y Ácido naftalén acético (ANA), se evaluó también un medio que contenía metatopolina, específico para cannabis. Para la desinfección de los explantos se utilizaron diferentes tiempos de inmersión (entre 5 min-10 min) en hipoclorito de sodio (2 al 3 % del cloro activo) con Tween 20, posteriormente se realizó un triple lavado con agua destilada esterilizada. Las condiciones de crecimiento fueron 27± 2°C con fotoperíodo de 16 horas. 1- Las semillas germinaron entre 3 y 7 días, según variedades, el tiempo

desde germinación a trasplante a tierra fue de un mes, a partir de este explanto se lograron plantas madres y plantines vigorosos. 2- Los segmentos nodales regeneraron vástagos vigorosos a los 20 días de la siembra in vitro. 3- 4- en hojas y cimas florales se observó formación de callos, a los cuales se les realizó cromatografía líquida de alta presión (HPLC) para determinar THC (tetrahidrocannabinol) y CBD (cannabidiol). Dichos compuestos se encontraron en los callos provenientes de cimas, no así en los de hoja. La especie responde favorablemente al cultivo in vitro, es factible regenerar plantas completas a partir de semillas y segmentos nodales. La producción de callos deberá ser más eficiente en la producción de cannabinoides, en trabajos posteriores se evaluarán otros explantos como anteras y meristemas.

IN VITRO, CANNABIS, CANNABINOIDES, CALLOS, EXPLANTOS

3/CCTM

DISTRIBUCIÓN Y DETECCIÓN DE PYRICULARIA SP. EN REGIONES ARROCERAS DEL PARAGUAY

MERELES GONZÁLEZ, KAREN P.^A; PEREZ BUSTAMANTE, CARLOS A.^A; REYES CABALLERO, YESSICA M.^B; CHAVEZ, ALICE^C; QUINTANA DE VIEDMA, LIDIA A.^A; MOURA-MENDES, JULIANA^D; GAONA DUARTE, VICENTE G.^D; FRETES MORENO, PAOLA E.^D; ORREGO, JUAN^A; VIGO GARAY, JUAN A.^B; CAZAL MARTÍNEZ, CINTHIA C.^D

a) Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales. Universidad Nacional de Itapúa. Encarnación, Paraguay

b) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria – IPTA

c) Cámara Paraguaya de Exportadores y Comercializadores de Cereales y Oleaginosas. Asun-

ción, Paraguay

d) Universidad Nacional de Asunción. Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas. San Lorenzo, Paraguay

karenmereles.km@gmail.com

Pyricularia sp. es un complejo fúngico responsable de la enfermedad conocida como tizón, que afecta a más de 50 especies de la familia Poaceae, incluyendo cultivos de gran importancia económica como el arroz. Este hongo es considerado una de las principales amenazas para la producción arroceras a nivel mundial, debido a su capacidad de causar pérdidas significativas en el rendimiento de los cultivos. Su presencia en distintos ambientes y su facilidad de dispersión lo convierten en un agente patógeno de gran interés para la investigación fitopatológica. Este trabajo tiene por objetivo determinar la identidad de los aislados de hongos en particular *Pyricularia* sp. provenientes de muestras de arroz y malezas asociadas en los departamentos de Itapúa, Misiones y Ñeembucú, en Paraguay, se realizaron colectas en diferentes puntos de muestreo. Estas colectas permitieron aislar y monosporizar colonias de *Pyricularia* sp. obtenidas a partir de síntomas característicos de la enfermedad en las plantas afectadas. En total, se realizaron 114 muestreos distribuidos de la siguiente manera: 24 en el departamento de Itapúa, 10 en Misiones y 80 en Ñeembucú. Tras la recolección de las muestras, estas fueron transportadas a los laboratorios del Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA) y del Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas (CEMIT) para su procesamiento y análisis. En los laboratorios, se realizaron procedimientos de aislamiento y cultivo de los hongos presentes en las muestras, con el fin de identificar la presencia de *Pyricularia* sp. Como resultado del procesamiento de las muestras, se logró el aislamiento de 25 colonias de *Pyricularia* sp., del departamento de Ñeembucú y 2 colonias de Misiones. Este hallazgo sugiere que la incidencia del hongo podría ser mayor en

esta región en comparación con los otros departamentos evaluados. La ausencia de aislamientos en Itapúa y Misiones podría deberse a diversos factores, como el tratamiento con fungicidas preventivos para el control de la enfermedad, condiciones ambientales menos favorables para el desarrollo del patógeno o la competencia con otros organismos fúngicos presentes en los cultivos y malezas analizados, entre otros factores. Cabe destacar que en algunos de los sitios muestreados se observó una fuerte presencia de otras enfermedades causadas por hongos, como *Bipolaris* spp. y *Fusarium* spp., los cuales también representan amenazas importantes para la sanidad de los cultivos. Estos hallazgos resaltan la necesidad de continuar con estudios fitopatológicos para comprender mejor la distribución y el impacto de *Pyricularia* sp. en la región, así como su interacción con otros patógenos.

POACEAE, MUESTREO FITOPATOLÓGICO, DIVERSIDAD FÚNGICA

4/CCTM

DINÁMICA DE PYRICULARIA SP. EN EL SISTEMA DE PRODUCCIÓN DE ARROZ: IDENTIFICACIÓN DE HOSPEDEROS ALTERNATIVOS EN PARAGUAY

MERELES GONZÁLEZ, KAREN P.^A; PEREZ BUSTAMANTE, CARLOS A.^A; REYES CABALLERO, YESSICA M.^B; CHAVEZ, ALICE^C; QUINTANA DE VIEDMA, LIDIA A.^A; PIRIS DA MOTA FERREIRA, MARÍA F.^D; VOGT PENZKOFER, CHRISTIAN^D; MOURA-MENDES, JULIANA^E; GAONA DUARTE, VICENTE G.^E; FRETES MORENO, PAOLA E.^E; MARSAL VON GLASENAPP, AXEL A.^E; ORREGO, JUAN^A; CAZAL MARTÍNEZ, CINTHIA C.^E

a) Facultad de Ciencias Agropecuarias y Fores-

tales. Universidad Nacional de Itapúa. Encarnación, Paraguay.

b) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria – IPTA.

c) Cámara Paraguaya de Exportadores y Comercializadores de Cereales y Oleaginosas. Asunción, Paraguay.

d) Departamento de Botánicas. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.

e) Universidad Nacional de Asunción. Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas. San Lorenzo, Paraguay

karenmereles.km@gmail.com

El tizón del arroz, causado por el complejo fúngico *Pyricularia oryzae* patotipo *Oryza*, representa una de las principales amenazas para la producción arroceras a nivel mundial. Esta enfermedad afecta gravemente el rendimiento de los cultivos. *Pyricularia oryzae* es un patógeno altamente dispersivo que no solo afecta al arroz (*Oryza sativa*), sino también a diversas especies de plantas en los campos de cultivo. Además del arroz, este hongo tiene la capacidad de infectar a una amplia variedad de especies de la familia Poaceae, muchas de las cuales actúan como hospederos alternativos o malezas asociadas. El objetivo de este trabajo fue identificar las especies como hospederas alternativas dentro del sistema productivo del arroz en Paraguay. Se ha identificado la presencia de *Pyricularia* sp. en 14 géneros vegetales a partir de diversos muestreos en las principales áreas arroceras del país (Itapúa, Misiones y Ñeembucú) durante la zafra 2023-2024. Los géneros y algunas identificadas a nivel de especies son: *Chloris*, *Cyperus*, *Echinochloa*, *Eragrostis*, *Leersia hexandra*, *Luziola peruviana*, *Oryza sativa* (arroz convencional y arroz rojo), *Panicum*, *Panicum bergii*, *Paspalum*, *Rhynchospora*, *Schizachyrium* y *Setaria parviflora*. Estos hallazgos resaltan la amplia dispersión y la capacidad de *Pyricularia* sp. para colonizar tanto los cultivos principales como las malezas que compiten en los campos

de arroz. Existe un vacío a nivel nacional y es imperante la necesidad de realizar estudios continuos sobre la población de este patógeno para comprender mejor la distribución, incidencia y su impacto en el sistema de producción de arroz nacional. Subrayando la importancia de monitorear las especies hospederas alternativas, que juegan un rol clave en la dinámica de la enfermedad. A menudo estas plantas son ignoradas dentro del sistema productivo, sin embargo, las malezas pueden servir como fuente de inóculo para las siguientes cosechas, ya que albergan al patógeno durante períodos fuera de la temporada de cultivo, actuando como reservorios, facilitando la propagación de la enfermedad. Para un manejo efectivo y sostenible del tizón del arroz, es fundamental identificar estos reservorios y considerar su control en las estrategias fitosanitarias.

DINÁMICA DE *PYRICULARIA* SP, MALEZAS, HOSPEDEROS ALTERNATIVOS.

5/CCTM

PRODUCCIÓN RECOMBINANTE DE FGF2 HUMANO PARA SU APLICACIÓN EN CULTIVOS CELULARES LIBRES DE COMPONENTES DE ORIGEN ANIMAL

GUIDOLIN, SOLEDAD^A; CERUTTI, MARÍA L.^B

a) Instituto de Investigaciones Biotecnológicas "Dr. Rodolfo A. Ugalde", EByN-UNSAM-CONICET, San Martín, Buenos Aires, Argentina.

b) Centro de Rediseño e Ingeniería de Proteínas (CRIP), EBYN, UNSAM/CONICET

sguidolin@iib.unsam.edu.ar

La mayoría de los biofármacos complejos, tales como los anticuerpos monoclonales, hormonas, factores de crecimiento,

citoquinas o proteínas relacionadas a la sangre, son producidos en sistemas de expresión basados en células de mamíferos. Ello se debe a que estas plataformas son las únicas que ofrecen la posibilidad de producir grandes cantidades de proteínas con modificaciones postraduccionales compatibles con uso en humanos, garantizando alta eficacia y bajos niveles de inmunogenicidad. Tanto este tipo de producciones como el desarrollo de terapias regenerativas requieren el cultivo de células humanas y de otros mamíferos en condiciones controladas y reproducibles. Para cumplir con las normativas regulatorias y éticas vigentes, la industria biofarmacéutica debe emplear medios de cultivo libres de componentes de origen animal, lo que implica reemplazar las proteínas y factores de crecimiento del suero fetal bovino por moléculas recombinantes o sintéticas, generalmente de alto costo. Entre estos factores, el Fibroblast Growth Factor 2 (FGF2) es uno de los más utilizados, dada su función clave en la proliferación, diferenciación, migración y supervivencia celular. Su elevado costo y baja estabilidad representa una de las principales barreras en la producción de biofármacos, vacunas y terapias basadas en células.

Con el objetivo de contribuir a la reducción de los costos de manufactura de productos terapéuticos, desarrollamos un proceso de producción, purificación y validación de actividad biológica del factor de crecimiento humano recombinante FGF2 (hrFGF2). La proteína fue expresada en *E. coli* como fusión a un tag de Histidinas, producida en cultivos en escala Erlenmeyer y purificada mediante cromatografía de afinidad a quelatos metálicos. Validamos su actividad biológica en la línea celular murina de referencia NIH3T3, observando que las mismas logran replicar satisfactoriamente en medio DMEM con 0,5% suero fetal bovino en presencia de 10 ng/ml de hrFGF2. Además, evaluamos la estabilidad del hrFGF2 a 4 °C y 37 °C mediante SDS-PAGE, registrando una mayor estabilidad a la reportada en variantes comerciales, posiblemente atribuida a la ausencia de un proceso de

liofilización.

Actualmente, nos encontramos en la etapa de optimización de la producción y escalado a biorreactor de tanque agitado y próximamente evaluaremos su actividad biológica en cultivos de células pluripotentes.

CULTIVO CELULAR, FGF2, PROTEINA RECOMBINANTE, MEDICINA REGENERATIVA, BIOFARMACO

6/CCTM

AISLAMIENTO Y ESTABLECIMIENTO DE EMBRIONES DE ARROZ (ORYZA SATIVA L.) IN VITRO COMO HERRAMIENTA BIOTECNOLÓGICA PARA EL ESTUDIO DE DEFICIENCIA DE ZINC EN PLÁNTULAS

ALFANO, FABRIZIO M.^a; PESQUEIRA, JULIETA^b; MAIALE, SANTIAGO J.^c

a) Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Facultad de Ciencias Agrarias. Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria, Ambiente y Salud.

b) Facultad de Ciencias Agrarias - UNLZ

c) Instituto Tecnológico de Chascomús, INTECH
fabri.alfano5@gmail.com

El zinc cumple un rol fundamental en el metabolismo y desarrollo animal y vegetal, y en la actualidad es uno de los principales micronutrientes que manifiesta deficiencia en la alimentación mundial. En el cultivo de arroz es particularmente un problema en suelos húmedos y con pH alcalino. Por lo que el uso de variedades biofortificadas, sumado al uso de Rizobacterias Promotoras del Crecimiento Vegetal (PGPR) solubilizadoras de zinc, no solo mejoraría considerablemente la

producción y el rendimiento por hectárea del cultivo, sino que también generaría un alimento de alta calidad nutricional. El zinc es un micronutriente que se encuentra en muy bajas concentraciones en el suelo y presenta bajo umbral de respuesta en las plantas. El objetivo del trabajo consistió en ajustar una técnica que permita la detección temprana de deficiencias de Zn en plántulas de arroz y que sirva en futuros ensayos como herramienta para evaluar el uso de bacterias solubilizadoras de zinc. La metodología empleada consistió en aislar embriones de *Oryza sativa* var. Cambá con la finalidad de extraer el endosperma de la semilla, que representa la fuente del Zn almacenado, y sembrarlos in vitro para propiciar respuestas de deficiencias en estadios vegetativos tempranos. La técnica consistió en la desinfección e imbibición del cariopse, seguida por la escisión del embrión e introducción in vitro en medio Murashige y Skoog modificado, con (8,6 mg.L⁻¹) y sin sulfato de zinc. El cultivo se extendió durante 27 días en tubos dispuestos en cámara de cultivo a 25°C, con fotoperíodo de 12 h e intensidad lumínica de 107 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$. El experimento consistió en un DCA con 10 repeticiones y se utilizó ANOVA y el test DGC al 5% para evaluar las variables respuesta. Al cabo del período de evaluación se registraron los pesos frescos y se tomaron fotografías que luego se procesaron con el Image-J para analizar parámetros de crecimiento del vástago y de la raíz. Los pesos frescos de vástago ($p=0,0057$) y raíz ($p=0,0036$) en medio de cultivo sin Zn fueron menores que en el tratamiento control; sin embargo, la relación entre ambos (V/R) no mostró variación entre tratamientos ($p=0,1081$). El área radicular y el perímetro de las raíces de plántulas en medio sin Zn fueron significativamente menores que el control, $p=0,0149$ y $p=0,0144$, respectivamente. El largo del vástago también fue significativamente menor que el control cuando las plantas se cultivaron en el medio sin Zn ($p<0,0001$). A partir de este trabajo, concluimos que la técnica desarrollada permite detectar tempranamente deficiencias

de zinc en plántulas de arroz y podría ser utilizada como herramienta en el estudio de la interacción planta-microorganismo en condiciones axénicas de cultivo in vitro.

DEFICIENCIA MINERAL, ZINC, EMBRIONES, ARROZ

BIOTECNOLOGÍA VEGETAL

ANDROGÉNESIS IN VITRO Y PRODUCCIÓN DE DOBLE-HAPLOIDES EN SOJA (GLYCINE MAX L. MERR.)

ESTEVEES, PATRICIO^A; PARRA, JOAQUÍN^A; MORETTO, ALFREDO^A; PARRA, FACUNDO^A; FRANCO, MARCOS^A; MINUDRI, FEDERICO^A

a) Vitron Biotecnología Vegetal

patricioesteves@vitron.com.ar

Los dobles-haploides (DHs) son plantas 100% homocigotas que pueden ser obtenidas vía androgénesis in vitro a partir de microsporas que han duplicado su genoma, e inducidas a embriogénesis gamética (EG). Los embriones gaméticos germinan y producen plantas ideales para asistir programas de mejoramiento genético y estudios de genética y genómica. A la fecha, la literatura científica no ha reportado regeneración de embriones gaméticos en soja, y éste es el primer reporte de esa obtención, y también el objetivo principal de esta investigación. Este trabajo se desarrolla bajo un acuerdo de investigación entre GDM y VITRON biotecnología vegetal.

Las plantas dadoras fueron cedidas por GDM, y corresponden al cv. "Jack", y varias líneas S2-S3 que se cultivan indoor. El cv. "Jack" es considerado un modelo para inducción de embriogénesis somática (ES) (Moon & Hildebrandt, 2003), y asumimos que existen correlaciones genéticas y fisiológicas entre la ES y la EG (Esteves & Belzile 2018). Además, siendo Jack un genotipo homocigota ofrece reproducibilidad del factor genético en los diferentes experimentos. Botones florales se cosecharon a entre 2 y 4 mm de largo (Cardozo et al 2004) y se desinfectaron con 20% NaClO durante 15 min antes de enjuagar 3 veces con H₂O_d estéril. Las flores o anteras disecadas se sembraron en 3 medios de pretratamiento: - Solución A (Kyo & Harada 1986); - Medium B (Zheng & Konzak 2001);

- Mannitol 0,30 M (Esteves & Belzile 2014), durante 2-3 días a 25 o 32°C, en oscuridad. Se utilizó el medio de inducción M8M (Esteves & Belzile (2014), y 7 combinaciones de TDZ (Thidiazuron) y Dicamba (ácido 3,6-dicloro-o-anisico) en rango de 0-1,2 y 0,7-9,8 mg/l, respectivamente, con o sin co-cultivo de ovarios (Cistué et al 2009). En total se probaron 14 medios de inducción. Cada tratamiento se repitió 3 veces, cada repetición representada por 2 placas de petri (de 35 mm) conteniendo 50-80 anteras c/u.

A los 30-40 días se obtuvieron "Embryo-like-structures" (ELS) y callos (Foto 1 y 2), que se transfirieron a un medio de regeneración RMT (Esteves et al 2014), y fueron dispuestos en cámara a 24 ±2°C e iluminación de 250 µmol/s.m² y 16/24 hs de fotoperíodo.

Todos los pretratamientos y medios de cultivo ensayados produjeron neoformaciones derivadas de microsporas, y la comparación estadística está en curso. Los resultados obtenidos con el cv. Jack se reprodujeron con las líneas heterocigotas ensayadas. Este resultado sugiere que la respuesta morfogenética in vitro positiva depende del estadio de desarrollo de las microsporas antes que de la composición hormonal del medio de cultivo o del tipo de pretratamiento.

Actualmente se está evaluando: la tasa de formación y regeneración de ELS, de plantas verdes/albinas, y de duplicación espontánea del genoma (ratio DHs/H).

SOJA, DOBLES-HAPLOIDES, ANDROGÉNESIS IN VITRO, EMBRIOGÉNESIS GAMÉTICA

OBTENCIÓN DE UN AUTO-POLIPLOIDE DE CANNABIS SATIVA MEDIANTE BIOTÉCNICAS

IANNICELLI, JESICA^A; PATANIAN, DIEGO^A; RODRIGUEZ, ROCÍO^A; BUGALLO, VERÓNICA^A; COVIELLA, ANDREA^A; GARAVAGLIA, MATÍAS^A; STRITZLER, MARGARITA^A; SOTO, GABRIELA^B; MAFFÍA, PAULO^A

a) *Laboratorio de Aplicaciones Biotecnológicas y Microbiología, Universidad Nacional de Hurlingham.*

b) *Instituto de Genética "Edwald Alfredo Favret" (IGEAF), INTA, Argentina.*

jesica.iannicelli@unahur.edu.ar

A medida que aumenta la demanda de aceites y/o productos derivados del cannabis, existe una necesidad acuciante de desarrollar mejoras para incrementar la producción de sus metabolitos. Esto puede lograrse por técnicas biotecnológicas a través del cultivo in vitro de tejidos. Con el objeto de desarrollar germoplasma con nuevas propiedades fisiológicas se ha propuesto utilizar la técnica de poliploidización in vitro. Para esto se sembraron segmentos nodales en medio C2020 y una vez inducido el desarrollo de brotes se transfirieron a un recipiente con una solución de colchicina 0,01% en oscuridad durante 24 y 48 hr. Luego se subcultivaron al mismo medio de multiplicación, en luz. Tras un mes de cultivo, el 100% de los explantos del tratamiento 24 h generaron nuevas yemas, al igual que los controles; mientras que para el tratamiento 48 h el porcentaje fue del 43%. Las plántulas regeneradas fueron aclimatadas y transferidas a condiciones ex vitro en un cuarto de crecimiento tipo indoor, obteniéndose una sobrevivencia del 41%. De un total de 17 plantas, se detectó 1 poliploide mediante mediciones del contenido de ADN por citometría de flujo, que se confirmó por conteo cromosómico mostrando un recuento de $2n=4x=40$. Este hallazgo resulta en el primer genotipo autopolloide, autotetraploide, que se obtiene en esta línea de investigación. El individuo fue clonado por estacas, y al día de la fecha se mantiene y propaga la genética de esta manera. Con este desarrollo se inició la caracterización morfológica, evaluándose hasta el momento la longitud de estomas,

largo de pecíolos y distancia internodal, para las cuales se encontraron diferencias significativas ($p<0.05$). Por otro lado, se está iniciando la caracterización química, para lo cual se inducirá la floración en tres sitios y condiciones indoor. Para esto se contará con la participación de cultivadores de la zona, con quienes se han concertado vínculos de cooperación formalizados mediante convenios marco con la Universidad. Se trabajará en conjunto con la empresa CicloCultivo, la asociación Pampachay, y la Cooperativa Todo Orgánico. Una vez cosechados los materiales de cada condición se procederá al análisis del contenido de cannabinoides por HPLC. A partir de este trabajo y la obtención de individuos poliploides se abre un interesante panorama para el mejoramiento a través de biotecnología de la especie, así como para el estudio y caracterización de su fisiología.

CULTIVO IN VITRO, MEJORAMIENTO VEGETAL, POLIPLOIDIZACIÓN

4/BV

LUEHEA DIVARICATA, ESTRATEGIAS DE PROPAGACIÓN CON FINES DE CONSERVACIÓN

BASIGLIO CORDAL, MARÍA A. ^A; MONACO JESUS, JULIETA^A

a) *CEAMSE (Coordinación Ecológica Área Metropolitana Sociedad del Estado)*

maribasiglio@gmail.com

Luehea divaricata o "Azota caballo", pertenece a la Familia Malvaceae. Arbol caducifolio, de zonas húmedas y bajas. Nativo de Argentina, Paraguay, Brasil y Uruguay. Ha sido muy utilizada en la recuperación de las zonas degradadas. Su madera es diversamente utilizada, lo que redujo sus poblaciones naturales y provocó

dificultades para obtener semillas.

El fruto, cápsula ovoide leñosa, color pardo, se abre por 5 líneas hasta la mitad. Las semillas son numerosas, aladas, de 5-7 mm de largo. Florece de enero - julio y fructifica de junio - agosto. Alcanza 20 a 30 metros de altura. Produce 248.000 semillas por kg aproximadamente.

Es alimento de mariposas, picaflones y el Tangará gris (*Thlypopsis sordida*). Las larvas de la mariposa "bandera argentina" (*Morpho epistrophus*), la usan de hospedaje cuando no se encuentra el coronillo.

El objetivo del presente trabajo es comenzar a ajustar protocolos de cultivo in vitro y métodos de propagación ex vitro que permitan fortalecer el estado de conservación de ésta importante especie. Con el fin de comparar la tasa germinativa mediante siembra tradicional en almácigos, se sembraron 6 de ellos con 100 semillas cada uno, probando tres pretratamientos: testigo, inmersión en agua caliente y en agua fría 24 hs y dos tipos de sustratos, compost puro y una mezcla de turba y perlita en igual proporción. Cada pretratamiento fue replicado tanto para un almácigo con compost puro, como para uno con la mezcla de turba y perlita.

Para probar la desinfección del material se procedió a ingresar 4 muestras de 100 semillas cada una para su siembra in vitro en diferentes medios de cultivo (Total= 400 semillas). Para ello se mantuvieron en agua caliente 24 hs, luego, durante 2 hs en fungicida, alcohol 70% por 90 segundos y por último en Hipoclorito de sodio comercial al 25% por 20 a 35 min. En Campana de Flujo Laminar se enjuagaron con agua bidestilada estéril y se sembraron de 4 por frasco (Total: 100 frascos). Medios ensayados: Aislamiento (Sacarosa y agar), Murashige & Skoog a la mitad de su concentración, y Woody Plant Medium completo. (33 frascos con cada medio).

Para las pruebas realizadas en almácigos, se ha podido determinar que la mejor forma de sembrar semillas de *Luehea divaricata* en condiciones de vivero, logrando una tasa germinativa del 90%, es utilizando

turba y perlita como sustrato (respecto al compost puro) y remojadas 24 hs en agua fría. Las primeras evidencias de germinación ocurren entre los 40/45 días de siembra.

Para las pruebas realizadas in vitro, el porcentaje de germinación registra una variación entre el 72% al 92%, lo que indica que el 80% de los frascos germinaron. La germinación inicia a los 20 días. Con respecto a los medios de cultivo, Woody Plant Medium fue el de mejores resultados para garantizar la germinación (47,5%), seguido del medio de Aislamiento (32,5%) y por último, con escasos frascos en Murashige Skoog a la mitad de su concentración (20%).

BIODIVERSIDAD, CONSERVACIÓN, CULTIVO IN VITRO

5/BV

DESARROLLO Y EVALUACIÓN DE PROTOCOLOS DE PROPAGACIÓN IN VITRO Y EX VITRO DE *ASCLEPIA MELLODORA*

MONACO JESUS, JULIETA^A; BASIGLIO CORDAL, MARÍA A. ^A

a) CEAMSE (Coordinación Ecológica Área Metropolitana Sociedad del Estado)

jumonacojesus@gmail.com

Asclepia mellodora, conocida como "Yerba de la víbora", es una hierba perenne nativa de Sudamérica. Perteneciente a la familia Apocynaceae y se encuentra en pastizales, laderas y terrenos modificados antrópicamente. Aunque se ha demostrado su toxicidad aguda para ovinos, *Asclepia mellodora* tiene diversos usos en la medicina tradicional. Un aspecto ecológico relevante es ser hospedera de la mariposa monarca (*Danaus erippus*), que deposita

sus huevos en la planta y cuyas larvas se alimentan de ella. Puesto que no existen antecedentes en la literatura científica sobre la propagación de ésta especie, esto sugiere una oportunidad para contribuir al conocimiento biotecnológico de la misma. El objetivo principal del estudio es presentar los tres ensayos experimentales de propagación in vitro y ex vitro de *Asclepia mellodora*:

Se optimizó la desinfección de semillas para su siembra in vitro. Un protocolo secuencial con soluciones de Captan And Flo, Kanamicina, alcohol y lavandina, finalizando con enjuagues con agua ultrapura esterilizada, redujo la contaminación a un 6%.

Se comparó la germinación in vitro y ex vitro usando seis pretratamientos en semillas recién cosechadas y antiguas. En los mismos se utilizaron soluciones tales como: Plata coloidal, ácido giberélico, inmersión en agua fría 24 y 48 hs y demás combinaciones. Ex vitro, la siembra en compost en mesada con túnel de polietileno, riego automatizado y cables calefactores mostró una germinación superior en semillas frescas (70% más que las antiguas). In vitro, el pretratamiento más efectivo aumentó la germinación en un 81% en comparación con las semillas viejas. En general, la germinación ex vitro fue ligeramente mayor, con una diferencia del 14% respecto al mejor resultado in vitro.

Se evaluó el uso de tubos con algodón embebido en medio líquido como alternativa al agar para micropropagación de estacas. Diecisiete estacas desinfectadas se cultivaron en diferentes medios líquidos. Esta técnica permitió obtener 98 estacas en seis semanas con menos del 5% de contaminación. No obstante, el enraizamiento aún representa un desafío.

En conclusión, el estudio logró avances significativos en la propagación de *Asclepia mellodora*. Se optimizó la desinfección de semillas para cultivo in vitro y se introdujo un sistema de cultivo líquido con soporte de algodón para la micropropagación de estacas, que resultó eficiente para la elongación.

ASCLEPIA MELLODORA, PROPAGACIÓN, PROTOCOLO DE DESINFECCIÓN, TASA GERMINATIVA, MICROPROPAGACIÓN

6/BV

ATPLC2 COMO MEDIADOR CLAVE DE LA RESPUESTA DE RAÍCES DE ARABIDOPSIS A LA QUITINA, UN ELICITOR FÚNGICO

PERK, BRUNO A.[^]; ROBUSCHI, LUCIANA[^]; LAXALT, ANA M.[^]

a) Instituto de Investigaciones Biológicas, CONICET, Universidad Nacional de Mar del Plata

amlaxalt@mdp.edu.ar

Las fosfolipasas C (PLC) son enzimas clave en la transducción de señales, catalizando la hidrólisis de fosfoinosítidos (PIP y PIP₂) para generar los segundos mensajeros ácido fosfatídico (PA) e inositoles fosfato (IP₂, IP₃). Estos lípidos, actúan como moléculas señal fundamentales durante las respuestas de defensa vegetal. Estudios previos en nuestro laboratorio han demostrado que la fosfolipasa C2 de *Arabidopsis thaliana* (AtPLC2) es un componente esencial de la vía de señalización activada por flagelina. En este trabajo, nos enfocamos en caracterizar la participación de AtPLC2 en la respuesta de raíces de *Arabidopsis thaliana* frente al elicitor fúngico quitina, comparando los ecotipos Columbia (Col-0) y Wassilewskija (Ws). Para ello, se analizaron parámetros de desarrollo radicular—longitud de raíz primaria y elongación de pelos radiculares—en plántulas silvestres y mutantes knock-out PLC2-1, así como en líneas mutantes para receptores de quitina. Los resultados revelan que la exposición a quitina induce una inhibición del crecimiento de la raíz principal y una elongación significativa de los pelos

radiculares. En los mutantes PLC2-1 no se observó una inhibición del crecimiento de la raíz principal. Esto sugiere que la AtPLC2 participa en las vías de señalización inducidas por quitina en cuanto a la regulación del desarrollo de la raíz.

Este estudio contribuye a esclarecer los mecanismos moleculares involucrados en la percepción de quitina y la respuesta inmunológica radicular, profundizando el entendimiento del rol de AtPLC2 en la modulación del desarrollo vegetal bajo condiciones de estrés biótico.

FOSFOLIPASA, QUITINA, SEÑALIZACIÓN, DESARROLLO RADICULAR, ARABIDOPSIS THALIANA

7/BV

APLICACIÓN DE CRISPR/CAS9 PARA EL ANÁLISIS FUNCIONAL DE GENES DE FOSFOLIPASA C (SLPLC) EN TOMATE

PERK, ENZO^A; LORENZANI, SALVADOR^A; FERNANDEZ, JULIANA^A; FIOL, DIEGO^A; LAXALT, ANA M.^A

a) Instituto de Investigaciones Biológicas, CONICET, Universidad Nacional de Mar del Plata

amlaxalt@mdp.edu.ar

Las fosfolipasas C dependientes de fosfatidilinositol (PLC) constituyen una familia de enzimas clave en la transducción de señales en plantas, al catalizar la hidrólisis de fosfolípidos de membrana como el fosfatidilinositol-4-fosfato (PI(4)P) y el fosfatidilinositol-4,5-bisfosfato (PI(4,5)P₂). Esta reacción genera dos segundos mensajeros: el inositol-1,4,5-trifosfato (IP₃), que moviliza calcio intracelular, y el diacilglicerol (DAG), que puede ser posteriormente fosforilado a ácido fosfatídico (PA), involucrado en múltiples procesos

del desarrollo y respuesta al estrés.

En este contexto, y con el fin de avanzar en la caracterización funcional de esta familia en *Solanum lycopersicum*, se seleccionaron dos genes SIPLC para su edición mediante la tecnología CRISPR/Cas9. El análisis fenotípico de las líneas mutantes knock-out reveló comportamientos divergentes: mientras que plantas knock out en uno de los genes no mostraron alteraciones morfológicas evidentes, KO en otro de los genes de la familia presentaron un fenotipo significativo de acortamiento de internodos y epicótilo (entre el 30 y el 40%), lo que sugiere un rol específico de esta isoforma en el desarrollo vegetativo temprano.

Para explorar las posibles bases moleculares de estas diferencias, se realizó un análisis comparativo in silico de las proteínas codificadas por ambos genes. A través del alineamiento de secuencias, la identificación de dominios conservados y el modelado de estructura, se identificaron variaciones en diferentes regiones como el dominio EF-hand, los motivos responsables de la interacción con los sustratos y el dominio C2. Estas diferencias podrían afectar la localización subcelular, la afinidad por los sustratos PI(4)P y PI(4,5)P₂ o la eficiencia catalítica, y en consecuencia, modificar la producción de IP₃, DAG y PA, impactando directamente en vías de señalización asociadas al crecimiento.

En conjunto, estos resultados evidencian una especialización funcional entre miembros de la familia PLC en tomate y resaltan el valor de integrar herramientas de edición génica con análisis bioinformáticos estructurales para dilucidar funciones génicas en sistemas vegetales. Se propone que algunas SIPLC participan activamente en rutas vinculadas a la elongación celular y la regulación hormonal, mientras que otras podrían estar implicada en funciones compensatorias o en contextos fisiológicos alternativos. Este trabajo aporta nuevas evidencias sobre la diversidad funcional de las PLC y su relevancia para la biotecnología vegetal.

EVALUACIÓN DE LOTE SEMILLERO DE MANDIOCA A PARTIR DE PLANTINES REGENERADOS “IN VITRO” MEDIANTE LA TÉCNICA DE EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA

SANCHEZ, PAULA J.^{A,B,C}; SCHEDLER M.^{C,D}; IMBROGNO LUCIANA^{A,B}; HOROSZUK A.^C; FARIAS Y.^C; KUBIAK DANIELA^B; CORREA M.A.^D

a) Ministerio del Agro y la Producción, Gobierno de la provincia de Misiones.

b) Biofábrica Misiones

c) Universidad Nacional del Alto Uruguay

d) Agencia de Extensión Rural INTA Puerto Rico

sanchezjpaula@gmail.com

La mandioca es un cultivo ampliamente difundido en las provincias del NEA representando un cultivo de renta por su uso industrial, consumo fresco y animal. La presencia de enfermedades constituye un factor limitante de la productividad del cultivo, siendo importante aportar técnicas de multiplicación que permitan asegurar la sanidad del material de plantación. El objetivo del trabajo fue evaluar el comportamiento a campo de plantas de mandioca producidas “in vitro” regeneradas a partir de embriogénesis somática, constituyendo un estudio de caso sin antecedentes en la provincia de Misiones. Para garantizar el buen estado sanitario del lote, se realizó el diagnóstico molecular de Xanthomonas axonopodis y CCMV, Cassava common virus (virus del mosaico) a los brotes introducidos “in vitro”, pasando solamente los brotes sanos a la fase de inducción de la embriogénesis. La experiencia se instaló en octubre de 2024 en el campus

de la Universidad Nacional del Alto Uruguay, San Vicente Misiones (27°01' 29'S, 54°29'17'O). Se utilizó el cultivar “Papa blanca” obtenido por embriogénesis somática en Biofábrica Misiones S.A., empleando 50 plantas a una densidad de 10.000 pl/ha. Las variables analizadas fueron: porcentaje de supervivencia, estado sanitario general y número potencial de material de propagación para una plantación comercial. El porcentaje de supervivencia se determinó mediante el cociente de número de plantas establecidas sobre el número de plantas instaladas por 100, para el estado sanitario general se observó la presencia de síntomas causados por enfermedades fúngicas, bacterianas o virósicas y daños por ataque de plagas; mientras que el número potencial de material para propagación se estimó contabilizando el número de estacas obtenidas de un tallo, considerando un largo de estaca de 12 cm y un número mínimo en la estaca de 7 yemas. Las mediciones se realizaron a los 6 meses (abril de 2025) y los datos fueron analizados mediante el programa Infostat. Los resultados preliminares mostraron un 96% de supervivencia del material en campo, con un estado sanitario general muy bueno. No se observaron síntomas de enfermedades ni daños por plagas. El número potencial de material para propagación arrojó un promedio de 7 estacas viables por tallo, representando un potencial de 7 hectáreas de plantación comercial a partir de una hectárea de semillero implantado. Los resultados preliminares obtenidos demuestran el potencial de la técnica de embriogénesis somática como herramienta biotecnológica para la implantación de semilleros de mandioca, lo que permite sentar las bases para seguir investigando y consolidar la técnica como una línea de mejora del rendimiento y ampliación de la superficie del cultivo en la región.

MANDIOCA, EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA

DIVERSIDAD GENÉTICA DEL TRIGO EN PARAGUAY PARA INCREMENTAR RENDIMIENTO, CALIDAD Y RESILIENCIA DEL CULTIVO

VILLALBA, ALCIDES^A; MOREL MONGES, ALBERTO^B; BRITZ, LIZ^C; SILVERO, MARIELA^A; CURTIDO, JOSÉ^C; LOPEZ MÜLLER, LUIS^B; ARNOLD, LAURA^B; BOBADILLA, NATHALIA^B; REYES CABALLERO, YESSICA M.^B; SCHOLZ, RUTH^B; CARDOZO, LOURDES^D; FERNÁNDEZ-GAMARRA, MARTA A.^B; VANZETTI, LEONARDO^E; HELGUERA, MARCELO^F

a) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA), Campo Experimental Yhovoy (CEY). Ruta X, km 333 - Distrito de Yvyra Robana, Dpto. de Canindeyu, Paraguay.

b) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA), Centro de Investigación Capitán Miranda (CICM). Ruta VI Km 16,5 c/ Calle C, Capitán Miranda, Paraguay.

c) Programa IPTA-BID Nro 4925 OC/PR-L1162.

d) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA) Centro de Investigación "Hernando Bertoni", (CIHB). Ruta II, Mcal. Estigarribia km 48,5 - Distrito de Caacupé, Dpto. de Cordillera, Paraguay.

e) Sistema Agrícola-Ganadero, Área Biotecnología y Mejoramiento Genético, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Estación Experimental La Estanzuela, Colonia 70006, Uruguay.

f) Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IF-RGV), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Córdoba X5014MGO, Argentina

alcides.villalba@ipta.gov.py

El cultivo de trigo en Paraguay es una actividad estratégica que contribuye a la eco-

nomía agrícola del país y a la seguridad alimentaria de su población, meta vinculada directamente al ODS 2 Hambre Cero. Cultivo invernacional tradicionalmente cultivado en la Zona Sur y Este, en los últimos años ha ganado terreno en regiones como San Pedro y el Chaco, evidenciando potencial para diversificar la producción y fortalecer la rentabilidad agrícola. Paraguay ha sido históricamente un país importador de trigo que, gracias al aporte sostenido de capacidades de sectores público y privado, en años recientes (desde 1986) logró el autoabastecimiento y la exportación de excedentes (desde 1989) a otros países.

El crecimiento sostenido de la producción de trigo en Paraguay se desarrolla en un contexto de cambio climático dado por el calentamiento global que implica un incremento en la frecuencia de eventos extremos de sequías prolongadas, exceso de precipitaciones, elevación de temperaturas mínimas, ocurrencia de nuevas enfermedades, lo que penaliza rendimientos y compromete seguridad de cosecha y seguridad alimentaria.

El Programa de Investigación de Trigo del IPTA (PIT) ha sido un actor clave en el incremento de la producción triguera en Paraguay, contribuyendo a través del mejoramiento genético con la liberación de cultivares como Canindé-31; Itapúa-90; Itapúa-95, Itapúa-100, Itapúa-105, Itapúa-110 (período 2018-2023) que aportan a la productividad, volumen de producción y el comercio local y regional. En este sentido el desarrollo reciente de herramientas de análisis a nivel de genomas completos combinadas con datos fenotípicos permite establecer de manera precisa y exhaustiva la base genética de caracteres clave para el mejoramiento, como rendimiento, sanidad, calidad, y atributos esenciales para adaptación al cambio climático, como tolerancia a altas temperaturas, resistencia a enfermedades emergentes (ej. brusone o pyricularia, nuevas razas de royas) etc. Esta combinación de genes y alelos superiores para la construcción de la adaptación, rendimiento, calidad, sanidad y resiliencia al cambio climático considerando

un ambiente particular es lo que se define como ideotipo.

A continuación, se describen una serie de innovaciones en el PIT que tienen que ver con la incorporación de herramientas derivadas del conocimiento del genoma de trigo. Estas son: (i) la selección de un panel representativo de introducciones, material estabilizado y líneas avanzadas del programa (384 genotipos) para establecer su diversidad genética, utilizando 3900 SNPs distribuidos a lo largo del genoma, incluyendo, genes asociados a calidad (58 genes/SNPs), sanidad (56 SNPs), rendimiento, adaptación y resistencia a estreses abióticos (297 SNPs); (ii) la implementación de ensayos fenológicos, viveros sanitarios y análisis de calidad panadera con los 40 materiales de mayor rendimiento del programa en ambientes representativos de las Regiones Norte y Sur del cultivo de trigo en Paraguay, (iii) integrar información genotípica y fenotípica para definir ideotipos Norte y Sur de trigo pan, (iv) contribuir a la ganancia genética del programa en combinación con calidad y resiliencia al cambio climático integrando estrategias de avance acelerado de generaciones combinado con SAM y el diseño de cruza inteligentes para la construcción de ideotipos Norte y Sur.

MEJORAMIENTO, TRIGO, GENÓMICA, RESILIENCIA

10B /V

EVALUACIÓN DE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA EN VARIEDADES COMERCIALES DE ARROZ

TASCHETTA, LARA^A; BEZNEC, AILÍN^B; COLAZO, JOSÉ^C; BOSSIO, EZEQUIEL^B; FACCIO, PAULA D.^B

a) Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología (DCAyT), Universidad Nacional de Moreno.

b) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Genética.

c) EEA Concepción del Uruguay, GTMGA, INTA

faccio.paula@inta.gob.ar

El cultivo in vitro es una herramienta fundamental en la biotecnología vegetal. En el caso de los cereales, como el arroz, este proceso puede realizarse mediante embriogénesis somática, la cual permite obtener plantas no quiméricas. Sin embargo, su eficiencia depende en gran medida del genotipo y suele ser baja en los cultivares que presentan las mejores características agronómicas, lo que limita su aplicación en programas de mejoramiento biotecnológico. Este estudio tiene como objetivo comparar la respuesta al cultivo in vitro de siete variedades de interés productivo Guri INTA CL (G), Angiru INTA CL (A), Puitá INTA CL (P), Memby Pora INTA CL (M), Kira INTA (K) y Koshinta (Ksh). Estos cultivares provienen del programa de mejoramiento genético del INTA y fueron seleccionados por sus cualidades agronómicas y culinarias. Además, se sumó la variedad Yerua (Y), perteneciente a la Universidad de La Plata. Se obtuvieron los callos a partir de semillas maduras, las cuales se desinfectaron con hipoclorito de sodio 2% + Tween 20 y posteriormente se colocaron en medio de inducción de callo (MS con vitaminas 4,4 g/l; sacarosa 30 g/l, caseína 300 mg/l, prolina 600 mg/l, 2-4D 3 mg/l, agar 8 g/l, pH5,6) durante 15 días a 28°C en oscuridad, luego se pasaron a medio de regeneración (MS con vitaminas 4,4 g/l; sacarosa 30 g/l, kinetina 1 mg/l, ANA 0,5 mg/l, BAP 3 mg/l, agar 8 g/l, pH5,6) con fotoperíodo de 16h. luz a 28°C cte., con repique quincenal. Se evaluó la capacidad de formación de callos a partir de explantes (%CC) como (número de callos formados/total de explantes)*100, capacidad embriogénica (%CE) como: (número de callos embriogénicos / total de callos)*100 y capacidad de regeneración de los callos embriogénicos (% CR) como: (número de callos regenerantes/total de callos em-

briogénicos) *100 y la cantidad de plantas por callo obtenidas. Adicionalmente, para las variedades Guri y Kira se comparó la respuesta de embriones inmaduros con la de semillas maduras, utilizando el mismo protocolo. Las plántulas obtenidas se rustificaron en cámara de cría a 28°C cte. con fotoperiodo 16h. luz y humedad 70%. Todas las variedades desarrollaron callos a partir de semilla madura. Las variedades P, M, A, G mostraron una mayor capacidad embriogénica con valores superiores al 65.06% ($p = 0.0035$) respecto a las de K, Ksh y Y en las condiciones de cultivo. El %CR no presentó diferencias significativas entre las variedades ($p = 1.0$). Yerua, si bien formó callos embriogénicos, no produjo plántulas bajo las condiciones evaluadas. En contraste, las demás variedades completaron su ciclo en cámara de cría, produciendo plantas fértiles. En el caso de G y K, los callos inducidos de los embriones inmaduros generaron más plantas por callo en comparación con los inducidos de semillas maduras, lo que sugiere un mayor potencial regenerativo desde este tipo de explante. Para todas las variedades (menos Y) fue posible lograr un protocolo completo de embriogénesis somática. Los resultados de este estudio sientan las bases para la incorporación de características deseables por ingeniería genética en cultivares locales de arroz.

CULTIVO IN VITRO, ARROZ, VARIEDADES LOCALES

11/BV

DESARROLLO DE LA EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA EN CULTIVARES DE MANIHOT ESCULENTA

ESCALANTE, EVANGELINA M.^A; DOMINGUE, ADELAIDA S.^A; GOMEZ KOSKY, RAFAEL^B; FUKUDA, ELISA N.^A; IMBROGNO, LUCIANA P.^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

b) Instituto de Investigaciones de la Caña de Azúcar (UEB INICA Villa Clara). Cuba.

biofabrica.laboratorio3@gmail.com

Manihot esculenta se cultiva ampliamente en zonas tropicales y subtropicales. La ventaja del cultivo radica en la diversidad de sus usos, ya que sus raíces y hojas pueden ser utilizadas para consumo humano o animal. Las limitaciones del cultivo son la falta de material o semilla sana y por ende, bajos niveles de rendimiento. La propagación vegetativa mediante esquejes constituye un medio de diseminación y transmisión de plagas y enfermedades, principalmente virus. A través de la aplicación de técnicas biotecnológicas como ser el cultivo in vitro de tejidos vegetales, se puede mejorar la calidad, sanidad y cantidad de plantines en esta especie. Teniendo en cuenta que este es un proceso altamente dependiente del genotipo de las plantas dadoras de explantes, en Biofábrica Misiones S.A., se planteó como objetivo principal evaluar el potencial embriogénico de diferentes cultivares de interés comercial de Mandioca, a través de la técnica de embriogénesis somática indirecta para poder desarrollar un protocolo de regeneración in vitro. Como material vegetal se utilizaron yemas axilares provenientes de estacas de plantas madres de cuatro cultivares de mandioca: IAC 90 (apta para industria) Papa blanca, Rocha y Pombero Guazú (aptas para consumo fresco), las cuales fueron acondicionadas bajo condiciones semicontraladas en el área de vivero. Las mismas fueron desinfectadas en cabina de flujo laminar en alcohol 70% y luego con hipoclorito de sodio a 2,5 g/L, realizando 3 enjuagues con agua destilada estéril más antioxidante. El proceso se inició con la fase de formación de callos con estructuras embriogénicas, en la cual bajo lupa estereoscópica se procedió a la extracción y cultivo de las yemas, utilizando medio de cultivo basal según composición Murashige and Skoog, cuyas condiciones ambientales

fueron temperatura $26^{\circ} \pm 2^{\circ}\text{C}$, y oscuridad total. En esta fase se analizó el efecto de la posición de la yema axilar de brotes de estacas y el efecto de diferentes concentraciones del fitoregulador 2,4-D (4 a 10 mg L^{-1}). Como resultados de los 4 cultivares estudiados se obtuvieron callos con formación de estructuras embriogénicas en los cultivares Papa blanca y IAC90 y en el tratamiento con 10 mg L^{-1} de 2,4-D, lo que comprueba que esta fase es dependiente del genotipo. Respecto a la posición de la yema en el tallo, se observó formación de embriones somáticos en la yema axilar n° 2 y 3 con un % de formación del 4 al 22,2 %, quedando comprobado que la posición de la yema axilar muestra un efecto marcado. Después de 30 días de cultivo los embriones somáticos fueron cultivados a un medio de cultivo basal Murashige and Skoog suplementado con fitoreguladores 6-BAP, AG_3 , ANA y carbón activado vegetal para lograr su germinación y conversión a plantas enteras (hojas, tallos y raíz) a una temperatura de cultivo de $26^{\circ} \pm 2^{\circ}\text{C}$, y fotoperiodo de 16/8 horas luz/oscuridad. Con esta metodología queda demostrado que es posible regenerar plantas de mandioca a través de la técnica de embriogénesis somática y que es factible continuar ajustando los resultados en los demás cultivares de interés.

CULTIVO IN VITRO, EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA, YEMAS

12/BV

SELECCIÓN DE NANOANTICUERPOS PARA EL DESARROLLO DE UNA ESTRATEGIA ANTIVIRAL FRENTE AL VIRUS DEL MAL DE RÍO CUARTO DEL MAÍZ

MONTI, DEMIÁN^A; LLAUGER, GABRIELA^B; SAN-

CHEZ, SOFIA A.^B; CERUTTI, MARÍA L.^C; DEL VAS, MARIANA^B.

a) INCUINTA, CICVyA - INTA

b) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVyA - INTA UEED INTA/ CONICET

c) Centro de Rediseño e Ingeniería de Proteínas (CRIP), EBYN, UNSAM/CONICET

sanchez.sofia@inta.gob.ar

El virus del Mal de Río Cuarto (MRCV, Fijivirus, Spinareoviridae) causa una enfermedad de gran impacto en cultivos de maíz en Argentina. La replicación y el ensamblado de las partículas virales ocurre en fábricas virales compuestas principalmente por la proteína P9-1, cuya capacidad de formar estructuras multiméricas es esencial para su función. Nuestro grupo ha determinado la estructura de P9-1 mediante Cryo-EM y observamos que forma multímeros de distinto orden, mayoritariamente decámeros (80%) y dodecámeros (20%). Esta multimerización depende de un brazo C-terminal de 24 aminoácidos. La remoción de este brazo da lugar a dímeros. Tanto los dímeros como los multímeros presentan actividad ATPasa, sin embargo, la actividad ATPasa de los multímeros de P9-1 es potenciada por la unión a ARN y dicha potenciación no se observa en dímeros de P9-1. También es importante destacar que la formación de las fábricas virales es un evento muy temprano del ciclo infeccioso. Los nanoanticuerpos (Nbs) derivados de camélidos han demostrado gran utilidad en aplicaciones biotecnológicas. Nuestro grupo ha generado Nbs con alta afinidad por P9-1, los cuales han sido empleados para desarrollar un kit diagnóstico por ELISA actualmente en comercialización. En este trabajo evaluamos los efectos sobre la multimerización de P9-1 por parte de tres Nbs específicos contra esta proteína, Nb1, Nb13 y Nb25. Dos de estos Nbs (Nb13 y Nb25) fueron capaces de modificar el estado oligomérico de P9-1. Esta actividad fue evaluada mediante ensayos de unión seguidos de electroforesis en geles de poliacrilamida nativos en gradiente. La unión

de Nb13 indujo la formación de complejos de tamaño significativamente mayor al de los decámeros, mientras que Nb25 generó complejos tanto de mayor como de menor tamaño. En contraste, Nb1 y un Nb no relacionado no alteraron la migración de los decámeros. Estos resultados fueron confirmados mediante análisis de dispersión dinámica de la luz (DLS) de los complejos formados.

Como perspectiva a mediano plazo, se propone desarrollar una estrategia de resistencia al MRCV basada en la expresión de Nb13 y Nb25 en el floema de plantas transgénicas de trigo y evaluar la resistencia de las líneas obtenidas mediante ensayos de infección en invernáculo utilizando insectos vectores virulíferos.

NANOANTICUERPO, MRCV, MAÍZ, FABRICA VIRAL, MULTIMERIZACIÓN

13/BV

EFFECTO DE LA UTILIZACIÓN DE ÁCIDO ASCÓRBICO DURANTE LA MICROPROPAGACIÓN IN VITRO DE BANANO (MUSA SPP.) VARIEDAD CAVENDISH EN BIORREACTORES

LOPEZ HERMANN, FATIMA^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A; IMBROGNO, LUCIANA P. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

fatimalopezhermann0@gmail.com

El banano (*Musa spp.*) es un cultivo de gran relevancia alimentaria dependiendo de él como alimento básico más de 400 millones de personas. Dada la ineficiencia de los métodos de propagación convencionales a campo, la micropropagación se presenta como una técnica eficaz para propagar masivamente genotipos selec-

cionados y obtener plantas libres de enfermedades, entre otras ventajas. El uso de Biorreactores de Inmersión Temporal (BIT) es una alternativa para incrementar la producción clonal de banano. Sin embargo, durante el proceso de multiplicación de banano se pueden presentar problemas fisiológicos como la oxidación fenólica que afecta a viabilidad y calidad de los explantes. La incorporación de Ácido Ascórbico (AA) al medio de cultivo es una estrategia conocida para mitigar este fenómeno ya que minimiza ya que actúa como antioxidante, reduciendo la oxidación de fenoles y el oscurecimiento de tejidos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de distintas concentraciones de AA, aplicadas exclusivamente durante la fase de multiplicación en BIT, sobre la oxidación fenólica y el coeficiente de multiplicación (CM) en *Musa spp.* var. Cavendish. Se utilizaron explantes de banano Cavendish previamente establecidos in vitro, los cuales fueron cultivados en medio MS líquido suplementado con 30 g/L de sacarosa, 2 mg/L de BAP y tres tratamientos de AA: 0 mg/L (control), 100 mg/L y 200 mg/L. Cada tratamiento se replicó 5 veces. Los cultivos se mantuvieron en biorreactores con ciclos de inmersión de 3 minutos cada 4 horas, durante 28 días por subcultivo y luego de 3 subcultivos se evaluó el coeficiente de multiplicación (CM), la incidencia de oscurecimiento oxidativo, y la morfología de los brotes. Los resultados mostraron que el tratamiento con 100 mg/L de AA presentó el mejor rendimiento, con un promedio de 5,8 brotes por explante y una reducción significativa del oscurecimiento (menos del 10% de los explantes afectados). En comparación, el control mostró un promedio de 4,1 brotes y un 35% de explantes con oscurecimiento moderado a severo. La concentración de 200 mg/L también redujo la oxidación, aunque el CM fue ligeramente menor (5,2 brotes/explante) que con el tratamiento de 100 mg/L. Además del aumento en el CM los brotes multiplicados con AA mostraron mayor vigor, mejor morfología (hojas bien desarrolladas, sin signos de hiperhidratación) y

menor incidencia de necrosis apical. El uso de AA permitió incluso la recuperación de explantes parcialmente oxidados, que en condiciones sin antioxidantes no habrían prosperado. La incorporación de ácido ascórbico durante la fase de multiplicación en BIT constituye una estrategia sencilla para mejorar la eficiencia de propagación clonal de *Musa* spp. var. Cavendish ya que incrementa el rendimiento en términos de número de brotes y mejora la calidad de los mismos, reduciendo significativamente los efectos negativos del oscurecimiento oxidativo típico de esta especie.

SISTEMAS DE INMERSIÓN TEMPORAL, ACIDO ASCÓRBICO, MUSA SPP.

14/BV

OPTIMIZACIÓN DE LA MICROPROPAGACIÓN DE MUSA SPP. MEDIANTE EL AJUSTE DE VITAMINAS EN BIORREACTORES DE INMERSIÓN TEMPORAL (BIT)

LOPEZ HERMANN, FATIMA A. ^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A; ESCALANTE, EVANGELINA M. ^A; IMBROGNO, LUCIANA P. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

fatimalopezhermann0@gmail.com

La producción masiva de plantas de banano mediante técnicas de micropropagación ha demostrado ser fundamental para la distribución de cultivares libres de enfermedades y el escalado comercial. Entre las tecnologías más eficientes y económicas para este fin, los biorreactores de inmersión temporal (BIT) ofrecen ventajas significativas en términos de calidad de planta, tasa de multiplicación y reducción de costos operativos. Sin embargo, el éxito de estos sistemas depende en gran medida de la composición del medio de cultivo,

especialmente de su balance nutricional. Las vitaminas presentes en el medio MS (Murashige y Skoog, 1962) cumplen funciones clave en el metabolismo celular, la división celular y el crecimiento de tejidos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de distintas concentraciones de vitaminas sobre la multiplicación in vitro de *Musa* spp. en BIT. Para esto se analizaron los coeficientes de multiplicación de un lote de banano utilizando brotes de banano previamente establecidos in vitro, los cuales fueron transferidos a BIT. Los ciclos de inmersión consistieron en períodos de 5 minutos cada 4 horas, en condiciones controladas de luz y temperatura, durante tres subcultivos consecutivos de 28 días cada uno. El medio basal utilizado fue MS, suplementado con 30 g/L de sacarosa y 2 mg/L de BAP (pH = 5,8). Para evaluar el efecto de las vitaminas, se compararon tres tratamientos: concentración estándar (1×), duplicada (2×) y triplicada (3×). Los resultados mostraron que el tratamiento 2× presentó el mejor rendimiento, con un CM promedio de 5,5 brotes por explante (1× = 4,9 brotes y 3× = 5,0 brotes). Aunque el tratamiento 3× mostró un leve aumento respecto al control, la diferencia no fue estadísticamente significativa y se observaron signos de hiperhidratación en aproximadamente el 15 % de los explantes, particularmente a partir del segundo subcultivo. Estos resultados sugieren que la duplicación de la concentración de vitaminas MS puede mejorar significativamente el coeficiente de multiplicación de *Musa* spp. en BIT, sin comprometer la calidad de los brotes. Ajustar la concentración vitamínica representa una forma sencilla y eficaz para optimizar protocolos de propagación clonal de banano.

BIORREACTORES DE INMERSIÓN TEMPORAL, VITAMINAS MS, MICROPROPAGACIÓN, MUSA SPP.

15/BV

MICROPROPAGACIÓN DE EUCALIPTO (*EUCALYPTUS GRANDIS* HILL EX MAIDEN) EN BIORREACTORES DE INMERSIÓN TEMPORAL

RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A; FERNÁNDEZ, MARÍA J. ^A; OLEJNIK, MARÍA E. ^A; LEIBA, MARÍA L. ^A; VIDARENKO, MARÍA A. ^A

a) Biofabrica Misiones S.A

biofabrica.laboratorio1@gmail.com

El eucalipto es uno de los cultivos que ha sido investigado con fines comerciales a nivel mundial. Es un recurso importante debido a su aprovechamiento industrial, es por esto que la utilización de técnicas biotecnológicas para su propagación clonal resulta imprescindible. El objetivo de este trabajo fue describir la propagación in vitro del clon EG-INTA-152 de *Eucalyptus grandis* procedente del EE-INTA Concordia, Entre Ríos empleando biorreactores de inmersión temporal (BIT), siendo una de las tecnologías más empleadas para obtener mayores producciones de plantines. Los resultados en la fase de multiplicación se obtuvieron con dos inmersiones diarias de tres minutos cada una, cada 12 horas complementadas con inyecciones de aire durante 2 minutos cada 6 horas. Los subcultivos se realizaron cada 4 semanas. Se alcanzaron coeficientes de multiplicación entre 4-5 en el medio de cultivo MS (Murashige y Skoog, 1962) modificado + BAP 0,1 mg/L+ANA 0,1 mg/L+ L-Cisteína 25 mg/L + Sacarosa. 21 gr/L. Durante el primer ciclo de multiplicación se observó una hiperhidratación del 80% de los brotes, aumentado al 100% en el segundo ciclo. Estos brotes fueron transferidos a medios de cultivo de enraizamiento semisólido Knop (modificado por BIO.MI.S.A.) 100%+ Vitaminas 100% + IBA 0,3mg/L + Sacarosa. 20 gr/L. La transferencia a vivero se realizó tras de 5 semanas con un 50% de enraizamiento. Los brotes elongados mayores 2,5 cm fueron aclimatizados, alcanzando una

tasa de supervivencia del 85%.

BIOFÁBRICA MISIONES, EUCALYPTUS GRANDES, BIORREACTOR DE INMERSIÓN TEMPORAL, MICROPROPAGACIÓN

16/BV

INGENIERÍA DE PROCESOS PARA EL CONTROL MICROBIANO DURANTE EL PROCESO DE MICROPROPAGACIÓN: OPTIMIZACIÓN OPERATIVA SIN MODIFICACIÓN DEL MEDIO DE CULTIVO

GUIMARAEZ, CONSTANZA A. ^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A; ESCALANTE, EVANGELINA M. ^A; VALENZUELA, NICOLÁS^A; ALARCON, LAUTARO^A

a) Biofabrica Misiones S.A

contiguima@gmail.com

La contaminación microbiana continúa siendo uno de los principales desafíos en la micropropagación comercial generando descartes semanales del 30–60 % en laboratorios sin controles estrictos. Este trabajo evalúa un enfoque alternativo a la modificación del medio de cultivo o la utilización de agentes antimicrobianos: la optimización de disciplinas tecnológicas, de rutinas operativas, sanitarias y de almacenamiento en Biofábrica Misiones S.A., manteniendo sin cambios la formulación estándar de los medios de cultivo. Durante 23 semanas (octubre 2024 a marzo 2025), se registraron datos semanales de producción y descarte en tres sistemas productivos: frascos “altos” (~80 mL), “grandes” (~60 mL) y biorreactores de inmersión temporal (BITs, 1–1,5 L). Se aplicaron mejoras progresivas que incluyeron: organización del trabajo por operario, fumigación periódica, sala exclusiva para almacenamiento

de medios con protocolos independientes de limpieza, uso obligatorio de elementos de protección personal, optimización del ciclo de autoclave y renovación de insumos con esterilización química y ultrasónica en BITs. La variable de análisis fue el porcentaje de contaminación ($\% = \text{litros descartados} / \text{litros preparados} \times 100$). Se compararon dos bloques: basal (semanas 42–45) y post-intervención (semanas 46–12). Los resultados muestran una reducción del 67 % en la contaminación ponderada (de 31,6 % a 10,3 %) y del 62 % en litros descartados semanales, acompañado por un aumento del 16 % en la producción. La media semanal de contaminación cayó de $33,0 \pm 12,9 \%$ a $11,4 \pm 6,8 \%$. Desde la semana 52, los registros se mantuvieron mayormente por debajo del 10 %, con un mínimo de 2,36 %. El análisis por sistema reveló que las mejoras en BITs —desinfección química, circulación de ácido acético y baño ultrasónico— fueron responsables de la mayor parte del descenso. En los frascos, las medidas más efectivas fueron el tiempo extendido de autoclave y el aislamiento del área de medios. La reducción de ≈ 36 L de medio descartado por semana tuvo impactos operativos concretos: ahorro en reactivos ($\sim 50 \%$), liberación de personal técnico (de 8 a < 2 h/semana) y mejora del flujo productivo al minimizar retrasos por reprocesos. Estos resultados demuestran que el control microbiano puede optimizarse sin incurrir en los costos ni riesgos regulatorios de la modificación del medio de cultivo y/o la utilización adicional de antimicrobianos.

CONTAMINACIÓN MICROBIANA, MICROPROPAGACIÓN, BIORREACTORES DE INMERSIÓN TEMPORAL, CONTROL OPERATIVO

18/BV

REGULACIÓN DEL METABOLISMO ENERGÉTICO DE LOTUS TENUIS: ESTRATEGIA

BIOTECNOLÓGICA PARA EL MEJORAMIENTO DEL CULTIVO EN CONDICIONES SALINAS

PAROLA, RODRIGO^{A,B}; ESPASANDIN, FABIANA^C; ALVAREZ, MAYRA^C; SANSBERRO, PEDRO A.^C; RODRIGUEZ, MARIANELA S.^{A,B}.

a) Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos (IFRGV), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Córdoba, Argentina.

b) Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Córdoba, Argentina.

c) Facultad de Ciencias Agrarias – UNNE. Instituto de Botánica del Nordeste – CONICET. Corrientes, Argentina.

parola.rodrigo@inta.gob.ar

La salinidad y otros estreses abióticos figuran entre las principales causas de la disminución en los rendimientos agrícolas. Estas condiciones de estrés convergen en marcadas alteraciones en el metabolismo de las plantas, induciendo procesos proteolíticos, disminución de fotosíntesis, alteraciones en el metabolismo del carbono y el nitrógeno y desequilibrio redox. Las plantas requieren de respuestas metabólicas adaptativas para regular los procesos fisiológicos. En este contexto, las vías de señalización dependientes de la quinasa SnRK1 (sucrose non-fermenting-related protein kinase) integran la percepción y señalización de la respuesta a múltiples estreses controlando la homeostasis energética, el crecimiento, tolerancia al estrés, supervivencia y longevidad en plantas. Estudios previos de expresión constitutiva de esta quinasa mostraron aumentos en la tolerancia a estreses con penalidades en el crecimiento. Con la idea de reducir estas penalidades, desarrollamos una tecnología que induce la expresión de SnRK1 específicamente en condiciones de estrés y senescencia. Obtuvimos plantas transgénicas de *Lotus tenuis* por transforma-

ción con *A. tumefaciens*. Se confirmaron tres líneas transgénicas mediante PCR, seleccionando la línea pS21 para ensayos de estrés salino. Las plantas transformadas (pS21) y controles silvestres (WT) fueron cultivadas en cámaras con condiciones de luz y temperatura controladas, en macetas con sustrato y regadas con NaCl 300mM durante 28 días. Al finalizar la experimentación se realizaron determinaciones de variables relacionadas con: crecimiento (biomasa aérea fresca y seca), fotosíntesis (contenido de clorofilas y fluorescencia de clorofilas, ChlF) metabolismo del carbono (contenido de almidón, azúcares solubles) y estado redox (FRAP y MDA). En plantas WT, el estrés salino disminuyó significativamente la biomasa aérea mientras que las plantas pS21 no mostraron diferencias. En este sentido, las plantas pS21 mantuvieron valores similares al control sin sal en parámetros como Fv/Fm (indicador de daño en PSII), LEF (indicador de flujo lineal de electrones) y Phi2 (indicador de eficiencia del PSII) mientras que las plantas WT mostraron disminuciones significativas en salinidad. Estos parámetros asociados al comportamiento fotosintético estuvieron acompañados por niveles de clorofilas significativamente mayores (+33% Wt; +61% pS21) en salinidad. Los niveles de azúcares solubles totales fueron similares para ambos genotipos en condiciones control y no se alteraron en pS21 en salinidad mientras que se observaron niveles significativamente mayores en salinidad para la WT. El contenido de almidón no presentó variaciones significativas en las condiciones ensayadas. El estado redox de las plantas se caracterizó por mayores niveles de daño oxidativo (MDA) en las plantas WT en salinidad, sin variaciones en la capacidad antioxidante total (FRAP) mientras que las plantas pS21 no mostraron diferencias significativas de MDA, acompañado por niveles significativamente superiores de FRAP. En conjunto, los resultados demuestran que la modulación del metabolismo energético aumentó la tolerancia de las plantas a condiciones de salinidad, mediado por un mejor esta-

do redox, manteniendo la integridad de los procesos fotosintéticos y la homeostasis del metabolismo de carbono. Estos resultados posicionan a esta tecnología como una herramienta eficaz para ser utilizada en los programas de mejoramiento vegetal para responder a las demandas del sector Agro-bio-industrial.

METABOLISMO ENERGÉTICO, LOTUS TENUIS, ESTRÉS SALINO

19/BV

OPTIMIZACIÓN DEL METABOLISMO DE LOTUS TENUIS: REGULACIÓN DE SnRK1 PARA MEJORAR LA TOLERANCIA AL ESTRÉS HÍDRICO

ESPASANDIN, FABIANA^A; PAROLA, RODRIGO^{B,C}; ALVAREZ, MAYRA^A; SANSBERRO, PEDRO A.^A; RODRIGUEZ, MARIANELA S.^{B,C}.

a) Facultad de Ciencias Agrarias – UNNE. Instituto de Botánica del Nordeste - CONICET. Corrientes, Argentina.

b) Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos (IFRGV), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Córdoba, Argentina.

c) Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Córdoba, Argentina.

parola.rodrico@inta.gob.ar

El cambio climático intensificará la frecuencia, duración y severidad de las sequías, afectando ecosistemas y sistemas productivos. Para enfrentar este desafío, es clave equilibrar el metabolismo vegetal, ya que el estrés ambiental altera procesos metabólicos esenciales, restringiendo crecimiento y rendimiento. SnRK1 (Sucrose non-fermenting-related protein kinase) es una quinasa conservada evolutivamente que regula la homeostasis energética, to-

lerancia al estrés y longevidad en plantas. Sin embargo, su expresión constitutiva puede generar efectos pleiotrópicos. Para evitarlo, desarrollamos una tecnología innovadora que expresa SnRK1 específicamente en condiciones de senescencia y estrés. Generamos plantas transgénicas de *Lotus tenuis* mediante la técnica de transformación genética con *A. tumefaciens*. Luego de 90 días en cultivo in vitro, en medio selectivo, el 30% de los explantes infectados regeneraron de 2 a 4 brotes adventicios/explante, sin formación de callos. Se confirmaron tres líneas transgénicas mediante PCR con primers específicos para dicho gen, seleccionando la línea pS21 para ensayos de estrés hídrico. Las plantas transformadas y controles silvestres (WT) crecieron en macetas con riego a capacidad de campo (CC) y bajo sequía progresiva (Ψ suelo = -2 MPa), evitando de esta manera un shock hídrico, con el fin de simular condiciones naturales de sequía. En condiciones de sequía, pS21 consumió menos agua diaria que WT, triplicando la disponibilidad hídrica en la maceta. Además, pS21 mantuvo el peso seco aéreo y la brotación en el transcurso del tiempo, mientras que el genotipo WT redujo un 47% la brotación y peso seco aéreo un 12,5%, respecto a su respectivo control. En la línea pS21, el contenido de azúcares solubles totales en parte aérea y raíces se incrementó de manera significativa respecto de su CC sugiriendo un mecanismo osmótico en respuesta a la sequía. Observándose una respuesta contraria en las WT. Por otro lado, el contenido de nitrógeno total disminuyó en la parte aérea de pS21 sometida a estrés hídrico, mientras que en WT no se observaron cambios respecto de su CC. Estos resultados demuestran que la optimización del metabolismo energético mejoró la adaptación y eficiencia en el uso de recursos, posicionando esta tecnología como una herramienta clave para la producción de forraje en áreas degradadas, fundamental para demandas futuras del sector agro-bio-industrial.

SNRK1, LOTUS TENUIS, ESTRÉS HÍDRICO

DIAGNÓSTICO MEDIANTE PCR ANIDADA DE XANTHOMONAS ALBILINEANS Y LEIFSONIA XYLI EN CULTIVARES DE CAÑA DE AZÚCAR INTRODUCIDOS AL BANCO DE GERMOPLASMA DE BIOFABRICA MISIONES

FERNÁNDEZ, MARÍA J. ^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A; IMBROGNO, LUCIANA P. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

biofabrica.diagnostico@gmail.com

Las enfermedades sistémicas representan uno de los principales factores que afectan la producción de caña de azúcar en la provincia de Misiones y en todas las zonas de nuestro país donde se trabaja este cultivo. Por esto, la identificación y diagnóstico de las bacterias causantes de la escaldadura foliar (*Xanthomonas albilineans*) y el raquitismo (*Leifsonia xyli*) en la caña de azúcar, mediante biotecnología, resulta clave y fundamental para reducir las pérdidas en la producción. El objetivo de este trabajo fue poner a punto una técnica molecular sensible para realizar un diagnóstico preciso y precoz de las plantas, antes de ser introducidas para su multiplicación in vitro. Las actividades para el desarrollo de la metodología se realizaron en el laboratorio de Biotecnología de la EEA INTA Cerro Azul. La metodología de extracción de ADN se realizó con los jugos obtenidos de las partes media y basal de 15 tallos correspondientes a las variedades, TUC 9510, Norte Argentino y Campo Brasil, procedentes de las zonas de Mojón Grande y San Javier; a los cuales se les realizó centrifugaciones y lavados, para utilizar los pellets como muestras. La técnica utilizada para el análisis fue la Reacción en Cadena de la Polimerasa Ani-

dada Multiplex (Nested PCR), en la que se realizaron dos amplificaciones sucesivas aplicando dos pares de cebadores distintos para la identificación de cada bacteria, (Cxx1, Cxx2, RST59, RST60) para *Leifsonia xyli*; y (XaAlb2-r3, XaAlb2f3, XaAlb-f4, XaAlb-r4) para *Xanthomonas alibilineans*. Los productos finales de amplificación se separaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 1,5% y se visualizaron mediante transiluminador UV. En las fotografías obtenidas analizadas con el software SynGene, se observaron fragmentos amplificados de 229 pares de bases en 2 muestras de la variedad Campo Brasil correspondientes a la presencia de *Leifsonia xyli*; y fragmentos de 308 pares de bases en 3 muestras de la variedad Norte Argentino correspondientes a la presencia de *Xanthomonas alibilineans*. En conclusión, debido a que los cebadores de la segunda PCR flanquean una región genómica interna amplificada en la primera PCR, se aumenta la sensibilidad de la técnica; generando así un ajuste simultáneo del diagnóstico de las enfermedades bacterianas. De esta manera la metodología empleada en el presente trabajo resultó ser rápida, sensible, reproducible y de bajo costo.

CAÑA DE AZÚCAR, PCR ANIDADA, XANTHOMONAS ALBILINEANS, LEIFSONIA XYLI.

21/BV

INCORPORACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE ACCESIONES DE CANNABIS SATIVA, AL BANCO DE GERMOPLASMA DE BIOFÁBRICA MISIONES

FERNÁNDEZ, MARÍA J. [^]; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. [^]; IMBROGNO, LUCIANA P. [^]; SERVEN-

TI DUFFAU, JUAN M. [^]

a) Biofábrica Misiones S.A.

biofabrica.diagnostico@gmail.com

La especie *Cannabis sativa*, produce una gran cantidad de metabolitos secundarios, de los cuales se destacan los cannabinoides, y dentro de éstos el CBD (cannabidiol), por su amplio uso medicinal, con el que se ha comprobado eficacia en tratamientos de enfermedades neurológicas, y como coadyuvante en el tratamiento de varias patologías como el cáncer, dolores crónicos, insomnio, etc. Esto ha impulsado un gran desarrollo en la industria de esta especie con fines medicinales, generando simultáneamente la necesidad de incorporar biotecnología que nos provea de herramientas moleculares útiles en el aporte de precisión y confiabilidad en la trazabilidad de la misma. El objetivo del trabajo fue poner a punto un panel de marcadores moleculares microsatélites que aseguren tanto la identificación genética de cada una de las accesiones en el banco de germoplasma de Biofabrica Misiones, como también la existencia de variabilidad entre ellas. Las actividades se llevaron a cabo en el laboratorio de Biotecnología de la EEA INTA Cerro Azul, durante el año 2023. Se extrajo ADN de 10 variedades de cannabis (C1, C2, C3, C4, C5, C6, C7, C8, C9 y C10) con dos repeticiones cada una, a las cuales se les aplicaron 10 marcadores microsatélites mediante la técnica de PCR; los fragmentos amplificados se separaron mediante electroforesis en geles de poliacrilamida y se visualizaron mediante transiluminador UV. Los datos recolectados se analizaron mediante el software estadístico NTSyS versión 2.2, el cual generó un cladograma mediante el método de agrupamientos UPGMA. Como resultado se obtuvieron tres clústers agrupando las variedades según porcentaje de similitud genética. El clúster I agrupó los genotipos C1, C3, C4, C7 y C10, con 72% de similitud genética, el clúster II, que agrupó los genotipos C5, C6 y C8, se dividió en dos subclústers, con una similitud del 77% entre ellos, y el clúster III agrupó a los genotipos C2 y C9 con

un 80% de similitud entre ellos. En conclusión, se observó un 64% de similitud entre los clústers I y II y un 55% de similitud entre éstos y el clúster III. Con estos resultados se comprobó la existencia de variabilidad genética de las accesiones y se obtuvieron los perfiles moleculares de las mismas, generando información valiosa para futuros mejoramientos genéticos, resaltando la utilidad y precisión de la metodología empleada en el presente trabajo.

BIOTECNOLOGÍA, CANNABIS SATIVA, TRAZABILIDAD, MARCADORES MOLECULARES.

22/BV

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE MUSA ACUMINATA CV. CAVENDISH MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES EN LA CADENA DE PRODUCCIÓN DE BIOFÁBRICA MISIONES

FERNÁNDEZ, MARÍA J. ^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A; IMBROGNO, LUCIANA P. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

biofabrica.diagnostico@gmail.com

En las regiones bananeras de Argentina, la variedad Musa acuminata cv. Cavendish se propaga mayoritariamente a través de hijuelos. Este sistema de multiplicación vegetativa, aunque eficiente, presenta serias limitaciones en cuanto al control del origen genético del material utilizado. La ausencia de una regulación estricta en el traslado de plantas ha favorecido el intercambio no controlado de materiales genéticos, lo cual ha derivado en una distribución poco confiable y ha dificultado la tipificación adecuada de los cultivos. Frente a este escenario, se vuelve indispensable implementar estrategias de

caracterización genética que permitan garantizar la identidad y calidad de las plantas producidas. En este contexto, el presente trabajo tuvo como objetivo el desarrollo de un protocolo basado en marcadores moleculares para la caracterización individual de plantas de la variedad Cavendish, con el fin de establecer un control de calidad genético en los procesos de multiplicación realizados en Biofábrica Misiones, tanto por hijuelos como por técnicas de cultivo in vitro. Las actividades se desarrollaron en el laboratorio de Biotecnología de la EEA Cerro Azul. Se seleccionaron 20 muestras de Cavendish y se procedió a la extracción de ADN de cada una de ellas. Posteriormente, se amplificaron 10 marcadores del tipo microsatélite (SSR) mediante la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Los productos amplificados fueron analizados mediante electroforesis en geles de agarosa y poliacrilamida, teñidos con Gel Red y visualizados bajo luz ultravioleta utilizando un transiluminador. Como resultado del análisis se obtuvieron 45 alelos en total. El marcador Mb1-149 fue el que generó el mayor número de alelos, evidenciando un alto nivel de polimorfismo, mientras que el marcador Mb1-50 presentó la menor variabilidad con solo dos alelos detectados. Estos perfiles moleculares fueron analizados utilizando el software estadístico NTSys v2.2. Se aplicó el método de agrupamiento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), obteniendo un cladograma que permitió visualizar las relaciones genéticas entre las muestras. La similitud genética se evaluó utilizando el coeficiente de Dice, dando como resultado un rango de similitud entre 0,96 y 1,0; indicando que las muestras presentan un 96% de similitud genética, lo cual confirma que todas pertenecen a la misma variedad (Cavendish) y están estrechamente emparentadas. Estos resultados validan el uso de los marcadores microsatélites como una herramienta efectiva para el monitoreo genético y la detección de duplicados o posibles variantes. La implementación de este protocolo permitirá a Biofábrica Misiones

mejorar el control de calidad de sus procesos, asegurar la trazabilidad genética del material propagado y optimizar la gestión del banco de germoplasma.

MUSA ACUMINATA, BIOTECNOLOGÍA, MARCADORES MOLECULARES, CARACTERIZACIÓN

23/BV

EVALUACIÓN COMPARATIVA DEL RENDIMIENTO POR PLANTA Y CONTENIDO DE CANNABINOIDES EN CANNABIS SATIVA SEGÚN EL MÉTODO DE PROPAGACIÓN

MOREIRA KUBIAK, DANIELA^A; FUKUDA, ELISA N.^A; IMBROGNO, LUCIANA P.^A; SERVENTI DUFFAU, JUAN M.^A; MORZAN, LEONARDO M.^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M.^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

biofabrica.vinculacion@gmail.com

El presente estudio tuvo como objetivo realizar una evaluación preliminar del rendimiento agronómico a cielo abierto de plantines de Cannabis sativa L. provenientes de cultivo “in vitro” obtenidos en el laboratorio de micropropagación de Biofábrica Misiones, en comparación con plantines propagados por esquejes de plantas madre provenientes de semillas. La micropropagación o propagación “in vitro” puede ser una herramienta viable tanto para la renovación de plantas madre, como para la producción de plantines asegurando uniformidad, sanidad y escalado masivo para optimizar la producción de biomasa floral con fines medicinales cuando la semilla es escasa. El estudio se realizó en un lote experimental en las dependencias de Biofábrica Misiones, durante un ciclo productivo completo. Se utilizaron plantas de la variedad CBD dominante, con un diseño completamente al azar en bloques,

incluyendo dos tratamientos: (T1) plantas obtenidas por propagación in vitro (fase IV de aclimatación superada) y (T2) plantas obtenidas por esquejado convencional. Cada tratamiento incluyó 4 repeticiones, con manejo agronómico homogéneo: riego por goteo y fertilización balanceada. Se evaluó peso fresco de flores por planta y contenido de cannabinoides (CBD y THC) por cromatografía líquida (HPLC). El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA y prueba de Tukey ($p < 0.05$). Los resultados mostraron que hubo diferencias significativas ($p < 0.05$) en rendimiento entre las plantas propagadas por esquejes y las “in vitro”, con promedio de 180,28 gramos/planta y 108,4 gramos/planta respectivamente. También se detectaron diferencias significativas en el contenido de cannabinoides, con niveles de CBD de 11,8% y THC no detectable para plantines propagados por esqueje y 8% de CBD y 0,4% de THC, igualmente en ambos casos cumpliendo con normativas para cultivos de uso medicinal no psicoactivo. Se concluye que, a pesar de la diferencia significativa, la micropropagación in vitro puede ser una herramienta a considerarse como alternativa viable y eficiente para escalar cultivos medicinales, especialmente en programas donde la trazabilidad genética y sanidad vegetal son claves.

CANNABIS, MICROPROPAGACIÓN, ESQUEJES

24/BV

PROPAGACIÓN IN VITRO DE ILEX PARAGUARIENSIS ST. HIL

ESCALANTE, EVANGELINA M.^A; DOMINGUE, ADELAIDA S.^A; TRINIDAD, GERARDO M.^A; IMBROGNO, LUCIANA P.^A; SALVATIERRA, GUILLERMO R.^B; MOREIRA KUBIAK, DANIELA^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

b) New Zealand Forest Research Institute

biofabrica.laboratorio3@gmail.com

El cultivo de yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill) en la provincia de Misiones reviste gran importancia socio-económica, movilizando a más de 12.000 productores y a los sectores industrial y comercial, siendo estratégico desde el punto de vista de ocupación de mano de obra y del desarrollo regional. Esto la convierte en objeto de estudio para el desarrollo de técnicas biotecnológicas que permitan optimizar su cultivo. Su principal vía de propagación es a través de la semilla botánica, sin embargo, la misma presenta como dificultades presencia de embriones inmaduros resultando en una germinación tardía y desuniforme a lo largo del tiempo con bajos % de germinación. Estas dificultades pueden ser superadas a través del cultivo in vitro de tejidos vegetales. Como objetivo se planteó desarrollar en Biofábrica Misiones S.A., un protocolo de micropropagación enfocado en la obtención de vitroplantas que se conviertan finalmente en Plantas Madre donadoras de explantes, disponibles para viveristas, mejoradores genéticos y para el sector productivo en general para la conformación a futuro de huertos semilleros clonales. Como material vegetal de partida se utilizaron yemas axilares y apicales de plantas madre acondicionadas originadas a partir de materiales comerciales, y pretratadas en el vivero de Banco de Germoplasma vegetal de BIOMISA. Se realizaron tratamientos de desinfección y establecimiento, multiplicación de brotes, elongación y enraizamiento in vitro utilizando diferentes composiciones de medios de cultivo semisólidos, cuyas variables fueron entre ellas el % y tiempo de inmersión de hipoclorito de sodio y concentración de reguladores de crecimiento. Como resultados se obtuvieron 70-80 % de brotes asépticos y con respuesta, una tasa o coeficiente de multiplicación de 1,5 a 2,5. utilizando como reguladores de crecimiento 6-bencilamonipurina (6-BAP) y ácido indol butírico (IBA) y un enraizamiento in vitro del 20-30 %. Las vitroplantas luego fueron aclimatizadas

y rustificadas en vivero presentando 80 % de supervivencia para los brotes con desarrollo de raíz in vitro y un 60% para los que presentaron ausencia de raíces. Actualmente los plantines se encuentran en fase de validación a campo en una parcela demostrativa de la Cooperativa Caiyal (Guaraní, Misiones) cuyo objetivo es evaluar el comportamiento de las vitroplantas en un sistema productivo agroforestal. Con este método queda demostrado que es posible desarrollar un protocolo de cultivo in vitro de yerba mate que puede potenciar al sector yerbatero mediante biotecnología aplicada que permita propagar genotipos elite.

CULTIVO IN VITRO, PROTOCOLO, YEMAS, 6-BAP.

25/BV

EVALUACIÓN FOLIAR DE LA INTERACCIÓN PYRICULARIA PENNISETIGENA-TRITICUM AESTIVUM EN MATERIALES CON Y SIN TRANSLOCACIÓN 2NS

CAZAL MARTÍNEZ, CINTHIA C.^A; GAONA DUARTE, VICENTE G.^A; FRETES MORENO, PAOLA E.^A; REYES CABALLERO, YESSICA M.^B; MOURA-MENDES, JULIANA^A; CHÁVEZ, ALICE R.^C; KOHLI, MAN M.^C; IEHISA, JULIO^D

a) Universidad Nacional de Asunción - Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas

b) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria – IPTA

c) Cámara Paraguaya de exportadores y comercializadores de cereales y oleaginosas

d) Universidad Nacional de Asunción. Facultad de Ciencias Químicas. Paraguay

ccazal@rec.una.py

El presente estudio tuvo como objetivo establecer un procedimiento controlado de infección foliar para evaluar la interacción entre el hongo *Pyricularia pennisetigena* y líneas de trigo (*Triticum aestivum*) con y sin la translocación 2NS, conocida por conferir resistencia a enfermedades fúngicas. Para ello, se utilizaron cuatro cepas de *P. pennisetigena* (117, 123, 126 y 127), previamente conservadas en papel filtro e inoculadas en medio de agar avena (OA). Las placas fueron incubadas a $25 \pm 5^\circ\text{C}$ durante 8 a 10 días para permitir el desarrollo micelial. Se sembraron isolíneas de los cultivares Anza, una con y otra sin la translocación 2NS, mantenidas en condiciones controladas durante 15 días. El inóculo fúngico fue preparado a partir de cultivos activos, raspando el micelio y esporas que luego fueron suspendidas en agua destilada estéril, ajustando la concentración a 10.000 conidios/mL mediante el uso de una cámara de Neubauer. Para facilitar la adherencia del inóculo, se agregó gelatina al 0,1%. La inoculación foliar se realizó por aspersión, manteniéndose luego las plantas a 28°C y 80% de humedad relativa hasta la aparición de síntomas. Como control se utilizó una suspensión sin conidios, solo con agua destilada estéril y gelatina al 0,1%. Doce días post-inoculación se llevó a cabo la evaluación fenotípica de los síntomas. No se observaron diferencias notables entre las líneas con y sin la translocación 2NS, habiendo si diferencias en la severidad de la enfermedad por aislados del hongo, donde aislados de reciente aislamiento, presentaron lesiones más extensas y necrosadas. Los resultados preliminares sugieren que la translocación 2NS podría no ser efectiva en estadios tempranos de la planta de trigo frente a *P. pennisetigena*, un hallazgo relevante considerando que esta especie fúngica es asociada a enfermedades foliares en poaceas que crecen en el sistema productivo de trigo. Estos datos constituyen una base experimental para estudios posteriores enfocados en la caracterización molecular de la respuesta del hospedero,

así como el análisis transcriptómico. **FINANCIACIÓN:** Este trabajo fue cofinanciado en el marco del proyecto PINV01-110 - Análisis transcriptómico del efecto de la translocación 2NS/2AS sobre la respuesta del trigo hexaploide infectados con *Pyricularia pennisetigena* por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) con el apoyo del FEEI.

PYRICULARIA PENNISETIGENA TRIGO, TRANSLOCACIÓN 2NS, INTERACCIÓN HOSPEDERO-PATÓGENO, INFECCIÓN FOLIAR

26/BV

APLICACIÓN DE HERRAMIENTAS GENÓMICAS, MOLECULARES Y BIOQUÍMICAS PARA EL MEJORAMIENTO DE CANNABIS SATIVA

QUIROGA, MARIANA^A; SCHENFELD, ESTEBANA^A; CROCIARA, CLARA^A; GOMEZ, DANIELA^A; COSTAMAGNA, NICOLAS^B; PEREYRA, AGUSTIN^A; HELGUERA, MARCELO^A.

a) Unidad de Estudios Agropecuarios (UDEA) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFR-GV), Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP), Córdoba, Argentina.

b) Asociación Civil Cogollos Córdoba, Córdoba, Argentina.

helguera.marcelo@inta.gob.ar

En Argentina, el Decreto N.º 883/2020 reglamenta la Ley 27.350 para garantizar el acceso a cannabis medicinal, aunque su implementación aún es limitada y la mayoría de los pacientes accede mediante autocultivo o productos sin control. A través de un Convenio de Vinculación Tecnológica entre INTA-IFRGV y la Asociación Civil Cogollos Córdoba (ACCC) se constituye

una plataforma que combina genética, genómica y bioquímica para optimizar la producción de cannabinoides desde genotipos locales. Se trabajó con 5 genotipos desarrollados con ACCC pertenecientes a los tres principales quimiotipos (QT) —definidos por la relación en porcentajes de los cannabinoides tetrahidrocannabinol (THC) / cannabidio (CBD) en inflorescencia como QT I THC/CBD $\gg 1$, QT II THC/CBD ≈ 1 y QT III THC/CBD—. Los genotipos fueron: EDITH 1, quimiotipo (QT) I THC/CBD= 20; EDITH 2, QT II THC/CBD= 1.51; EDITH 3, QT III THC/CBD= 0.02; Cogollos CBD, QT III THC/CBD= 0.05 y Cogollos THC, QT I THC/CBD= 11.05. En este trabajo se propuso, ajustar la extracción y determinación de cannabinoides en ciclo de cultivo; la implementación del uso de marcadores moleculares para selección asistida y fingerprinting e implementar la reversión de sexo en plantas femeninas para cruzamientos dirigidos.

Los resultados obtenidos indican que la máxima concentración de cannabinoides THC y CBD se alcanza a las nueve semanas del cambio de fotoperíodo, independientemente del sistema de cultivo, lo que sugiere una relación estrecha con el desarrollo fisiológico de la planta. En cuanto a marcadores para selección asistida, se validó el marcador SCAR MAD2 para sexado, mostrando patrones diferenciales consistentes, mientras que el marcador CAPS desarrollado en el marco de este proyecto presentó limitaciones para discriminar quimiotipos, por lo que se evaluarán nuevas combinaciones de cebadores. Para fingerprinting genético, los SSR analizados mostraron bajo polimorfismo, por lo que se propone explorar el desarrollo de nuevos marcadores basados en los elementos MITEs, que podrían potencialmente ofrecer mayor especificidad y utilidad en programas de mejoramiento (validar cruza). Finalmente, se logró inducir reversión sexual en plantas femeninas mediante tiosulfato de plata 0.1 M, generando inflorescencias masculinas funcionales. Esto permitió obtener polen viable que se utilizó en cruzamientos dirigidos con semilla F1 dispo-

nible para el segundo semestre de 2025.

MEJORAMIENTO, GENÉTICA, GENÓMICA, CANNABIS MEDICINAL

27/BV

BÚSQUEDA DE VARIEDADES DE ALGODÓN CON RESISTENCIA A LA VARIANTE ATÍPICA DEL COTTON LEAFROLL DWARF VIRUS (CLR-DV-AT)

MARTINEZ, M.^A; JAIMES, DIEGO^B; DELFOSSE, VERONICA^A; BONACIC KRESIC, IVAN^B; TCACH, MAURICIO^B; DISTÉFANO, ANA J.^A

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO)-IB, INTA-CONICET- Hurlingham, Buenos Aires

b) Estación Experimental Saenz Peña- Chaco

distefano.ana@inta.gob.ar

El algodón (*Gossypium* spp.) representa una de las especies de más amplia difusión como fuente de fibra natural. Es un cultivo regional clave para el Noroeste argentino, siendo la cadena agroindustrial muy importante en el aspecto económico y social de la región. En Argentina existen numerosas enfermedades que afectan al algodón, sin embargo, sólo algunas resultan de importancia económica por su prevalencia y daños que ocasionan. La principal enfermedad de origen viral del cultivo es producida por el polerovirus cotton leafroll dwarf virus (CLR-DV). Las variedades que se utilizan actualmente en el país poseen el gen *Cbd* que confiere resistencia a la infección por CLR-DV; sin embargo, en la campaña 2009/10 se encontró y caracterizó una variante atípica del virus denominada CLR-DV-at que quiebra la resistencia otorgada por el gen *Cbd*. Las plantas afectadas presentan reduc-

ción en la calidad y cantidad de fibra y en el número de semillas por cápsula. Desde la campaña algodonera del 2010/11, la nueva enfermedad se dispersó a las principales áreas de cultivo del algodón, con una incidencia del 20%, transformándose en un serio problema y un nuevo desafío para el manejo del cultivo, debido a que todas las variedades que se siembran actualmente son susceptibles al CLRDV-at. Por lo tanto, es necesario desarrollar nuevas variedades resistentes/tolerantes a la nueva virosis. Con el objetivo de identificar fuentes de resistencia/tolerancia al CLRDV-at se evaluaron seis accesiones de *Gossypium hirsutum* seleccionadas del Banco de Germoplasma de algodón de la EEA Sáenz Peña-INTA. Para ello se utilizó la metodología de agroinfección con el clon infectivo del CLRDV-at, debido a que es un sistema de infección sencillo y permite acelerar los tiempos de búsqueda y selección de una nueva fuente de resistencia. Las variedades seleccionadas fueron: BGSP85, BGSP67, BGSP73, BGSP48, FiberMax 910 y FiberMax 993. Las seis variedades junto a las variedades utilizadas como controles, NC33B (susceptible a CLRDV y CLRDV-at) y NuOpal (resistente a CLRDV pero susceptible a CLRDV-at) fueron agroinfiltradas con el CLRDV-at y con el CLRDV. Se registró la aparición de síntomas de infección en las plantas bajo estudio a partir de las tres semanas postinfiltración y se mantuvieron los ensayos durante dos meses. Luego del análisis de los resultados de tres ensayos independientes se logró determinar que la variedad de algodón BGSP85 presentaría una fuente de resistencia al CLRDV-at. Esta posible nueva fuente de resistencia al CLRDV-at podrá ser utilizada en el programa de pre-mejoramiento del INTA para ser introgresada en las variedades de algodón élite que se utilizan actualmente en el NEA aportando a la renovación genética del algodón iniciada en los últimos años por el INTA. Las variedades mejoradas permitirán reducir la incidencia del virus CLRDV-at y las pérdidas económicas de esta nueva enfermedad.

ALGODÓN, RESISTENCIA, CLRDV-AT, GERMOPLASMA, AGROINFECCIÓN

28/BV

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA Y COMPATIBILIDAD SIMBIÓTICA DE PSP2 Bf PARA SU POTENCIAL USO COMO CURA-SEMILLA EN SOJA

DI PETO, PIA A.^A; DEBBO, JESUS G.^A; TREJO, MARIA F.^A; PADILLA, AGUSTIN^A; CASTELLANO RENGEL, MICAELA S.^A; CHALFOUN, NADIA R.^A; NOGUERA, ALDO^B; MICHAVILA, GABRIELA^A

a) Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA, EEAOC-CONICET). Tucumán, Argentina.

b) Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina.

mcastellano@eeaoc.org.ar

La producción de soja es muy importante para la economía argentina, ya que se exporta el 80% como aceite y harina. Las enfermedades producidas por hongos patógenos de suelo constituyen uno de los principales problemas sanitarios en este cultivo, afectando el rendimiento y la calidad de las semillas. Esto obliga a aplicar tratamientos con fungicidas sintéticos, cuyo uso es cada vez más restringido por sus efectos tóxicos en la salud humana y en el medioambiente. En este contexto, se requiere encontrar nuevas alternativas para el control de estos patógenos que sean compatibles con un manejo sostenible del cultivo y con bacterias simbióticas como *Bradyrhizobium japonicum*. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto in vitro de PSP2 Bf, un biofungicida de origen vegetal procedente del cultivo de la frutilla, en el tratamiento de semillas de soja. Primero se determinó la actividad

inhibitoria de PSP2 frente a *Fusarium oxysporum*, *F. tucumaniae*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Pythium* sp., mediante la técnica de medio suplementado con dos concentraciones del biofungicida (0,1 y 0,2 g/ml), utilizándose como control medio sin suplementar. Se observó una reducción del tamaño de la colonia de los hongos crecidos en la concentración 0,2 g/ml. Para poder evaluar mayores concentraciones de PSP2, se utilizó la técnica de difusión en agar con *F. oxysporum*, observándose halos de inhibición en las concentraciones de 0,1 a 0,5 g/ml. Luego se realizaron ensayos de germinación tratando semillas de soja (variedad IPRO 60i62) con PSP2 (0,5 g/ml), con un fungicida químico comercial (dosis recomendada) y con una combinación de ambos, sin observarse diferencias significativas entre los tratamientos. Finalmente, se evaluó la compatibilidad del biofungicida con *B. japonicum*, para lo cual semillas inoculadas con la bacteria fueron tratadas con PSP2 Bf, con el fungicida químico comercial y con la combinación de ambos. Como control se usaron semillas tratadas solo con la bacteria. El número de células viables se determinó por el método de las diluciones sucesivas, observándose que el biofungicida no inhibe a *B. japonicum*. Debido a que PSP2 Bf tiene efecto fungicida contra patógenos de suelo, y que no inhibe al simbionte ni a la germinación de semillas, podemos concluir que podría ser utilizado como un tratamiento de semillas de soja en sistemas in vivo a fin de comparar su efecto con los curasemillas convencionales.

BIOFUNGICIDA, TRATAMIENTOS DE SEMILLA, *FUSARIUM* SPP, *BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM*

29/BV

FRATAXINA: UN REGULADOR ESENCIAL DE LA RESPUESTA AL ESTRÉS EN

ALGAS CON POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

TELLO LEON, CAROL G. ^A; MARTIN, MARIANA ^A; BUSI, MARIA V. ^A; GOMEZ CASATI, DIEGO ^A

a) Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI- CONICET) - Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF) - Universidad Nacional de Rosario (UNR)

gomezcasati@cefobi-conicet.gov.ar

El hierro (Fe) y el azufre (S) no solo son esenciales para la vida: su combinación en grupos Fe-S sostiene funciones celulares fundamentales que permiten la existencia misma de los organismos. Estos cofactores están presentes en numerosas proteínas implicadas en procesos clave como la fotosíntesis, la respiración y el metabolismo del nitrógeno. La biosíntesis de estos grupos se lleva a cabo principalmente en la mitocondria a través del sistema ISC, donde participa frataxina (FH), una proteína mitocondrial altamente conservada desde bacterias hasta eucariotas. Frataxina ha sido asociada con la homeostasis del hierro, la maduración de proteínas Fe-S y la protección frente al estrés oxidativo. Aunque frataxina ha sido ampliamente estudiada en humanos y levaduras, su caracterización en organismos fotosintéticos es limitada. Con el objetivo de evaluar el rol de frataxina en la adaptación de *Chlamydomonas reinhardtii* a varias condiciones de estrés, se utilizaron cepas transgénicas de esta microalga que sobreexpresan diferentes versiones de frataxina. Se evaluaron tres líneas: (i) una que sobreexpresa la frataxina endógena de *C. reinhardtii* (FH1), (ii) otra que sobreexpresa frataxina de maíz (FH2) con su péptido tránsito original, y (iii) una tercera que expresa frataxina de maíz (FH20) fusionada a un péptido tránsito de *Saccharomyces cerevisiae* (CoxIV), con el objetivo de dirigir la proteína específicamente a mitocondria. La comparación se realizó con una línea de *C. reinhardtii* tipo salvaje (Wt). Para evaluar la tolerancia a metales (Fe³⁺, Cu²⁺, Zn²⁺ y Cr⁶⁺), se cultivaron las líneas

en placas de 6 pozos con medio TAP líquido ($OD_{750} = 0.1$) bajo un fotoperiodo de 8:8h luz/oscuridad, realizando curvas de crecimiento, mediciones de tamaño celular, drop tests y ensayos de absorción/adsorción de metales. Paralelamente, se realizaron cultivos en matraces de 1 L ($OD_{750} = 0.05$) bajo iluminación blanca, y posteriormente se comparó el crecimiento de las mismas líneas bajo luz azul. Se recolectaron muestras en los días 5 y 10 para análisis de oximetría, biomasa y biomoléculas. Los resultados muestran que las cepas que sobreexpresan frataxina presentan un mayor crecimiento, mayor tolerancia a metales pesados y mejor adaptación a luz azul en comparación con la línea tipo salvaje. Estos hallazgos destacan el rol relevante de la frataxina en la resistencia al estrés ambiental en algas verdes. El enfoque experimental desarrollado proporciona herramientas para comprender los mecanismos moleculares de tolerancia al estrés y proyectar su aplicación en estrategias de biotecnología ambiental.

FRATAXINA, TOLERANCIA, METALES PESADOS, ESTRÉS LUMÍNICO

30/BV

ENSAMBLADO DE NOVO DEL TRANSCRIPTOMA DEL RULO DE LA YERBA MATE E IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS PARA CONTROL POR ARNi

CANDIA, YESICA G.^A; GONZALEZ, SERGIO^A; CONTI, GABRIELA^{A,B}; ARIEL, FEDERICO^{C,D}; ZAVALLLO, DIEGO^D; BADARACCO, ALEJANDRA^{E,F}; NAHIRÑAK, VANESA^{E,F}; DEBAT, HUMBERTO J.^G; SCHAPOVALOFF, MARIA E.^{E,F}; BEJERMAN, NICOLAS E.^H

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Mo-

lecular (IABIMO) - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) - CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

b) Facultad de Agronomía - Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina.

c) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias (IFIBY-NE), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina.

d) APOLO Biotech, Santa Fe de la Vera Cruz, Santa Fe, Argentina.

e) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

f) Estación Experimental Agropecuaria Montecarlo (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).

g) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)

h) Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA) – INTA - CONICET, Córdoba, Argentina.

candia.gisel@inta.gob.ar

La yerba mate (*Ilex paraguariensis* A. St. Hil) es una especie nativa de Sudamérica cuyas hojas se utilizan para preparar infusiones tradicionales como el mate, el mate cocido y el tereré, especialmente en Argentina, Paraguay, Uruguay y Brasil. Una de las principales plagas que afecta este cultivo es *Gyropsylla spegazziniana* (Hemiptera: Psylloidea: Aphalaridae), conocida como "rulo de la yerba mate". Esta plaga induce la formación de agallas en las hojas jóvenes donde se desarrollan las ninfas. Las hojas deformadas suelen caer prematuramente, lo que impacta negativamente en la productividad, ya que tanto hojas como ramas son la materia prima de cosecha. Actualmente, su control se basa en estrategias de manejo integrado. A pesar de su importancia económica, los datos genómicos o transcriptómicos de esta especie son escasos. Con el objetivo de caracterizar el transcriptoma del psílido,

se realizó una extracción de RNA total tanto de ninfas como de adultos y ambas muestras fueron enviadas a MACROGEN para su secuenciación. Se generaron lecturas de tipo paired-end con una longitud de 101 pb mediante plataforma Illumina NovaSeq6000. En el caso de los adultos, se obtuvieron un total de bases (bp) de 9,018,109,210 y 89,288,210 total reads. En las ninfas, el total de bases (bp) obtenidas fue de 8,116,435,346 con 80,360,746 total reads. Las lecturas crudas fueron sometidas a análisis de control de calidad para luego ser ensambladas mediante el programa TRINITY. El análisis de similitud por BLAST permitió identificar cinco genes esenciales, los cuales fueron seleccionados como candidatos para ensayos de silenciamiento génico mediante ARN de interferencia (ARNi). En colaboración con Apolo Biotech S.A.S., se diseñaron y sintetizaron moléculas de ARN de doble cadena (dsRNA) que serán evaluadas en futuros bioensayos de mortalidad del insecto utilizando aplicación exógena. Este abordaje representa un paso inicial hacia el desarrollo de estrategias de control biotecnológico más específicas y sostenibles para esta plaga.

YERBA MATE, TRANSCRIPTOMA, ARNi, CONTROL DE PLAGAS, GYROPSYLLA SPEGAZZIANIANA

31/BV

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y AGRONÓMICA DE CEBADA TRANSGÉNICA QUE EXPRESA UNA ENZIMA RAMIFICANTE DE ALMIDÓN DE ORIGEN ALGAL

GOMEZ IBARRA, Amada^A; SOUZA CAÑADA, EDUARDO D.^B; PERMINGEAT, Hugo R.^{B,C}; BUSI, MARIA V.^A

a) Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI- CONICET) - Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF) - Universidad Nacional de Rosario (UNR).

b) Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina.

c) IICAR-CONICET, Zavalla, Santa Fe, Argentina
rosario.agr8@hotmail.com

La cebada (*Hordeum vulgare* L.) es un cultivo clave para las industrias cervecera y alimentaria, donde la mejora de la calidad del almidón y la eficiencia en el procesamiento constituyen un objetivo principal de los programas de mejoramiento. Se ha demostrado que una enzima ramificadora del almidón (SBE) proveniente de la microalga *Ostreococcus tauri* reduce el tamaño de los gránulos de almidón, incrementa su acumulación y mejora su digestibilidad en *Arabidopsis thaliana*. Ahora, nuestro trabajo tiene como objetivo evaluar el posible impacto fenotípico de este mismo gen (llamado OsttaSBE) en cebada, bajo el control de un promotor específico del endosperma (hordeína). Se transformaron embriones inmaduros de dos variedades, Andreia (A) y Golden Promise (GP), mediante biolística. Los parámetros clave incluyeron una presión de helio de 900 psi, una distancia al blanco de 6 cm con tratamientos osmóticos antes y después del bombardeo. La selección de plantas portadoras del gen se realizó mediante resistencia al glufosinato de amonio conferida por el gen bar en la generación T0. La regeneración y el cultivo se optimizaron utilizando medios Murashige y Skoog suplementados con maltosa y reguladores del crecimiento (Dicamba-2,4-D, BAP). Se regeneraron ocho plantas T0 fértiles con presencia del transgén (seis de A y dos de GP), confirmadas mediante análisis moleculares. Estas y las generaciones siguientes (T1 y T2) fueron evaluadas para la detección de OsttaSBE, así como para la caracterización de rasgos agronómicos y fenotípicos. Resultados de 15 plantas T2 correspondientes a tres eventos dife-

rentes que fueron evaluadas en 3 estados del grano Lechoso (L), Pastoso (P) y Madurez Fisiológica (MF), indicaron que las líneas transgénicas presentan diferencias estadísticas significativas con respecto a la expresión del gen de interés ($p = 0.000747$). A su vez se evaluó la altura de plantas, el número de espigas por planta, el número de granos por espiga y el número de granos por planta que, de acuerdo con el análisis estadístico mediante ANOVA, nos permite sugerir un efecto fenotípico asociado a la presencia del transgén. Por último, los resultados indican que el fondo genético influye tanto en la eficiencia de transformación como en los efectos del gen incorporado, siendo la variedad Andreia la que mostró mayor capacidad de regeneración. Por otro lado, estos hallazgos respaldan el potencial de este gen como herramienta en futuros programas de mejoramiento de cebada.

MEJORAMIENTO GENÉTICO, TRANSFORMACIÓN GENÉTICA, ENZIMA RAMIFICADORA DEL ALMIDÓN, CEBADA

32/BV

CAPACIDAD PATOGENICA DE PYRICULARIA ORYZAE AISLADOS A PARTIR DE CYNODON DACTYLON (L.) PERS. EN LÍNEAS COMERCIALES DE ARROZ

REYES CABALLERO, YESSICA M.^a; GAONA DUARTE, VICENTE G.^a; FRETES MORENO, PAOLA E.^a; CHÁVEZ, ALICE R.^c; MOURA-MENDES, JULIANA^a; QUINTANA DE VIEDMA, LIDIA A.^b; CAZAL MARTÍNEZ, CINTHIA C.^a.

a) Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria – IPTA

b) Universidad Nacional de Asunción. Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológi-

cas

c) Cámara Paraguaya de exportadores y comercializadores de cereales y oleaginosas.

d) Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales. Universidad Nacional de Itapúa. Encarnación, Paraguay.

ccazal@rec.una.py

El cultivo de arroz (*Oryza sativa*) representa a uno de los cereales más importantes a nivel mundial y es cultivado en más de 110 países. En Paraguay el cultivo es producido principalmente en los departamentos de Itapúa, Misiones, Paraguari, Caazapá y Ñeembucú. Dada la importancia se hace necesario disponer de estrategias óptimas para su manejo. Unas de las principales amenazas del cultivo es el Tizón de arroz, causada por el hongo fitopatógeno *Pyricularia oryzae* patotipo *Oryza* (PoO). Hasta la fecha, y existiendo amplias líneas de investigación direccionadas al estudio del patosistema Arroz-PoO, varios aspectos aún no han sido esclarecidos completamente como por ejemplo la interacción del mismo con otros patotipos de *Pyricularia oryzae* u otras especies del género. Es por ello por lo que el objetivo del presente trabajo fue evaluar la reacción de líneas comerciales de arroz frente a aislados *Pyricularia oryzae* provenientes de *Cynodon dactylon* (L.) Pers. mediante infecciones forzadas. Para ello, se sembraron líneas comerciales de arroz en bandejas con sustrato comercial previamente esterilizado. Las semillas fueron desinfestadas en etanol al 70% por 90 segundos, Hipoclorito de Sodio al 3% por 10 minutos y posteriormente sometidas a 5 lavados con agua estéril por 3 minutos cada uno. Se emplearon un aislado de *P. oryzae* PoO A03 y otro de *P. oryzae* (hospedero *Cynodon*) Cy03, ambos conservados en la Colección de Cultivos fúngicos de la Universidad Nacional de Asunción. Los aislados fueron sembrados en medio Agar-Avena bajo condiciones controladas por 10 días, posteriormente sometidas a estrés mecánico y condiciones de luz, humedad (95%) y temperatura de 25-28 C por 72hs para estimular esporulación.

Las infecciones foliares fueron realizadas 10 días posterior a la emergencia de la planta con inóculos formulados a una concentración de 50.000 conidios por mL de solución. Como control se utilizó agua destilada estéril. Los ensayos fueron realizados por quintuplicado y las evaluaciones se registraron a los 15 días posteriores a la inoculación, mediante una escala general para evaluación de materiales de arroz adaptado de IRRI modificada por CIAT (2013). Las líneas de arroz evaluadas presentaron evidencia de síntomas de infección para ambos aislados testeados. En tanto que los controles no presentaron síntomas. Pudimos observar que existe una interacción y que el aislado evaluado Cy03 frente al arroz causó que las hojas presentaran una respuesta conocida como reacción de hipersensibilidad, con clorosis y amarilleamiento de las zonas infectadas, sin embargo, se hace necesario ampliar los ensayos de patogenicidad para evaluar la capacidad de más aislados y la dinámica de interacción entre su hospedero anfitrión y el arroz, de modo a identificar posibles infecciones cruzadas, la presencia de diferentes especies crípticas de *Pyricularia* y cómo influye en la epidemiología de en dicho patosistema.

PATÓGENO, TIZÓN DE ARROZ, PATOGENICIDAD, PATOSISTEMA

33/BV

PROSPECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE NUEVOS GENES ANTIMICROBIANOS DE CÍTRICOS CON POTENCIAL PARA EL CONTROL BIOTECNOLÓGICO DEL HUANGLONGBING Y OTRAS ENFERMEDADES

PEREYRA GHIDELA, LOURDES^{A,B}; CONTE, MARIANA^A; FABRONI, JUAN P.^C; BEKIER, FLORENCIA^{A,B}; MACHADO, RODRIGO^B; NAHIRÑAK, VANESA^{E,F}; HOPP, ESTEBAN^G; CONTI, GABRIELA^{A,C}.

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular UEDD INTA CONICET. Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

b) Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. CABA, Argentina.

c) Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. CABA, Argentina.

d) EEA INTA Concordia, Entre Ríos, Argentina.

e) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

f) Estación Experimental Agropecuaria Montecarlo (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)

g) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) (INTA)

gconti@agro.uba.ar

La citricultura mundial se ve gravemente afectada por múltiples enfermedades causadas por bacterias, hongos y virus. Entre las patologías cuarentenarias más importantes causadas por bacterias se destacan la Cancrosis, la Clorosis Variegada de los Cítricos y el Huanglongbing (HLB), siendo esta última la de mayor impacto a nivel global. El HLB es causada por *Candidatus Liberibacter asiaticus*, una bacteria Gram-negativa, cuya multiplicación está limitada al tejido floemático en la planta y es transmitida de manera eficiente por el insecto vector *Diaphorina citri*, el cual se encuentra ampliamente distribuido en las regiones citrícolas del país. Actualmente, no existen estrategias de control efectivas una vez que el patógeno se ha establecido, por lo que el desarrollo de herramientas biotecnológicas que permitan generar plantas tolerantes constituye una alternativa de gran relevancia.

En este contexto, los péptidos antimicrobianos (AMPs), que forman parte de la inmunidad innata de diversos organismos y presentan acción directa sobre microor-

ganismos patógenos, emergen como una herramienta prometedora. Su relevancia es aún mayor si se considera que los mecanismos de patogenicidad de *Ca. Liberibacter asiaticus* no han sido completamente dilucidados, aunque se sugiere que podrían estar asociados a la supresión de respuestas inmunes del hospedante. Los receptores del tipo quinasas (RLKs) juegan un papel importante en el reconocimiento de patógenos ya que están involucrados en desencadenar la respuesta de la planta frente a estos y se categorizan en distintas subfamilias dentro de las que se encuentran las proteínas ricas en cisteína (CRKs). En este trabajo se identificaron y caracterizaron tres genes candidatos codificantes de péptidos ricos en cisteínas de la especie de portainjerto altamente resistente a estreses bióticos (y tolerante a HLB), *Poncirus trifoliata*. El gen codificante de PtSAMP, (Stable Antimicrobial Peptide), homólogo al péptido con actividad antimicrobiana y antifúngica HS1 de *Arabidopsis thaliana*; el gen codificante de una proteína de secreción rica en cisteínas PtCAP y el gen codificante para una defensina de tipo gamma-tionina, PtLCR. Análisis transcrípticos previos mostraron que estos genes se sobreexpresan significativamente en *Citrus australasica*, especie tolerante a HLB, mientras que en especies susceptibles como *C. sinensis* presentan baja expresión. En este estudio se evaluó la expresión de dichos genes en variedades susceptibles infectadas con HLB y en distintos órganos (hojas jóvenes y flores) de plantas sanas, confirmando su baja o nula expresión, lo cual apoya su asociación con la tolerancia observada en especies silvestres. Los genes fueron clonados a partir de *Poncirus trifoliata* mediante la tecnología Gateway y sus secuencias fueron analizadas estructural y bioinformáticamente. Se evaluó su sobreexpresión transitoria en el sistema modelo *Nicotiana benthamiana* mediante agroinfiltración, confirmando su expresión por RT-qPCR. Finalmente, se realizaron ensayos funcionales mediante coinfección con *Xanthomonas vesicatoria*, utilizando el sistema *N. benthamiana*/X.

vesicatoria como modelo experimental de interacción compatible con bacterias. Los resultados preliminares indicaron que la expresión del gen PtCAP reduce significativamente la aparición y severidad de los síntomas en hojas infiltradas, lo cual refuerza su potencial como gen candidato para el desarrollo de cítricos con mayor tolerancia a enfermedades bacterianas como el HLB.

CÍTRICOS, HUANGLONGBING, XANTHOMONAS SP, ANTIMICROBIANOS.

34/BV

LOS NIVELES AUMENTADOS DE PUTRESCINA MEJORAN LA EFICIENCIA EN EL USO DEL NITRÓGENO EN *ARABIDOPSIS* CULTIVADAS BAJO DÉFICIT DE NITRÓGENO

RECALDE, LAURA^A; GROPPA, MARIA D. ^A; BENAVIDES, MARÍA P. ^A

a) Departamento de Química Biológica. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires. IQUIFIB. CONICET

mpbenav02@gmail.com

El nitrógeno (N) es un macronutriente esencial, componente de aminoácidos, proteínas, ácidos nucleicos y clorofila, cumpliendo un rol central en el crecimiento y desarrollo de las plantas. La deficiencia de N afecta muchos procesos metabólicos y limita el rendimiento de los cultivos, por lo cual el uso de los fertilizantes nitrogenados es indispensable para asegurar su productividad. Sin embargo, su uso excesivo genera un impacto negativo sobre el medio ambiente y encarece la producción de los cultivos de interés. En los últimos años se ha enfatizado la importancia de aumentar la eficiencia del uso del N (NUE) en las

plantas, con el objetivo de reducir el uso de fertilizantes nitrogenados, sin comprometer el rendimiento. Las poliaminas putrescina (Put), espermidina (Spd) y espermina (Spm) son compuestos nitrogenados vitales para el crecimiento y desarrollo de las plantas, así como para la tolerancia al estrés. El objetivo de este estudio fue analizar si la línea transgénica de *Arabidopsis* que sobreexpresa el gen ADC2, favoreciendo la acumulación de Put (línea 7.2), exhibía un mejor crecimiento bajo condiciones de deficiencia de N en comparación con plantas de tipo silvestre (WT, Col-0). Las plantas se cultivaron en hidroponía durante 21 días, en medio suficiente en N (N+) o deficiente en N (N-). En condiciones de N+, ambas líneas presentaron un crecimiento similar, mientras que en N-, la reducción del crecimiento resultó menos marcada para la línea transgénica que para la WT. En estas condiciones, la línea 7.2 mostró un mayor diámetro de roseta y mayor peso fresco y seco en comparación con el genotipo WT. Mientras que en las plantas WT hubo una disminución en el contenido de Put, Spd y Spm bajo limitación de N, en la línea 7.2 no ocurrieron cambios. En condiciones de N-, en la línea 7.2 se evidenció un mayor desarrollo del sistema radicular, junto con una mayor actividad de la enzima nitrato reductasa y del contenido de NO₃⁻; además, el gen del transportador de nitrato NRT1.1 mostró un nivel de expresión mayor en la línea transgénica que en el WT. El contenido total de clorofila y de proteínas permaneció sin cambios entre N- y N+, para ambos genotipos. Por otro lado, bajo condiciones de N- la mayoría de los parámetros fotosintéticos no se alteraron en la línea 7.2, a diferencia de WT donde, excepto por la relación Fv/Fm, todos disminuyeron su valor en comparación con el medio N+. La actividad de enzimas antioxidantes aumentó en ambos genotipos en N-, pero el aumento fue significativamente mayor en la línea 7.2. De esta manera, en condiciones de N limitante, la línea transgénica presentó una mayor eficiencia en el uso del N que la WT y, consecuentemente, un mayor crecimiento. Estos resultados sugieren

que modificaciones en el metabolismo de las poliaminas tienen un impacto positivo en el metabolismo nitrogenado, presentándose como una estrategia novedosa y efectiva para mejorar el rendimiento de los cultivos en condiciones de crecimiento bajo N limitante.

POLIAMINAS, NITRÓGENO, ARABIDOPSIS, NUE

35/BV

GENÓMICA FUNCIONAL Y ECOFISIOLOGÍA DE UN GENOTIPO STAY GREEN EN GIRASOL: SU IMPACTO EN EL MEJORAMIENTO

CORZO, MELANIE^A; BECHERAN, DANIELA^B; PLOCHUK, EDMUNDO^B; TRUPKIN, SANTIAGO^B; CAPUTO, CARLA^B; MOSCHEN, SEBASTIAN^C; HEINZ, NICOLAS^B; IZQUIERDO, NATALIA^D; CENTENO, DANILO^D; FERNANDEZ, PAULA^D

a) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

b) FAUBA

c) SYNGENTA

d) INTA

fernandez.pc@inta.gob.ar

La senescencia es un síntoma con impacto económico que da indicios del evento de interés biotecnológico que es la eficiencia fotosintética, especialmente durante las fases de llenado del grano, que impacta en última instancia en el rendimiento y el contenido y calidad de aceite. El objetivo principal de este trabajo es validar la estabilidad de un genotipo de girasol perteneciente al Programa de Mejoramiento de INTA ("Recombinant Inbred Line" B481-6, de aquí en adelante RIL) que exhibe un fenotipo "stay green" en condiciones control y con

aporte de nitrógeno, en contraste con otro genotipo de senescencia acelerada (RIL R453). Nuestra hipótesis plantea que las condiciones nutricionales nitrogenadas no afectan la eficiencia fotosintética del RIL “stay green” en estudio. Ambos genotipos presentan similar ciclo ontogénico, porte, número de hojas y estructura de canopia. El ensayo fue sembrado en la jaula anti-pájaro de IABIMO UEDD INTA Castelar en las campañas 2022/23 y 2023/24 en un diseño de bloques completamente aleatorizados) bajo dos condiciones experimentales: control y con dosis diferencial de nitrógeno en el suelo (100 kg/ha). Los parámetros medidos incluyeron la actividad fotosintética, el contenido de clorofila foliar, el rendimiento de grano, el contenido de ácidos grasos y el porcentaje de biomasa por órgano. Además, se midió la expresión génica relativa mediante experimentos de qPCR de genes candidatos relevantes para la senescencia temprana de la hoja previamente estudiados y publicados en el grupo. Adicionalmente, se analizaron los aminoácidos nitrogenados en los exudados del floema y la distribución de metabolitos en la hoja mediante GC-MS de modo de evaluar la partición diferencial de fotoasimilados asociados a cada RIL contrastante. El genotipo B481-6 mostró mayor eficiencia fotosintética y mayor contenido de clorofila foliar, lo que se reflejó en un mayor porcentaje de aceite en contraste con el genotipo R453. En cuanto al nivel nutricional, los genotipos se comportaron de forma estable frente a condiciones diferenciales de nitrógeno. Este estudio aborda la integración adicional de metabolitos en diferentes series temporales de muestreo para conocer su movilidad y/o la presencia de compuestos nitrogenados que puedan explicar la estabilidad de la RIL B481-6, así como el análisis de aminoácidos nitrogenados en exudados de floema y hojas. Los resultados preliminares confirmaron las diferencias genotipo-dependientes en el RIL B481-6, clasificándose como genotipo “stay green” de características funcionales. Este genotipo se mantuvo estable en condiciones diferenciales de nitrógeno, sin

mostrar variación en el rendimiento ni en otros parámetros agronómicos, acorde a lo planteado en la hipótesis de trabajo. Estos hallazgos sugieren que las diferencias en la senescencia y eficiencia fotosintética se deben a características intrínsecas de las RILs, siendo el genotipo B481-6 un genotipo valioso para su inclusión en programas de mejoramiento con el fin de aumentar el rendimiento y reducir la brecha entre el rendimiento real y el potencial. Una población biparental ya se encuentra en proceso en el Programa de Mejoramiento de INTA con estos materiales, siendo este el primer trabajo de mejoramiento que involucra integración de datos anatómicos, fisiológicos, moleculares y metabolómicos para el cultivo de girasol.

GIRASOL, SENESCENCIA, RENDIMIENTO, STAY GREEN, NITRÓGENO

36/BV

COMPARACIÓN DE BIORREACTORES DE INMERSIÓN TEMPORAL PARA LA MICROPROPAGACIÓN A ESCALA

GUIMARAEZ, CONSTANZA A. ^A; RODRÍGUEZ, VERÓNICA M. ^A

a) Biofábrica Misiones S.A

contiguima@gmail.com

La micropropagación en medios semisólidos suele verse limitada por la alta demanda de mano de obra, la heterogeneidad en la distribución de nutrientes y la necesidad de espacio físico. Los biorreactores de inmersión temporal —que alternan ciclos de inmersión y drenaje en medio líquido— ofrecen una solución eficiente a la hora de producir a escala industrial, en el mismo espacio físico y con la misma cantidad de recursos humanos. En este estudio se

comparan dos tecnologías consolidadas (RITA® y PlantForm™), el biorreactor de última generación SETIS™ y el sistema BIT desarrollado en Biofábrica Misiones S.A., bajo criterios de inversión, capacidad de medio, carga operativa, tasa de multiplicación y niveles de contaminación. RITA® presenta inversión baja a media y un volumen máximo de 500 mL por unidad, lo que facilita su instalación en estanterías climatizadas; su diseño con múltiples juntas y filtros permite mantener la contaminación por debajo del 5 %, aunque un sellado deficiente puede elevarla hasta el 8–10 %. SETIS™ admite hasta 6 L de medio, automatiza los ciclos con dos recipientes apilables y prescinde de componentes complejos: sus reportes de contaminación oscilan entre el 5 % y el 10 %, atribuidos principalmente al manejo de las líneas de aire y los filtros hidrofóbicos. PlantForm™, con diseño modular apilable, ventilación forzada y enriquecimiento de CO₂, logra tasas de contaminación inferiores al 3 % gracias a su construcción monobloque y protocolos combinados de esterilización química y baños ultrasónicos. Tanto SETIS como PlantForm requieren altas inversiones iniciales. El BIT, construido con materiales de fácil acceso y operado mediante aire comprimido, maneja hasta 3 L de medio por reactor y permite alta densidad de unidades en serie. En *Musa spp.* ha demostrado multiplicaciones de 5–6 brotes/explante versus 2 en medio semisólido, con niveles de contaminación de 10–15 % que se controlan eficazmente mediante recambios rápidos de filtros y limpieza ultrasónica de los conectores. Además, su montaje ágil y los menores tiempos de suministro reducen costes de importación y acortan plazos de implementación. Aunque SETIS™ equilibra robustez y capacidad productiva y PlantForm™ aporta un control ambiental avanzado, el BIT destaca por su excelente relación costo-beneficio, su sencillez operativa y su adaptabilidad a distintas tecnologías productivas y especies. Su adopción, al optimizar espacio y tiempo de preparación, lo posiciona como una alternativa competitiva de bajo costo para

biofábricas con volúmenes de producción elevados.

MICROPROPAGACIÓN IN VITRO, BIORREACTORES DE INMERSIÓN TEMPORAL, RITA, SETIS, PLANTFORM, BIT, ESCALADO, COSTO OPERATIVO, TASA DE MULTIPLICACIÓN, CONTAMINACIÓN

37/BV

OPTIMIZACIÓN DE UN PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ADN DE ALTA CALIDAD EN CHAMAESCISTA DESVAUXII (LEGUMINOSAE): APLICACIÓN EN ANÁLISIS MOLECULARES DE BIODIVERSIDAD

MOURA-MENDES, JULIANA^A; VILLALBA-FARIÑA, DOMITILA^A; CAZAL MARTÍNEZ, CINTHIA C. ^A

a) Universidad Nacional de Asunción - Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas

jmendes@rec.una.py

Chamaecrista desvauxii, conocida popularmente como Sen Paraguay es una especie nativa de la región neotropical, compuesta de una diversidad de metabolitos secundarios, frecuentemente esto dificulta la obtención de ADN de calidad para análisis moleculares. Este trabajo tiene como objetivo evaluar dos métodos de extracción de ADN a partir del tejido foliar fresco de *Chamaecrista desvauxii*. En el Método A fue utilizado 1000 µL de buffer CTAB al 2%, incubación a 65 °C por 20 minutos, posteriormente la extracción se llevó a cabo con cloroformo: alcohol isoamílico (24:1) seguidamente de la precipitación con 50 µL de acetato de amonio 7,5 M y 800 µL etanol frío, continuando con lavados utilizando etanol y por último

resuspensión en agua milli-Q. Otro lado el Método B utiliza 750 µL de buffer CTAB al 2%, mismo proceso de incubación, seguida de 750 µL de cloroformo y 450 µL de isopropanol, realizando los lavados similares al método A y resuspensión en agua milli-Q. Ambos métodos se realizaron por triplicado. La concentración de ADN obtenido fue evaluada mediante espectrofotometría de bajo volumen, los valores promedios de la concentración y la relación 260/280 fueron: Método A; Cd₁ 290,5 ng/µL y 2,17, Cd₂ 371,3 ng/µL y 2,19, Cd₃ 392,3 ng/µL y 2,1, y para el Método B fueron; Cd₄ 450,6 ng/µL y 2,21, Cd₅ 427,7 ng/µL y 2,31, Cd₆ 93,3 ng/µL y 2,17; observándose una relación 260/280 más próxima a la óptima (1,8-2) en el Método A, lo que sugiere menor contaminación proteica o metabolitos secundarios, lo cual puede verse favorecido por la inclusión del acetato de amonio, ya que el mismo es eficaz en la precipitación de proteínas, azúcares y combinado con el CTAB puede facilitar la eliminación de compuestos fenólicos y otros metabolitos secundarios, mientras que la solución de cloroformo: isoamílico permitió la separación de lípidos de la muestra que podrían interferir en la cuantificación y purificación. En contraste, el Método B, aunque produjo una mayor concentración, mostró valores anómalos (como en Cd₆) y una relación 260/280 elevadas, posiblemente asociadas a contaminación residual. Este método optimizado permite obtener ADN de alta calidad y cantidad, factible de aplicarse en estudios de diversidad genética, caracterización molecular que podría extenderse a otras especies vegetales autóctonas, potenciando la investigación molecular en biodiversidad paraguaya.

SEN PARAGUAY, DIVERSIDAD GENÉTICA,
PLANTAS AUTÓCTONAS

39/BV

EFFECTO DE LA INTERAC-

CIÓN ENTRE UN FUNGICIDA Y UN BIOESTIMULANTE SOBRE EL CRECIMIENTO Y DESARROLLO DE PLANTAS DE HORDEUM VULGARE

VARELA, LUCAS^A; MARKAN, EMILIANO D.^{A,B};
ESPÓSITO, CRISTIAN E.^A; PESQUEIRA, JULIE-
TA^A

a) Universidad Nacional de Lomas de Zamora,
Facultad de Ciencias Agrarias

b) SIPCAM Argentina S.R.L.

lucasvarela.agro@gmail.com

El uso intensivo de agroquímicos ha afectado negativamente los ecosistemas y la microbiota del suelo, impulsando al estudio de bioestimulantes como alternativa sostenible para mejorar el desarrollo vegetal. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de diferentes concentraciones de un fungicida comercial (Difenoconazole, Iprodione y Metalaxil) aplicado a la semilla, y de la interacción con un bioestimulante a base de materia orgánica vegetal, sobre la emergencia y el crecimiento de plantas de cebada. El ensayo consistió en un DCA con 4 repeticiones, se llevó a cabo en cámara de cultivo (intensidad lumínica: $522,5 \pm 25,8 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$; temperatura máxima: $25,87 \pm 0,12 \text{ }^{\circ}\text{C}$; mínima: $22,32 \pm 0,13 \text{ }^{\circ}\text{C}$) y se utilizó la metodología de hidroponía por capilaridad en bandejas para aplicar la solución nutritiva Hoagland modificada ($\text{pH} = 6 \pm 0,01$; $\text{Ce} = 274,71 \pm 2,24 \mu\text{S cm}$). La aplicación de los productos se realizó a la semilla de acuerdo a los distintos tratamientos, en dosis normales recomendadas (1X), doblemente concentradas (2X) y cuatro veces concentradas (4X) para cada uno de ellos, resultando de la siguiente manera: testigo (solo agua), fungicida comercial, bioestimulante e interacción fungicida-bioestimulante. Los datos se sometieron a ANOVA y DGC ($\alpha:0,05$). La emergencia, medida al primer día después de la siembra, se vio retrasada tanto en los tratamientos con fungicida como en los de

fungicida-bioestimulante. Sin embargo, se observó un marcado efecto negativo del fungicida sobre la emergencia final para las 3 dosis utilizadas y para la interacción fungicida 4X-bioestimulante 4X con respecto al resto de los tratamientos. Para los análisis post-emergencia, se desestimó a los tratamientos que contenían las dosis más altas de fungicida, por la falta de plantas. La altura, medida a los 8 días desde la siembra, fue significativamente menor en los tratamientos con fungicida 1X y 2X y en la interacción 2X con respecto al resto de los tratamientos. Sin embargo, a partir de los 17 días, no se detectaron diferencias significativas de altura entre tratamientos, pero sí en el número de macollos; los tratamientos mencionados, evidencian un retraso en el macollaje y a los 25 días, no se observó diferencia entre tratamientos. El mismo comportamiento se evidenció con respecto al contenido estimado de clorofila, medido a través del índice SPAD. El peso fresco de la parte aérea, determinado a la cosecha, se vio más afectado en los tratamientos con fungicida solo y en la interacción 2X que en las raíces, en donde únicamente el fungicida 2X difiere significativamente del resto. A partir de los datos obtenidos en el ensayo, podemos concluir que el fungicida aplicado a dosis superiores a la indicada en el marbete, afecta el normal crecimiento y desarrollo de las plantas. El bioestimulante bajo condiciones óptimas de crecimiento y desarrollo no se diferencia del control, pero revierte el efecto sobre la emergencia provocado por el fungicida a las dosis 1X y 2X, mientras que a la dosis 4X, no se observa una reversión del efecto provocado por el fungicida.

FUNGICIDA, BIOESTIMULANTE, SEMILLA

40/BV

ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA Y DEL MECANISMO DE ACCIÓN

DEL PÉPTIDO SNAKIN-2 DE SOLANUM TUBEROSUM

RODRIGUEZ DIAZ, DEIMER D.^A; NAHIRÑAK, VANESA^{B,C}; SANCHEZ, SOFIA A.^A; ALMASIA, NATALIA I.^A; VAZQUEZ ROVERE, CECILIA^A.

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVyA - INTA UEDD INTA/ CONICET

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)

c) Estación Experimental Agropecuaria Montecarlo (EEA), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)

nahirnak.vanesa@inta.gob.ar

Las enfermedades causadas por bacterias, hongos, nemátodos y virus representan un serio problema para la agricultura y la industria, generando pérdidas económicas y dependencia de agroquímicos. Una alternativa biotecnológica prometedora es el uso de péptidos antimicrobianos (AMPs), moléculas pequeñas que forman parte de la inmunidad innata en plantas y animales. En papa (*Solanum tuberosum*), se ha identificado una familia de AMPs denominada Snakin/GASA, que comprende 18 genes agrupados en tres subfamilias, siendo Snakin-1 (SN1), Snakin-2 (SN2) y Snakin-3 (SN3) miembros de cada una de ellas. En el caso de SN2, hasta el momento se ha demostrado in vitro su actividad antimicrobiana frente a algunos hongos y/o bacterias a partir del péptido aislado de papa, sin embargo, su mecanismo de acción no ha sido dilucidado. Con el fin de utilizar SN2 como bioinsumo, nos planteamos profundizar el estudio de su rango y mecanismo de acción mediante la caracterización funcional de la actividad in vitro del péptido recombinante (rSN2). La secuencia codificante de SN2 fue clonada en el vector de expresión pET32a y expresada en *E. coli* como una fusión a tiorredoxina y a un tag de 6 histidinas. Luego, se pusieron a punto los parámetros de producción, lisis celular y purificación para alcanzar el mayor rendimiento

del péptido. Para comprobar que rSN2 era activo validamos su capacidad de agregar *Ralstonia solanacearum*. Posteriormente, determinamos que esta capacidad de rSN2 es también extensible a otras bacterias como *Pseudomonas syringae* y *Escherichia coli*. Asimismo, analizamos por primera vez su actividad antibacteriana frente a *Pseudomonas syringae* evaluando la capacidad de rSN2 de inhibir su crecimiento haciendo uso del indicador de viabilidad celular resazurina. Finalmente, y para estudiar el mecanismo de acción de SN2, determinamos su capacidad para permeabilizar las membranas de los microorganismos. Así, basándonos en la captación diferencial de fluoróforos, determinamos que en presencia de rSN2 hay una mayor proporción de células bacterianas de *E. coli* cuyas membranas se encuentran dañadas. Con el mismo principio, y analizando el mecanismo de acción frente a hongos determinamos que hifas de *Rhizoctonia solani* y *Botrytis cinerea* se tiñen en mayor proporción con trypan blue en presencia del péptido recombinante. En conclusión, sugerimos que la actividad biológica de rSN2 de amplio espectro (antibacteriana y antifúngica) podría explicarse por una interacción no específica con las membranas microbianas llevando a la permeabilización. Restaría analizar si el ingreso de rSN2 resulta en la inhibición de procesos metabólicos vitales como la síntesis de ácidos nucleicos, de proteínas o de la pared celular. Actualmente, para el control de las enfermedades de los cultivos se emplean compuestos químicos, estrategia que pone en serio riesgo la salud de los operarios, puede conducir a resultados catastróficos desde el punto de vista ecológico y además es extremadamente costosa. El estudio de SN2 nos permite no sólo avanzar en el conocimiento de la resistencia a patógenos conferida por el péptido sino también determinar su aplicabilidad biotecnológica en la agricultura, en la conservación alimenticia y/o en la industria farmacéutica.

SNAKIN-2, PÉPTIDO ANTIMICROBIANO, BIOIN-

SUMO, FITOPATÓGENOS, SOLANUM TUBEROSUM

41/BV

EXPLORACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y FUNCIONAL DE LA FAMILIA HADMP/DMP-LIKE EN GIRASOL: IMPLICANCIAS PARA LA INDUCCIÓN DE HAPLOIDÍA

CESPEDES MARTINEZ, JESICA^{A,B}; DOMINGUEZ, MATIAS^{A,B}; ALVAREZ, DANIEL^B; HEINZ, NICOLAS^B; AGUSTIN, MAZZALAY^B; LIA, VERÓNICA^C; EMILIANO, BEN G.^B; PANIEGO, NORMA^A; FASS, MÓNICA^A

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

b) Estación Experimental Agropecuaria Agropecuaria Manfredi, INTA, Manfredi, Córdoba

c) Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

emibenguerrero@gmail.com

La tecnología doble haploide (DH) es una herramienta valiosa para el mejoramiento genético, ya que permite obtener individuos completamente homocigotos a partir de progenitores heterocigotos en una sola generación. En cultivos como el maíz, la disponibilidad de líneas inductoras de haploides (IH) ha facilitado este proceso mediante un simple cruzamiento entre la línea IH y el material de interés. Sin embargo, en girasol (*Helianthus annuus*) aún no se han identificado líneas IH. En el caso del maíz, se ha determinado que la capacidad de inducción de haploides es un carácter poligénico. Entre los genes responsables se encuentra ZmDMP8 (DOMAIN OF UNKNOWN FUNCTION 679 membrane protein),

cuya expresión se localiza principalmente en polen. Su dominio, DUF679, presenta una amplia expansión en angiospermas, con secuencias conservadas y patrones de expresión similares entre especies. Una revisión preliminar del dominio DUF679 en girasol sugiere la existencia de nueve genes HaDMP/DMP-like. La genotipificación de 48 accesiones seleccionadas del Banco de Germoplasma de Girasol (BGG) del INTA reveló 82 variantes en estos genes. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la familia génica HaDMP/DMP-like en girasol a través del análisis de su patrón de expresión, su conservación filogenética entre especies, y la identificación de haplotipos en líneas endocriadas del BGG originadas a partir de cruzamientos con especies silvestres adaptadas.

Para ello, se obtuvieron datos de expresión génica de distintos órganos a partir de la base de datos SunExpress (Sunflower Gene Expression Atlas: <https://www.heliagene.org/sunexpress.html>). Se observó expresión mayoritaria de los genes HaDMP1 y HaDMP2 en polen, y de los genes HaDMP4, HaDMP1 y HaDMP2 en estambres. Además, se recolectaron más de 100 secuencias de proteínas con alta identidad con la codificada por ZmDMP8 (uno de los principales inductores de haploides en maíz) para realizar un análisis filogenético. Se incluyeron proteínas DMP asociadas a inducción de haploides en especies de las familias Asteraceae, Brassicaceae, y Solanaceae, entre otras, así como proteínas homólogas sin relación conocida con la inducción. El alineamiento y construcción del árbol filogenético se realizó con las herramientas PSI-Coffee e IQ-Tree, respectivamente. En el árbol, ZmDMP8 fue clasificada como grupo externo, mientras que HaDMP1 y HaDMP2 se agruparon junto con proteínas de otras especies relacionadas con inducción de haploidía, separándose del resto de los genes HaDMP. Finalmente, se analizaron los datos genotípicos de los 48 materiales del BGG, identificando cuatro haplotipos para HaDMP1 y seis para HaDMP2.

Este estudio permitió una caracterización

más profunda de la familia HaDMP/DMP-like, destacando a HaDMP1 y HaDMP2 como candidatos con mayor similitud a genes inductores de haploidía en otras especies, tanto por su secuencia como por su patrón de expresión. Sin embargo, será necesaria evidencia funcional adicional para establecer su participación específica en la inducción de haploidía en girasol.

DMP, DOBLE HAPLOIDE, FILOGENIA, DIVERSIDAD

42/BV

IDENTIFICACIÓN DE LOCI ASOCIADOS AL TIZÓN TARDÍO EN PAPA ANDINA MEDIANTE MAPEO ASOCIATIVO

NORERO, NATALIA S.^{A,B,*}; SUCAR, SOFÍA^A; REY, MARIA F.^{A,B}; RUBERTO, MARIANO^A; ARIZMENDI, AILÍN^A; DIVITO, SILVINA B.^A; MARTINO, MARIA V.^B; MASSA, GABRIELA^{A,B}; FEINGOLD, SERGIO E.^A

a) Laboratorio de Agrobiotecnología IPADS Balcarce INTA-CONICET

b) Facultad de Ciencias Agrarias UNMdP

norero.natalia@inta.gob.ar

Las papas andinas del Noroeste Argentino (*Solanum tuberosum* grupo Andigena) constituyen un valioso reservorio de diversidad genética en caracteres asociados a la calidad, sanidad y adaptación. Entre las enfermedades que afectan a la papa, el tizón tardío, causado por el oomycete *Phytophthora infestans*, representa la principal amenaza a nivel global y también en Argentina. Su manejo efectivo requiere un enfoque integrado que combine prácticas culturales, selección de cultivares, monitoreo sanitario y aplicación de fungicidas. No obstante, el elevado costo del control químico, junto con sus potenciales impactos ambientales y en la salud humana, subraya la necesidad de desarrollar alternativas

sostenibles. En este contexto, el fortalecimiento de las respuestas de defensa en el huésped emerge como una estrategia necesaria.

El objetivo de este trabajo es analizar la diversidad en la respuesta de las papas andinas frente a la infección con *P. infestans* e identificar posibles regiones genómicas asociadas a dicha resistencia.

En este trabajo se presentan los resultados fenotípicos de un segundo ensayo de infección con *P. infestans* sobre 72 genotipos *S. tub. gr. Andigena* y 11 genotipos *S. tub. gr. Tuberosum* que incluyen 3 variedades comerciales. La infección en cámara húmeda en hoja desprendida permitió evaluar tanto cuantitativamente la enfermedad a partir de la medición del área infectada a las 96 hs post infección. Los datos no presentaron una distribución normal (test de Shapiro-Wilks, $p < 0,0001$) y el porcentaje de infección varió según el genotipo (test Kruskal Wallis, $p < 0,0001$).

Se realizó un mapeo asociativo utilizando un panel de 72 genotipos *S. tub. gr. Andigena* y 11 genotipos *S. tub. gr. Tuberosum*. En el análisis se utilizaron 5035 marcadores SNP (DARtseq) altamente reproducibles, previamente generados. Para ubicar las regiones del genoma que pudieran estar relacionados con el tizón tardío, se realizó el mapeo asociativo con el modelo lineal mixto (MLM), que mostró una asociación entre el valor p -calculado y p -esperado (gráfico QQ-plot).

Se encontraron 40 marcadores significativamente asociados ($p < 0,005$), distribuidos en 11 de 12 cromosomas de la papa (Versión PGSC 4.01). Los cromosomas con regiones con mayor significancia fueron 1, 2, 5, 6 y 9. Resultados preliminares evidencian la presencia de al menos 24 genes localizados a una distancia menor o igual a 200 Kb de estos marcadores. Estos genes se ubicaron principalmente en los cromosomas 1, 5, 7, 8 (con 3, 3, 4, 5 genes respectivamente). Entre los genes identificados se encuentran potencialmente relacionados con la respuesta a estrés biótico, como genes relacionados con la síntesis de SA, un receptor de membrana

del tipo LRR quinasa, así como otros genes relacionados con procesos celulares metabólicos, transporte, regulación de la transcripción y procesos postraduccionales. Al menos dos de estos genes, un receptor de membrana y un gen de función desconocida, coinciden con los genes encontrados en un ensayo previo (2021). Estos resultados refuerzan la posibilidad de identificar genes candidatos relacionados con la resistencia o susceptibilidad a *P. infestans* en papa.

PHYTOPHTHORA INFESTANS SOLANUM,
DARtseq, EQ MLM

43/BV

COMPARACIÓN DE DOS PROTOCOLOS NIR DE MADERA EN SELECCIÓN FENÓMICA DE EUCALYPTUS GRANDIS PARA EL MEJORAMIENTO FORESTAL

GARCÍA, MARTÍN N.^A; BATISTELLI, MARIA-
NELA^B; VILLALBA, PAMELA V.^{A,C}; AGUIRRE,
NATALIA C.^A; RIVAS, JUAN G.^A; ACUÑA, CIN-
TIA V.^A; OBERSCHELP, JAVIER^D; HARRAND,
LEONEL^D; SERGENT, ANNE S.^B; MARTINEZ,
MARIA C.^A; MARTÍNEZ MEIER, ALEJANDRO^B;
MARCUCCI POLTRI, SUSANA N.^A

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, IABIMO (UEDD INTA-CONICET), Grupo de Genómica Aplicada al Mejoramiento de Especies Forestales y Frutales, Hurlingham, Argentina.

b) INTA EEA Bariloche – Grupo de Ecología Forestal – LEEMA; Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche, IFAB (UEDD INTA – CONICET).

c) Universidad Nacional de Moreno (UNM).

d) Estación Experimental Agropecuaria de Concordia, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Concordia, Argentina.

La utilización de espectros NIR (Near Infra-red Reflectance) en Selección Fenómica (SF) se conoce como NIR-BLUP y permite predecir tempranamente fenotipos acelerando los programas de mejoramiento genético. En ese sentido, se proyecta como una metodología con mayor probabilidad de ser aplicada en el corto y mediano plazo, frente a la Selección Genómica, debido a una reducción hasta doce veces menor de los costos. La cantidad de muestras en este tipo de proyectos es elevada para garantizar la habilidad predictiva de los modelos generados. Disponer de protocolos simplificados sin comprometer la calidad de los resultados representa una ventaja significativa para su implementación en contextos de análisis rutinario o a gran escala. Partiendo de la hipótesis de que la habilidad predictiva de un modelo de SF depende de la calidad de los datos espectrales, se compararon dos conjuntos de espectros NIR obtenidos mediante distintos protocolos. Se realizaron mediciones por duplicado de 416 muestras de viruta de madera del cruzamiento intraespecífico de *Eucalyptus grandis* EG-INTA-157 x EG-INTA-36 de un ensayo instalado en Gualaguaychú (Entre Ríos, Argentina) que incluyen ambos parentales y 87 progenies (hasta 5 clones por árbol) mediante NIR. Se obtuvieron 1661 espectros: 830 espectros medidos en bolsa de polietileno (BOLSA) y 831 espectros medidos en caja de Petri sobre holder rotatorio (ROT). Se generaron tres matrices de datos espectrales: 1. Espectros crudos normalizados (RAW); 2. Derivada primera de RAW; y 3. Derivada segunda de RAW. Se evaluaron las habilidades predictivas (HP: promedio de correlaciones entre valores predichos y observados) de estas tres matrices sobre cinco caracteres (diámetro a la altura del pecho (DAP); altura total (HT); densidad de madera estimada mediante Pilodyn 6J (PILO); tolerancia al cancro del tallo (CANCRO); y forma del fuste (FORMA)) mediante 50 validaciones cruzadas 90:10 manteniendo un esquema fijo para cuatro

metodologías de SF: Ridge Regression (RR), Bayes Lasso (BL), Random Forest (RF) y reproducing kernel Hilbert space (RKHS). La comparación de las HP se realizó mediante el test de Wilcoxon de dos colas para muestras pareadas, $\alpha=0,05$. Al comparar las HP de las matrices obtenidas mediante el protocolo BOLSA frente a sus respectivas contrapartes generadas mediante el protocolo ROT, se observó que, al aplicar una misma metodología para cada carácter, las HP fueron consistentemente superiores con el método ROT. La única excepción a esta tendencia se presentó en la combinación de la metodología Bayes Lasso para el carácter HT utilizando la matriz RAW, donde BOLSA mostró un desempeño significativamente mejor. En 39 de las 60 comparaciones realizadas, las diferencias fueron estadísticamente significativas favoreciendo al protocolo ROT por sobre el protocolo BOLSA. El análisis comparativo muestra que el protocolo ROT supera de forma consistente al protocolo BOLSA. Los resultados de este estudio evidencian que, si bien la implementación del muestreo ROT es más laboriosa y demandante en términos de tiempo operativo, dicho esfuerzo se ve ampliamente recompensado por una mejora significativa en la precisión predictiva, aportando a una implementación eficiente de la SF.

NIR-BLUP, PREDICCIÓN FENÓMICA, CALIDAD DE MADERA, CANCRO DEL TALLO, CRECIMIENTO

44/BV

EVALUACIÓN DEL MEDIO DE CULTIVO BASAL PARA LA MICROPROPAGACIÓN DE NELTUMA ALBA MEDIANTE CULTIVO LÍQUIDO

LISA, DIEGO G. [^]; NANINI, LETICIA A. [^]; LOPEZ TAPIA, MARÍA F. [^]; MAGGI, MARÍA E. [^]; PALA-

CIO, LORENA^A

a) Unidad de Recursos Fitogenéticos, Laboratorio de Tejidos Vegetales, Centro de Excelencia en Productos y Procesos de Córdoba (CEPROCOR), Sede Santa María de Punilla. Ministerio de Producción, Ciencia e Innovación Tecnológica, Provincia de Córdoba.

diegolisa@gmail.com

El cultivo in vitro de tejidos es una herramienta biotecnológica útil para la propagación masiva de plantas, la conservación de genotipos y estudios fisiológicos. En Argentina, *Neltuma alba* (Griseb.) C.E. Hughes & G.P. Lewis (algarrobo blanco), es una especie nativa de alto valor ecológico, económico y forestal. Los sistemas de inmersión temporal, basados en cultivo líquido, ofrecen ventajas como una mayor absorción de nutrientes, mejor aireación y posibilidad de automatización. El objetivo de este estudio fue evaluar el comportamiento de tejidos de *N. alba* en cultivo líquido por inmersión temporal, utilizando cuatro medios basales comunes en especies forestales: Broadead Tree Medium (BTM), Driver and Kuniyuki Walnut medium (DKW), Murashige and Skoog (MS) y Woody Plant Medium (WPM). Se emplearon como explantes iniciales ejes cotiledonares (ec), esquejes binodales (bn) y apicales (ap) de plántulas in vitro de 60 días cultivadas en medio WPM. Todos los medios fueron suplementados 3% (p/v) de sacarosa y 0,2 mg/L de bencilaminopurina. Las condiciones de cultivo incluyeron dos inmersiones diarias de 2 minutos, fotoperiodo de 16 h luz/8 h oscuridad, e intensidad lumínica de $45 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$. A los 30 días se evaluaron: número de brotes, de hojas, longitud del brote y tasa de multiplicación. Los esquejes fueron transferidos a medio semisólido WPM con 0,1 mg/L de ácido indolbútirico, 0,1 mg/L de ácido indolacético y 8 g/L de agar, para evaluar el enraizamiento, medido como porcentaje a los 45 días. Las vitroplantas enraizadas fueron aclimatadas en sustrato GrowMix®, registrando la supervivencia a los 30 días. Se obtuvieron respuestas diferenciales para cada tipo de explanto para todas las variables ana-

lizadas. El mayor número de brotes por explanto se obtuvo a partir de bn cultivados en medio MS ($1,83\pm 0,18$; $p=0,0026$). Los explantos ap crecieron manteniendo la dominancia apical, sin diferencias entre los medios evaluados. Tanto ap como bn desarrollaron hojas en los medios DKW, WPM y MS, aunque la producción foliar fue significativamente menor de bn en BTM ($p<0,0001$). La tasa de multiplicación no varió entre los distintos tratamientos. En contraste, los explantos ec presentaron escasa respuesta en todas las variables evaluadas, en todos los tratamientos. Todos los brotes presentaron signos de vitrificación, principalmente visible en las hojas. Sin embargo, se observó que los esquejes transferidos al medio semisólido lograron revertir este fenómeno mediante la formación de nuevas hojas y brotes no vitrificados. El porcentaje de enraizamiento promedio fue 49,4%, sin diferencias significativas entre los explantos provenientes de los distintos tratamientos de origen. La supervivencia en aclimatación superó el 90%. En conclusión, este estudio permitió demostrar la factibilidad de la micropropagación de *Neltuma alba* mediante cultivo líquido. Los esquejes binodales podrían ser los mejores esquejes para medio de cultivo líquido. Si bien los medios basales difieren en composición nutricional, no se pudo observar estas diferencias en las condiciones y variables analizadas. Ajustar parámetros y variables podría permitir elegir el medio basal óptimo para la micropropagación en medio líquido de la especie.

ALGARROBO BLANCO, SISTEMA DE INMERSIÓN TEMPORAL

45/BV

EVALUACIÓN DE LA CALIDAD ESPECTRAL LUMÍNICA SOBRE LA PROPAGACIÓN

IN VITRO DE POLEO (LIPPIA TURBINATA)

NANINI, LETICIA A.^A; LISA, DIEGO G.^A; LOPEZ TAPIA, MARÍA F.^A; MAGGI, MARÍA E.^A; PALACIO, LORENA^A

a) Unidad de Recursos Fitogenéticos, Laboratorio de Tejidos Vegetales, Centro de Excelencia en Productos y Procesos de Córdoba (CEPROCOR), Sede Santa María de Punilla. Ministerio de Producción, Ciencia e Innovación Tecnológica, Provincia de Córdoba.

diegolisa@gmail.com

El poleo (*Lippia turbinata* Griseb.) es un arbusto aromático y medicinal ampliamente utilizado en la elaboración de productos para infusiones y para la obtención de sus aceites esenciales; su presencia es amplia en la región centro y oeste de Argentina y en su mayoría se obtiene por recolección directa de su ambiente natural. Por ello se hace necesario promover otros métodos de cultivo para su producción intensiva y conservación. El cultivo de tejidos vegetales y la micropropagación se posicionan por sus ventajas y características particulares como una fuente alternativa de material vegetal para su uso en cultivos comerciales. Las condiciones de iluminación, entre otras del cultivo in vitro, pueden ser optimizadas para aumentar la cantidad de plantas micropropagadas. El objetivo de este trabajo fue estudiar la influencia de la calidad espectral de la iluminación artificial utilizada en la propagación in vitro de la especie sobre sus parámetros morfogénicos y productivos. El material de partida fueron esquejes apicales de aproximadamente 1 cm y se distribuyeron en frascos conteniendo medio de cultivo de propagación. Se cultivaron durante 35 días en cámara de crecimiento a 24 ± 1 °C, bajo diferentes condiciones de iluminación, configuradas al mismo nivel de irradiancia ($40 \mu\text{mol}/\text{m}^2 \cdot \text{s}^{-1}$) con un fotoperiodo de 16 h luz/8 h oscuridad: tiras LED rojas (R), azules (A) y combinaciones con las siguientes proporciones 1R:1A, 2R:1A, 1R:2A, tubos LED 4000K y tubos LED 6500K. Se

utilizó un diseño completamente al azar y se midieron: altura de planta, cantidad de brotes, longitud del brote más largo, tasa de multiplicación, peso fresco de la parte aérea, porcentaje de enraizamiento y longitud de raíz mayor. Se observaron diferencias en los parámetros analizados bajo las distintas calidades lumínicas evaluadas. Con iluminación provista por luz puramente roja (R) se observaron los valores más altos de todos los parámetros evaluados, dando una mayor altura de planta, cantidad y longitud de brotes, y una mayor elongación y distancia internodal, que en conjunto favorecieron la multiplicación con una tasa de 8.9 esquejes por explante. El peso fresco de la parte aérea y la formación y longitud de raíces también se vieron favorecidas por esta longitud de onda. El enraizamiento fue del 81% con una longitud de 1.16 ± 0.74 cm, pero sin diferencias significativas con los demás tratamientos. Estos resultados indican que el cultivo in vitro con iluminación provista por luces LED rojas favorecen en todo su conjunto las variables de crecimiento para la propagación de poleo.

MICROPROPAGACIÓN, AROMÁTICAS, MEDICINALES, ILUMINACIÓN, LED

46/BV

IMPACTO DE BIOINSUMOS HORMONALES Y BACTERIA-NOS SOBRE PARÁMETROS PRODUCTIVOS EN TOMATE

JIMENEZ, PATRICIO; MZZIOTTI, FACUNDO M.; MARIOTTI MARTINEZ, JORGE A.; FURIO, RAMIRO N.; FERNANDEZ, ANA C.; GARCIA, YAMILET C.; MARTINEZ ZAMORA, MARTIN G.; SALAZAR, SERGIO M.

matheomazziotti@gmail.com

El cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum*) representa uno de los sistemas hortícolas de mayor importancia económica y

social a nivel global, pero también uno de los más demandantes en términos de insumos y manejo agronómico. Frente a los desafíos actuales de la agricultura, con la necesidad de aumentar los rendimientos y reducir el impacto ambiental, el desarrollo de bioinsumos constituye una herramienta clave para avanzar hacia una producción más sostenible. En este contexto, la utilización de brasinoesteroides y bacterias promotoras del crecimiento vegetal ofrece una alternativa prometedora para mejorar la productividad sin recurrir a agroquímicos de síntesis. En el presente trabajo se evaluó el efecto de un análogo funcional de brasinoesteroide de nueva formulación, denominado UH20 asperjado foliarmente a una concentración de 0,1 mg l⁻¹, y la cepa AZ39 de una bacteria promotora del crecimiento vegetal como es *Azospirillum argentinense* sobre parámetros productivos en plantas de tomate (cv. 'Chalchalero') en cultivo protegido sin suelo. Los tratamientos incluyeron plantas control sin bioinsumos, plantas tratadas con UH20 y plantas inoculadas con AZ39 (106 ufc/ml) tanto por inmersión como por vía foliar, con el objetivo de explorar, además, su potencial como alternativa tecnológica. La fruta se cosechó periódicamente durante la campaña 2024, registrando número de frutos comerciales (> 70 g) y no comerciales (< 70 g, deformes, podridas, picadas y/o quemadas), y peso de frutos comerciales y descarte. Los resultados mostraron que la aplicación foliar de AZ39 generó incrementos significativos en todos los parámetros evaluados. Este tratamiento provocó un aumento del 120% en el número de frutos comerciales y del 53% en el número total de frutos (comercial + descarte) en comparación con el control. Asimismo, se observó un incremento del 125% en el peso de los frutos comerciales y del 65% en el peso total de frutos. Por su parte, el tratamiento con UH20 promovió un aumento del 50% en el número total de frutos, aunque sin cambios significativos en el peso de estos. Estos resultados permiten destacar dos hallazgos relevantes. UH20 demostró capacidad para inducir un aumento en el

rendimiento en términos de cantidad de frutos, lo que refuerza su potencial como bioestimulante. Se destaca, además, que la aplicación foliar de AZ39, no solo resultó efectiva, sino que superó ampliamente la inoculación por inmersión, generando mejoras marcadas en cantidad y peso de frutos comerciales y totales. Este hallazgo sugiere que la vía foliar representa una alternativa viable y promisorio para la utilización de AZ39, con beneficios agronómicos significativos. En conjunto, el estudio aporta evidencia sobre el valor de nuevas formulaciones de análogos funcionales de brasinoesteroides y nuevas estrategias de aplicación de bacterias promotoras del crecimiento vegetal en cultivos hortícolas, permitiendo aumentar marcadamente los rendimientos de un modo sustentable.

BIOINSUMOS, PGPB, BRASINOESTEROIDES, TOMATE

TRANSGÉNESIS Y EDICIÓN GÉNICA

EVALUACIÓN A CAMPO DE LA NUEVA VARIEDAD DE LECHUGA CISNE-INTA OBTENIDA POR EDICIÓN GÉNICA

BERACOCHEA, VALERIA^A; MINI, JORGE IGNACIO^A; VENTURA, FACUNDO^B; SÁNCHEZ, EMILIANA^B; ADLERCREUTZ, ENRIQUE^C; GATTI, MARIANO^C; PIROLA, MARIA EUGENIA^C; DARQUI, FLAVIA^A; RADONIC, LAURA^A; SOTO, GABRIELA^D; LOPEZ BILBAO, MARISA^A;

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires

b) EEA AMBA y CEI GORINA Gorina, La Plata, Buenos Aires, INTA, Argentina.

c) AER Mar del Plata, Buenos Aires, INTA, Argentina.

d) Instituto de Genética "Edwald Alfredo Favret" (IGEAF), INTA, Argentina.

valeriaberacochea@gmail.com

Se obtuvo una nueva variedad de lechuga que llamamos Cisne INTA, a partir de la variedad Grand Rapids, una lechuga de hoja tipo francesa. Cisne INTA se desarrolló a través de la técnica de edición génica vía CRISPR/Cas apagando el Factor de Transcripción SPL13, involucrado en el desarrollo vegetal. En ensayos en cámaras de crecimiento e invernáculos de bioseguridad, observamos que varias líneas presentaban, comparando con la variedad Gran Rapids sin mejorar, las siguientes características de importancia agronómica: mayor biomasa en la parte aérea, mayor número de hojas y floración retrasada. Seleccionamos una de las líneas que, además, presentaba otros caracteres de interés, como mayor biomasa de raíces y semillas de mayor peso y tamaño. Estos caracteres estuvieron también presentes en ensayos en sistema hidropónico.

Con el objetivo de comprobar que esta línea, Cisne INTA, era editada sin tener

material genético foráneo incorporado (no OGM), realizamos análisis de PCR utilizando pares de primers que cubrieran diferentes partes de la longitud del fragmento Ti. Con esta información logramos obtener la resolución favorable de la CONABIA (abril 2024) que reconoció a Cisne INTA como un cultivo convencional, siendo uno de los primeros obtenidos por esta técnica.

Con esta resolución favorable, pudimos realizar ensayos a campo para ver su respuesta en condiciones productivas en las Estaciones de INTA de: EEA AMBA y CEI GORINA, La Plata, Buenos Aires; AER Monte Vera, Santa Fe y AER Mar del Plata, Buenos Aires; así como en un campo aledaño al Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO). En todos los casos se mantuvieron las observaciones realizadas en condiciones controladas, tanto a campo como en invernadero. Uno de los caracteres medidos fue el rendimiento que en el promedio de las 4 localidades fue 20% mayor en Cisne que en Grand Rapids.

En este trabajo se muestran los resultados de los análisis moleculares y de los ensayos a campo que serán utilizados para realizar la inscripción en el Registro Nacional de Cultivares y en el Registro Nacional de la Propiedad de Cultivares (INASE) de este nuevo cultivar de lechuga.

LECHUGA, EDICIÓN GÉNICA, CONVENCIONAL, CAMPO, RENDIMIENTO

MEJORAMIENTO DE LA REGENERACIÓN IN VITRO DE LECHUGA POR LA EXPRESIÓN DE LOS GENES GROWTH-REGULATING FACTOR (GRF) Y GRF-INTERACTING FACTOR (GIF)

VILARDO GÓMEZ, AGUSTINA B.^A; LOPEZ BILBAO, MARISA^A; RADONIC, LAURA M.^A

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires

radonic.laura@inta.gob.ar

La transformación genética de especies vegetales es una poderosa herramienta para poder obtener plantas con características deseadas, entre otras, se pueden mencionar la tolerancia a patógenos, resistencia a herbicidas o la producción de metabolitos. Sin embargo, en muchas especies vegetales existe una limitante que impide la adopción de esta tecnología como es la imposibilidad de establecer el cultivo in vitro, dichas especies se conocen como recalcitrantes al cultivo de tejidos. Durante años se han buscado técnicas y mecanismos para superar esa limitación, como el manejo de la composición de diferentes reguladores del crecimiento en los medios de cultivo. En la última década han aparecido diferentes genes involucrados en la regeneración como los factores de transcripción GROWTH-REGULATING FACTOR (GRF) que participan en múltiples etapas del crecimiento y del desarrollo de los diferentes órganos de la planta. Estos a su vez pueden formar complejos funcionales de transcripción con los cofactores de transcripción GRF INTERACTING FACTOR (GIF).

La lechuga (*Lactuca sativa* L.) es un cultivo modelo para realizar estudios biotecnológicos y de biología molecular debido a su notable plasticidad y adaptación a la transformación genética y al cultivo de tejidos. Actualmente existen variedades de lechuga transformadas con múltiples fines. Particularmente, en el trabajo con la transformación de lechuga en el IB-IABiMo se cuenta con un protocolo establecido de transformación y selección en la variedad Grand Rapids, habiéndose logrado la obtención de líneas transgénicas y de líneas editadas.

En este trabajo se propuso estudiar si la expresión conjunta de los genes GRF4-GIF1 de tomate (*Solanum lycopersicum*)

mejoran los niveles de regeneración in vitro y las tasas de transformación genética en la variedad Grand Rapids de lechuga. Para ello, se comparó la transformación de lechuga utilizando una construcción con la quimera GRF4-GIF1 y, como control, otra con el gen de la betaglucuronidasa GUS que no tiene ningún efecto sobre la regeneración o transformación.

Cuando se utilizó el vector GRF4-GIF1 se observó la regeneración en etapas más tempranas, lo que permite acelerar la velocidad de obtención de brotes y reducir los tiempos de los ensayos. También, se observó una mayor cantidad de brotes obtenidos por explanto (obteniéndose un incremento de la producción promedio de brotes de 89,5 %), comparando con la transformación con GUS.

LECHUGA, REGENERACIÓN, GRF4-GIF1, TRANSFORMACIÓN GENÉTICA

4/TEG

EDICIÓN GÉNICA DEL GEN TAGW2 EN CULTIVARES DE TRIGO COMERCIALES MEDIANTE CRISPR-CAS9 PARA LA MEJORA DEL TAMAÑO DE GRANO

AUTERI, Micol^{A,B*}; BEZNEC, Ailín^A; FACCIO, PAULA D.^A; IRAZOQUI, MATIAS^C; FUMERO, MARÍA V.^{B,D,E}; AMADIO, ARIEL^C; VANZETTI, LEONARDO^A; BOSSIO, EZEQUIEL^A.

a) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Genética.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

c) Instituto de Investigaciones de la Cadena Láctea (IDICAL), CONICET-INTA.

d) Instituto de Biotecnología Ambiental y de la Salud (INBIAS)

e) Universidad Nacional De Río Cuarto (UNRC).

auteri.micol@inta.gob.ar

El tamaño de grano en trigo es un carácter complejo estrechamente vinculado al rendimiento, por lo que su mejora representa un objetivo estratégico para los programas de mejoramiento genético. En este trabajo se propuso incrementar dicho carácter mediante la inducción de pérdida de función del gen TaGW2 utilizando la herramienta de edición génica CRISPR-Cas9. El gen TaGW2, identificado como un regulador transcripcional negativo de genes asociados al tamaño de grano, fue seleccionado en conjunto con el Programa de Mejoramiento de Trigo de INTA, considerando tanto su función biológica como su impacto en la productividad observado en trabajos previos. La edición génica se realizó mediante bombardeo con microproyectiles sobre embriones inmaduros. A diferencia de estudios previos donde se emplearon exclusivamente genotipos modelo, este trabajo se enfocó en cultivares comerciales recientemente inscriptos, MS-INTA 119 y MS-INTA-MDA 1.22 seleccionados por sus destacadas características agronómicas (ciclo, calidad, sanidad y rendimiento) obtenidas por mejoramiento convencional. La elección de cultivares de ciclo largo y elevada producción de biomasa permitiría optimizar el uso de los fotoasimilados por las plantas editadas y favorecer el efecto del alelo TaGW2 mutado, destacando el valor estratégico de combinar herramientas de edición génica con germoplasma elite. Adicionalmente, en este trabajo se incluyó el genotipo Bw56, seleccionado por su alta eficiencia en cultivo in vitro. La validación de las ediciones se llevó a cabo mediante secuenciación de los genes TaGW2 en los cromosomas 6A, 6B y 6D de trigo con tecnología Oxford Nanopore, lo que permitió una caracterización precisa y eficiente de las variantes alélicas generadas. Como resultado, se obtuvieron líneas editadas de los cultivares MS-INTA 119 y Bw56 que mostraron mejoras agronómicas en el tamaño de grano, observándose aumentos significativos ($P\text{-value} < 0.05$) en área,

perímetro y largo. En el genotipo MS-INTA 119 editado se observó un incremento del 10,6 % en el área media, del 3,6 % en el perímetro medio y del 2,8 % en el largo medio. En el genotipo Bw56 editado el área media aumentó un 12,5 %, el perímetro medio un 6,5 % y el largo medio un 4,5 %. Es importante mencionar que los materiales obtenidos no contienen inserciones heterólogas en su genoma, por lo que, conforme a la normativa vigente no serían considerados Organismos Genéticamente Modificados (OGM) lo cual habilitaría a su manejo como cultivares desarrollados mediante mejoramiento convencional. Actualmente se están multiplicando semillas de diferentes familias editadas, con el objetivo de establecer con precisión cuantos alelos editados conserva cada una de ellas y que comiencen a ser evaluadas en la próxima campaña por el Programa de Mejoramiento Genético de INTA luego de haber obtenido dictamen de no regulado por parte de la Coordinación de Innovación y Biotecnología de la Dirección Nacional De Bioeconomía. Este trabajo constituye el primer caso de aplicación de edición génica orientada a un carácter agronómico demandado por programas de mejoramiento locales, sobre cultivares adaptados, demostrando el potencial de esta tecnología para generar variabilidad específica sin alterar el fondo genético previamente mejorado.

EDICIÓN GÉNICA, TRIGO, GW2, TAMAÑO DE GRANO

5/TEG

TRANSFORMACIÓN ESTABLE EN VARIEDAD COMERCIAL DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE ARROZ DE INTA

FACCIO, PAULA D.^A; AMEJEIRAS, SARA^A;

BEZNEC, AILÍN^A; COLAZO, JOSE^B; BOSSIO, EZEQUIEL^A

a) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Genética.

b) EEA Concepción del Uruguay, GTMGA, INTA

faccio.paula@inta.gob.ar

El arroz (*Oryza sativa* L.) es uno de los cultivos de mayor relevancia a nivel global, aportando más del 20 % de las calorías consumidas por la población mundial. En respuesta al crecimiento sostenido de la demanda, resulta prioritario el desarrollo de nuevas variedades con alto potencial de rendimiento, mejor calidad de grano y resistencia incrementada a estreses bióticos y abióticos. Si bien el mejoramiento convencional y la mutagénesis han contribuido significativamente al desarrollo varietal, presentan limitaciones en términos de precisión y velocidad, lo que dificulta su capacidad para satisfacer las necesidades actuales de producción. En este contexto, la aplicación eficiente de herramientas de edición génica permite la generación de líneas editadas directamente sobre materiales comerciales de alto valor agronómico. Previo a la posibilidad de aplicar estas nuevas biotecnologías es fundamental disponer de un protocolo eficiente que permita la transformación genética, especialmente por tratarse de variedades elites.

En estudios previos, realizados en nuestro laboratorio, se ajustaron las condiciones de cultivo in vitro de variedades de arroz provenientes del Programa de Mejoramiento de INTA, para lograr una regeneración de plantas eficiente. En el presente trabajo se evaluaron los parámetros para la transferencia génica sobre la variedad comercial Guri, la cual muestra una buena capacidad embriogénica, en las condiciones de cultivo optimizadas.

La transferencia de genes se realizó por el método biolístico, utilizando un cañón de alta presión. Se bombardeó con dos vectores de expresión: uno conteniendo el gen de selección hph bajo la regulación del promotor Actina I, el cual confiere resistencia a higromicina y otro vector conteniendo el

gen reportero gus como marcador visualizable, bajo la regulación del promotor Ubiquitina. Se evaluaron distintas presiones de disparo (650, 900 y 1350 psi) y distintos estadios de embrión inmaduro y callos.

Se lograron regenerar plántulas en medio selectivo con higromicina. Estas plantas fueron rustificadas en cámara de cría, y la presencia del gen hph fue confirmada mediante PCR. La condición óptima para la transformación fue una presión de disparo de 900 psi, utilizando como explante callos provenientes de embriones inmaduros.

Se establecieron condiciones eficientes para la transformación genética de la variedad comercial Guri mediante biolística. Estos resultados constituyen un avance fundamental para la aplicación de edición génica en materiales de alto valor agronómico desarrollados por el programa de mejoramiento. Actualmente se está terminando de ensamblar los vectores de edición para generar variabilidad sobre caracteres de interés agronómico propuestos por el programa de mejoramiento.

ARROZ, VARIEDADES LOCALES, EDICIÓN GÉNICA

6/TEG

DESARROLLO DE EVENTOS TRANSGÉNICOS DE CAÑA DE AZÚCAR CON TOLERANCIA INCREMENTADA A ESTRÉS HÍDRICO

ENRIQUE, RAMON^A; BUDEGUER, FLORENCIA^A; OSTENGO, SANTIAGO^A; CASTAGNARO, ATILIO P. ^A; NOGUERA, ALDO^A

Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Las Talitas, Tucumán, Argentina.

ramon.enrique.ar@gmail.com

La caña de azúcar (*Saccharum* spp.) es un cultivo tropical y subtropical de propagación vegetativa que contribuye aproximadamente con el 80% y el 40% de la producción mundial de azúcar y bio-combustibles, respectivamente. El cambio climático afecta la producción del cultivo en todo el mundo causando importantes pérdidas de rendimiento. Por esta razón, el mejoramiento convencional, apoyado por la ingeniería genética, busca constantemente desarrollar nuevos genotipos con mayores rendimientos de azúcar, biomasa y mayor tolerancia al estrés abiótico. En este estudio, se propuso introducir mediante transgénesis el gen *HaHb11*, que codifica para un factor de transcripción de girasol, en la variedad élite de caña de azúcar TUC 03-12. La sobreexpresión de *HaHB11* en otros cultivos, como maíz y alfalfa, incrementa la tolerancia al estrés hídrico (inundación y sequía) y mejora la productividad. Se bombardearon callos de TUC 03-12 con una construcción genética que contiene el gen de interés *HaHb11* y el gen *nptII* como marcador de selección. Mediante ensayos de PCR se confirmó la presencia de los transgenes en 117 líneas transformadas. En ensayos de fenotipado en condiciones normales de crecimiento en invernadero, se observaron líneas transgénicas destacadas con mayor índice de velocidad de emergencia (IVE) y mayor longitud de tallos y raíces, respecto a las plantas no transgénicas (NT) a los 30 días post plantación. Posteriormente, 8 líneas transgénicas seleccionadas se sometieron a condiciones de estrés hídrico severo (sin riego) durante 45 días. Bajo dichas condiciones, las plantas NT presentaron amarillamiento de las hojas apicales y mayor enrollamiento en las hojas respecto a las líneas transgénicas. Cabe destacar, que todas las líneas transgénicas mantuvieron un mayor porcentaje de agua retenida (RWC%) respecto a las plantas NT y presentaron una recuperación más rápida luego de restituir el riego. En conclusión, se han generado con éxito líneas transgé-

nicas de caña de azúcar que expresan el factor de transcripción *HaHB11* del girasol. Las líneas destacadas en los ensayos en condiciones controladas serán evaluadas posteriormente en ensayos de campo diseñados especialmente para tal fin.

SACCHARUM SPP., TRANSGÉNESIS, *HAHB11*, ESTRÉS HÍDRICO

7/TEG

LA EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS CRY Y VIP EN CAÑA DE AZÚCAR INCREMENTA LA RESISTENCIA A *DIATRAEA SACCHARALIS*

BUDEGUER, FLORENCIA^A; ENRIQUE, RAMON^A; GARCÍA DEGANO, FLORENCIA^A; RODRÍGUEZ, DÉBORA^A; NOGUERA, ALDO^A; OSTENGO, SANTIAGO^A; PERERA, FRANCISCA^A; RACEDO, JOSEFINA^A

a) Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAO) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Tucumán, Argentina.

ramon.enrique.ar@gmail.com

Diatraea saccharalis constituye una de las principales plagas que afectan a la caña de azúcar (*Saccharum* spp.) en América, generando significativas pérdidas económicas a pesar de la aplicación de estrategias de control cultural, biológico y químico. En otros cultivos, la incorporación de genes insecticidas provenientes de *Bacillus thuringiensis* (Bt) mediante transformación genética ha demostrado ser una herramienta eficaz para su manejo. Hasta el momento, a nivel mundial, las variedades transgénicas comerciales de caña de azúcar disponibles expresan una única proteína Bt de la familia Cry. A fin de aportar una herramienta que retrase la aparición de insectos resistentes, el objeti-

vo del presente estudio es obtener eventos transgénicos apilados, con sobreexpresión combinada de proteínas Bt que involucran diferentes mecanismos de acción, denominadas Cry y Vip. En este estudio, se introdujeron genes cry y vip mediante bombardeo de micropartículas de callos embriogénicos de la variedad TUC 03-12. De un total de 374 líneas regeneradas en medio selectivo y evaluadas mediante PCR, 229 resultaron positivas para al menos uno de los transgenes. Las líneas transgénicas fueron aclimatadas en fitotrón para su evaluación molecular y fenotípica. Posteriormente se determinó la presencia de proteínas Cry y Vip mediante kits de detección de flujo lateral. La proteína Cry se detectó en 131 líneas aclimatadas, mientras que la proteína Vip fue detectada en 3. Para evaluar la resistencia a *D. saccharalis*, se realizaron bioensayos bajo condiciones controladas mediante los cuales se identificaron 30 líneas con alta toxicidad con tasas de mortalidad larval superiores al 78 %; entre ellas, dos eventos expresaron simultáneamente ambas proteínas Bt. Adicionalmente, se identificaron 18 líneas con toxicidad moderada, registrando mortalidades entre el 50 y el 75 %. Se seleccionaron 21 líneas promisorias con diferente nivel de toxicidad y se cuantificó la expresión génica relativa mediante qRT-PCR, observándose niveles de expresión entre 3 y 140 veces para el gen Cry, y entre 2 y 1400 veces para el gen Vip, en comparación con plantas no transformadas. Estos resultados demuestran que la transformación genética de caña de azúcar con genes cry y vip incrementa significativamente la resistencia a *D. saccharalis*. La generación de variedades transgénicas resistentes representa una solución tecnológica que puede incorporarse en los programas de manejo integrado de plagas, reduciendo el uso de insecticidas y contribuyendo a una producción más sostenible.

BIOBALÍSTICA, CAÑA DE AZÚCAR TRANSGÉNICA, DIATRAEA SACCHARALIS, PROTEÍNAS BT, CONTROL DE PLAGAS.

EVALUACIÓN A CAMPO DE PLANTAS DE LECHUGA TRANSFORMADAS CON EL PÉPTIDO ANTIMICROBIANO SNAKIN-1 O LA PROTEÍNA ANTIFÚNGICA QUITINASA

RADONIC, LAURA M.^A; FILIPPI, CARLA V.^B; MINI, JORGE I.^A; DARQUI, FLAVIA S.^A; BERA-COCHEA, VALERIA^A; LOPEZ BILBAO, MARISA^A

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires

b) Laboratorio de Bioquímica, Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

radonic.laura@inta.gob.ar

La lechuga puede verse afectada por patógenos fúngicos, bacterianos o virales, provocando principalmente enfermedades foliares que reducen la producción y afectan severamente el valor comercial de este cultivo. En este contexto, en el Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) de INTA fueron obtenidas plantas transgénicas que expresan el péptido antimicrobiano snakin-1 de *Solanum chacoense* o la proteína relacionada con la patogénesis quitinasa (ch5B) de *Phaseolus vulgaris*. Uno de los criterios de bioseguridad que presentan los marcos regulatorios internacionales es que los organismos genéticamente modificados deben demostrar una equivalencia sustancial con la contraparte convencional (o no transgénica, NT), presentando unas pocas diferencias claramente determinadas por el carácter introducido. En este trabajo se evaluaron dos eventos ch5B, dos eventos snakin-1 y una línea NT en un ensayo a campo, en un terreno adyacente al IABIMO, trabajando bajo las normativas de la CONABIA para este tipo de cultivos. Los distintos eventos fueron germinados

en el invernáculo de bioseguridad para evitar el derrame accidental de semillas y para tener control del número de plantas sembradas. Los plantines obtenidos se trasplantaron al campo que fue preparado con una cobertura plástica (mulching) y un sistema de riego. Los plantines fueron sembrados en un diseño de bloques completamente al azar con 4 repeticiones. Cada bloque constó de cinco surcos donde se sembró cada uno de los eventos y la línea NT. Adicionalmente se sembraron borduras para establecer el aislamiento del ensayo de acuerdo con la normativa y para evitar los efectos de borde en el análisis. Se evaluaron las características fenotípicas (alto y ancho de la planta, número de hojas, peso fresco y peso seco) al momento de la cosecha. Adicionalmente, se evaluó la ocurrencia de alguna infección natural que permitiera evaluar la actividad antifúngica de los transgenes. No se permitió que las plantas lleguen a la etapa de floración como medida de contención del evento regulado. No se produjeron infecciones naturales, por lo que no se pudo evaluar a campo una respuesta diferencial de las plantas transgénicas. Se observó que los eventos no presentaron diferencias significativas con las plantas NT en los parámetros analizados, mostrando idéntico comportamiento agronómico

ANTIFÚNGICOS, EVENTOS, ENSAYO A CAMPO

9/TEG

EDICIÓN CRISPR/Cas9 DEL EXÓN 2 DEL GEN MSH1 PARA GENERAR VARIABILIDAD EN EL GENOMA DE LOS CLOROPLASTOS DE TRIGO

LENCINA, FRANCO^A; BEZNEC, AILÍN^A; FACCIO, PAULA D. ^A; ETCHART, VALERIA J. ^A; GARCIA, ARACELI N. ^A; LANDAU, ALEJANDRA M. ^A; BOSSIO, EZEQUIEL^A

a) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Genética.

bossio.ezequiel@inta.gob.ar

Los genes Msh (MutS-Homologues) codifican proteínas del sistema de reparación de apareamientos incorrectos del ADN. Existen siete proteínas MSH en plantas; MSH1 es la única que posee péptido señal de direccionamiento dual a cloroplastos y mitocondrias. Por otro lado, se ha demostrado que variantes proteicas con pérdida de función en la reparación del ADN pueden usarse para aumentar la tasa de mutaciones y generar variabilidad con aplicaciones en genómica funcional o en mejoramiento genético, en el caso de las plantas. La mutante de cebada cpm (barley chloroplast mutator) posee un codón de terminación de la traducción prematuro en el gen Msh1, lo que produciría una proteína truncada sin los dominios de unión a ATP y de endonucleasa. En estudios previos, hemos detectado en cpm, un aumento en la producción de SNPs e indels en microsatélites, y de eventos de recombinación ilegítima en el genoma de los cloroplastos. En este trabajo, se buscó generar alelos con pérdida de función de la proteína MSH1 de trigo a través de edición génica mediante CRISPR/Cas9 y obtener una herramienta que permita producir variabilidad en el genoma de los cloroplastos de trigo. Se bombardearon 813 escutelos inmaduros del genotipo Bw56 con el vector de edición npcE2E3-26-17 conteniendo los módulos de Voytas para expresión de Cas9 y de tres ARN guías dirigidos al exón 2 del gen Msh1. Este vector posee además una unidad transcripcional de selección BAR que codifica la enzima PAT que otorga resistencia al herbicida glufosinato de amonio. Luego de la obtención de 40 plantas viables desde la selección realizada en el cultivo in vitro, se crecieron estas plantas en cámara de cría y se identificaron 16 plantas transgénicas PCR positivas para la presencia de Cas9. A continuación, se analizó la existencia de polimorfismos en el exón 2 del gen Msh1 mediante secuenciación

masiva (NGS) de pools de amplicones representando a las 40 plantas obtenidas luego de la selección. Se identificaron 4 plantas editadas que tuvieron tanto inserciones como deleciones en las regiones de los ARN guías. El tamaño de estos indels fue de 1 a 49 pb, y se ubicaron en los tres genomas (A, B y D). Dos plantas mostraron fenotipos normales y produjeron semillas T1, mientras que otras dos mostraron fenotipos anormales y esterilidad. Por último, el análisis molecular mediante NGS de la generación T1 crecida en cámara de cría, indicó la existencia de individuos que heredaron algunos de los indels identificados en Msh1. De esta manera, mediante CRISPR/Cas9 fue posible realizar edición génica para la pérdida de funcionalidad de MSH1 en trigo. Se planifica continuar con la siembra de una mayor cantidad de semillas T1 para el armado de poblaciones que posean el gen Msh1 editado en cada uno de los genomas, y también en los tres simultáneo, y evaluar en esas poblaciones la existencia de polimorfismos en el genoma de los cloroplastos.

EDICIÓN, MSH1, TRIGO, VARIABILIDAD GENÉTICA, CLOROPLASTOS

10/TEG

OPTIMIZACIÓN DE LA PROPAGACIÓN CLONAL DE PORTAINJERTOS CÍTRICOS PARA MULTIPLICACIÓN DE BROTES TRANSGÉNICOS

CASTELLANO RENGEL, MICAELA S.^A; LEDESMA, VERONICA A.^A; ROMERO, AIDA L.^A; CASTAGNARO, ATILIO P.^A; NOGUERA, ALDO^A; FILIPPONE, MARIA P.^B; SENDIN, LORENA N.^A

a) Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) -

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Tucumán, Argentina.

b) FAZyV, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina

mcastellano@eeaoc.org.ar

La propagación in vitro de portainjertos cítricos constituye una herramienta clave para el desarrollo de tecnologías basadas en el cultivo de tejidos, como es la transformación genética. Sin embargo, esta etapa representa un gran desafío debido a la variabilidad en la respuesta regenerativa asociada a los genotipos cítricos. En trabajos previos realizados sobre híbridos obtenidos y liberados por la EEAOC, se optimizó un protocolo de transformación genética en el cual cada brote regenerado representa un evento transgénico independiente. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue desarrollar una metodología que permitiera la clonación eficiente de cada línea transgénica, a fin de avanzar con los ensayos de desafío y evaluar la característica introducida. Se evaluó el efecto de diferentes combinaciones de ácido giberélico (AG₃) y 6-benzilaminopurina (BAP) sobre la eficiencia de multiplicación in vitro del portainjerto Citrandarin 61AA3. Para ello, se utilizaron segmentos internodales provenientes de plantas germinadas in vitro. Los brotes regenerados en los extremos de los explantos, luego de 60 días de cultivo, fueron separados, medidos y colocados verticalmente en un medio basal Murashige y Skoog (MS), suplementado con 3% de sacarosa, 7% de agar y cuatro tratamientos hormonales: A) 2 mg/L BAP + 0,5 mg/L AG₃; B) 1 mg/L BAP + 0,5 mg/L AG₃; C) 1 mg/L BAP + 0,2 mg/L AG₃; y D) 2 mg/L BAP + 0,2 mg/L AG₃. Se cultivaron 10 brotes por frasco, con dos repeticiones por tratamiento. A los 30 días se evaluó la tasa de crecimiento, supervivencia y multiplicación de brotes. El tratamiento B presentó el mayor porcentaje de multiplicación (30%). En cuanto a la tasa de crecimiento y supervivencia, no se observaron diferencias significativas entre

tratamientos, excepto en el tratamiento D, que afectó negativamente ambos parámetros. En función de estos resultados, se seleccionó el tratamiento B como la combinación más eficaz para la propagación clonal. Esta combinación hormonal fue incorporada posteriormente en la etapa de multiplicación en los ensayos de transformación genética de los genotipos 61AA3 y Citrange Troyer. Para ello, se utilizó la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* para la incorporación del gen de interés que codifica un factor de transcripción asociado a la tolerancia a estrés abiótico, y el gen reportero *gus* (β -glucuronidasa). Al cabo de 30 días, los brotes respondieron positivamente generando nuevos brotes, cuya identidad transgénica putativa fue confirmada mediante tinción histoquímica *gus*. Estos resultados constituyen un avance significativo en la consolidación de protocolos aplicables a la propagación y obtención de líneas cítricas transformadas. En particular, estas plantas podrán ser utilizadas en ensayos de desafío bajo condiciones de estrés abiótico, con el fin de validar la eficacia del evento de transformación y caracterizar su desempeño fisiológico.

MICROPROPAGACIÓN, PORTAINJERTOS CÍTRICOS, TRANSGÉN TRANSGÉNESIS

11/TEG

RESPUESTA AL ESTRÉS ABIÓTICO EN PLANTAS DE LECHUGA CON EL GEN *LsDREB2A* INACTIVADO VÍA CRISPR/Cas9

DARQUI, FLAVIA S.^A; LAHERA, CIELO R.^A; TAJIMA, HIROMI^B; RADONIC, LAURA M.^A; BERACOCHEA, VALERIA^A; BLUMWALD, EDUARDO^B; LOPEZ BILBAO, MARISA^A

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología

Molecular, UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires

b) Departamento de Ciencias Vegetales, Universidad de California, Davis, Estados Unidos.

lopezbilbao.marisa@inta.gob.ar

La lechuga es una de las hortalizas más consumidas a nivel mundial, pero su rendimiento puede verse significativamente afectado por estreses abióticos como la sequía, la salinidad y las altas temperaturas.

Las plantas responden a estreses abióticos mediante la activación de genes regulados por factores de transcripción tales como los de la familia AP2/ERF, entre los cuales se encuentran las proteínas DREB. Uno de los genes DREB más estudiados es *AtDREB2A* de *Arabidopsis thaliana*, el cual se activa en respuesta al estrés por sequía, salinidad y altas temperaturas. Para estudiar la función del gen ortólogo en lechuga, *LsDREB2A*, se compararon plantas wild type y mutantes *Lsdreb2a* (knock-out por CRISPR) durante la etapa de germinación y de planta adulta, en condiciones controladas de crecimiento y bajo tratamientos de estrés abiótico. Para evaluar la capacidad de germinación en estrés salino o por sequía, se cultivaron semillas de ambos genotipos en MS½ con distintas concentraciones de NaCl (0, 100, 150 y 200 mM) o manitol (0, 150, 200 y 250 mM) y para observar el impacto del estrés térmico, semillas cultivadas en MS½ se incubaron overnight a 23 o 37 °C, y luego se dejaron germinar en cámara de cría (23 °C). Se registró la emergencia de la radícula a los 2, 3 y 6 días, y luego de realizar una prueba exacta de Fisher comparando la cantidad de semillas dentro de las categorías "germinadas" y "no germinadas", no se observaron diferencias significativas en la germinación de ambos genotipos bajo condiciones control (0 mM NaCl o manitol), pero si bajo estrés por salinidad y sequía (a los 2, 3 y 6 días) y alta temperatura (a los 2 días), ya que las semillas *Lsdreb2a* mostraron una germinación significativamente menor en comparación con las semillas

wild type. Para los experimentos en invernáculo, plantas adultas en el estado de roseta se regaron a capacidad de campo con agua corriente (tratamiento control), con una solución 150 mM de NaCl (tratamiento salino), se mantuvieron sin riego (tratamiento por sequía) o fueron sometidas a pulsos diarios de 2 h a 37 °C (tratamiento térmico) durante tres semanas no consecutivas. Se midieron las variables de peso fresco y seco de la parte aérea, así como longitud de tallo y contenido de clorofila, y mediante prueba T para muestras independientes, se evaluaron diferencias significativas entre los genotipos. Los genotipos no presentaron diferencias significativas en condiciones control, pero bajo estrés por salinidad y sequía, las plantas *lsdreb2a* acumularon menor peso fresco o seco respectivamente, y exhibieron un promedio ligeramente mayor en la longitud del tallo que las plantas de tipo salvaje. Bajo estrés por calor, las plantas *lsdreb2a* fueron en promedio más livianas en peso fresco y seco que las plantas wild type. Los tratamientos de estrés también tuvieron un impacto diferencial entre genotipos en el contenido de clorofila. En conjunto, estos resultados indican que la pérdida de función de *LsDREB2A* afecta la tolerancia a estos estreses, generando una menor capacidad de adaptación o respuesta

LECHUGA, ESTRÉS ABIÓTICO, FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN *LSDREB2A*, APAGADO GÉNICO, CRISPR/CAS9.

12/TEG

ARN DE INTERFERENCIA COMO HERRAMIENTA PARA EL MANEJO SUSTENTABLE DEL PICUDO DEL ALGODONERO EN ALGODÓN ARGENTINO

TURICA, MARIANA D.^A; PEDARROS, ANALÍA^B; MASKIN, LAURA^A; SALVADOR, RICARDO^B; NUSSENBAUM, ANA L.^A; NIZ, JOSÉ^B; BERRETTA, MARCELO^B; GONZALEZ, ARIELA^C; HOPP, ESTEBAN^D; LEWI, DALIA M.^E

a) Instituto de Genética (IGEAF) (INTA)

b) Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA) (INTA)

c) EEA Sáenz Peña (INTA)

d) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) (INTA)

e) Dirección Nacional Asistente de Vinculación Tecnológica (INTA)

turica.mariana@inta.gob.ar

El cultivo de algodón representa una actividad agrícola de gran relevancia económica y social en Argentina. Su producción se ve seriamente afectada por plagas, siendo el picudo del algodonoero (*Anthonomus grandis*) el insecto más perjudicial. Esta plaga se destaca por su alta tasa reproductiva y la escasez de enemigos naturales; sumado a esto, la no existencia de eventos biotecnológicos de tolerancia a coleópteros, como el picudo del algodonoero, puede ocasionar pérdidas de rendimiento de hasta el 80 % en ausencia de un manejo adecuado. Ante la creciente demanda de prácticas agrícolas sustentables, el ARN de interferencia (ARNi) surge como una herramienta innovadora, altamente específica y con bajo impacto ambiental para el control de insectos plaga. El ARNi es un mecanismo natural de silenciamiento génico inducido por ARN de doble cadena, capaz de inhibir la expresión de genes esenciales en organismos blanco. Su eficacia ha sido demostrada en distintos modelos, como el maíz transgénico diseñado contra el escarabajo *Diabrotica virgifera*. En el Instituto de Genética, en conjunto con el Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola del INTA, se desarrollaron por primera vez en Argentina líneas transgénicas de algodón capaces de expresar ARNi dirigido contra un gen esencial de *A. grandis*. En este trabajo, se presentan los avances realizados en dos líneas ARNi de la generación T5,

seleccionadas por su buena performance a campo en la EEA-Sáenz Peña, Chaco. Se llevó a cabo la caracterización de los eventos, incluyendo análisis morfológicos, evaluación de la expresión del ARNi y bioensayos de eficacia en condiciones de invernáculo. Los resultados indican una adecuada transmisión del transgén, ausencia de alteraciones fenotípicas, y expresión correcta del ARNi. En bioensayos, una de las líneas mostró una reducción significativa en el desarrollo larval de *A. grandis* tras la alimentación con botón floral. Actualmente se continúa con la validación a campo y la caracterización molecular y biológica de estas líneas, con el objetivo de consolidar esta estrategia como una herramienta biotecnológica para el manejo sustentable del picudo del algodón en la producción algodonera argentina.

Financiamiento: Convenio de Vinculación Tecnológica INTA-PROVINCIAS, PD-1086 INTA y PD-1085 INTA.

ALGODÓN, TRANSGÉNESIS, ARNI, PICUDO DEL ALGODONERO

13/TEG

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO A CAMPO DE LÍNEAS DE PAPA EDITADAS POR CRISPR/Cas9 ANTE DISPONIBILIDAD DE AGUA CONTRASTANTE

REY BURUSCO, MARÍA F.^{A,B}; MASSA, GABRIELA A.^{A,B}; ECHARTE, LAURA^{A,B}; DÉCIMA ONETO, CECILIA A.^{A,B}; NORERO, NATALIA S.^{A,B}; DIVITO, SILVIA B.^A; MARTINO, MARÍA^{A,B}; RUBERTO, MARIANO^A; FEINGOLD, SERGIO E.^A.

a) Laboratorio de Agrobiotecnología, IPADS (INTA - CONICET), Balcarce, Argentina.

b) Facultad de Ciencias Agrarias-UNMdP, Mar del Plata, Argentina.

rey.mariaflores@inta.gob.ar

El abastecimiento del requerimiento hídrico del cultivo de papa (*Solanum tuberosum*) para alcanzar su máxima producción depende del aporte de agua de manera suplementaria a través de riego, en el Sudeste de Buenos Aires. La creciente variabilidad en las lluvias aumenta la dependencia del riego remarcando el interés de mejorar la producción del cultivo por cada unidad de agua disponible de lluvia/riego. Con este fin se desarrollaron líneas editadas en el gen de la proteína de 80kDa de unión a Cap (CBP80) con función clave en la regulación estomática y por consiguiente en la transpiración del cultivo. Se utilizó la tecnología CRISPR/Cas9 en el cultivar tetraploide Spunta, obteniéndose dos líneas (CBP80-32 y CBP80-39), promisorias en evaluaciones en condiciones controladas de disponibilidad de agua en invernáculo y cámara de crecimiento. En este trabajo se evaluó el comportamiento a campo de las líneas editadas, creciendo con diferentes regímenes hídricos. Los ensayos se condujeron en las localidades de Balcarce y Miramar, con un diseño de 3 bloques al azar, con dos regímenes hídricos: secano y riego. En ambas localidades se evaluó el rendimiento. En Balcarce, cada 7-15 días se determinó en cada unidad experimental (i) la disponibilidad de agua en el suelo y (ii) la cobertura del cultivo y (iii) el estado fenológico. Luego, se estimó la evapotranspiración del cultivo (ET) por medio de un balance de agua y la acumulación de radiación fotosintéticamente activa interceptada (RFAi).

La disponibilidad de agua en el suelo fue mayor en el tratamiento regado que en el secano. El rendimiento y sus determinantes ecofisiológicos en función del agua (ET y eficiencia en el uso del agua, EUA) y en función de la radiación fotosintéticamente activa interceptada (RFAi x eficiencia en el uso de la radiación, EUR) fueron mayores en el riego que en el secano. A su vez, estos determinantes fueron similares entre Spunta control sin editar y CBP80-32 en cada régimen hídrico, aunque se encontró

una clara tendencia hacia mayores valores en CBP80-32 que en Spunta control en condiciones de secado. CBP80-39, en cambio, presentó un peor comportamiento en estos determinantes, sumado a un menor tamaño y una forma más alargada de los tubérculos. En fenología, se observó un marcado retraso de la aparición de flores en CBP80-39 en ambos regímenes hídricos. En la localidad de Miramar se obtuvieron las mismas tendencias que en Balcarce en cuanto a rendimiento y floración. Estos resultados indican que la edición del gen CBP80 podría contribuir al desarrollo de cultivares con mejor desempeño ante deficiencias de agua, destacándose la línea CBP80-32 como candidata para futuras validaciones en campo.

EDICIÓN GÉNICA, DISPONIBILIDAD DE AGUA,
VALIDACIÓN A CAMPO

14/TEG

EVALUACIÓN FENOTÍPICA DE LÍNEAS DOBLE EDITADAS DE PAPA (CV. SPUNTA) PARA RESISTENCIA A GOLPES Y ENDULZAMIENTO INDUCIDO POR FRÍO

MASSA, GABRIELA^A; GONZÁLEZ, MATÍAS N.^A; POULSEN HORNUM, ANABELA^A; ARIZMENDI, AILÍN^A; DÉCIMA ONETO, CECILIA A.^B; SUCAR, SOFÍA^A; DIVITO, SILVINA B.^A; MARTINO, MARÍA V.^A; FEINGOLD, SERGIO E.^A

a) Laboratorio de Agrobiotecnología IPADS Balcarce INTA-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias UNMdP

b) Plant Science Division, School of Life Sciences, University of Dundee

massa.gabriela@inta.gob.ar

El pardeamiento enzimático (PE) y el endulzamiento inducido por frío (CIS) son procesos que afectan la calidad post-co-

secha de los tubérculos de papa. El PE se debe a la actividad de la polifenol oxidasa 2 (PPO2), que se activa tras daños mecánicos durante la cosecha, transporte o almacenamiento al liberarse de las vacuolas al citoplasma. PPO2 oxida compuestos fenólicos a quinonas, que reaccionan con aminoácidos o proteínas formando pigmentos oscuros. El CIS ocurre cuando la invertasa vacuolar (InvVac) hidroliza la sacarosa en glucosa y fructosa, azúcares reductores que durante la fritura reaccionan con aminoácidos, generando pigmentos marrones y acrilamida, compuesto perjudicial para la salud. El almacenamiento en frío previene la brotación y reduce enfermedades e incrementa la actividad de InvVac, afectando la calidad del producto frito. Mediante edición génica con CRISPR/Cas9 mediado por ribonucleoproteínas, obtuvimos dos líneas de papa (cv. Spunta) con inactivación simultánea de InvVac y StPPO2: la línea E03-3, con todos los alelos editados para InvVac y dos para StPPO2, y la línea E04-5B, con dos alelos editados para InvVac y tres para StPPO2. El objetivo de este trabajo es evaluar el CIS y el PE en ambas líneas editadas. Los tubérculos se almacenaron a temperatura ambiente y a 4 °C por 15 y 60 días, y se realizó la evaluación fenotípica de las papas chips, junto con la cuantificación de azúcares reductores y sacarosa. El color del producto frito se caracterizó con una carta de colores y con cálculos de luminosidad (DW). La concentración de azúcares reductores y sacarosa se determinó por HPLC. Tras 15 días a 4 °C, la línea no editada (control) presentó una puntuación promedio (P $\bar{x}$) en la carta de color= 1.4 y un DW $\bar{x}$ = 61.1; E04-5B mostró un P $\bar{x}$ = 4 y DW $\bar{x}$ = 57.6; y E03-3 exhibió un P $\bar{x}$ =7 y DW $\bar{x}$ =44.7, indicando un buen desempeño luego del almacenamiento. Después de 60 días, la calidad de E03-3 disminuyó, pero en menor medida que el control, con una P $\bar{x}$ = 5,3 y un DW $\bar{x}$ = 58,2. La cuantificación de azúcares reductores y sacarosa fue realizada para la línea E03-3 y el control. Luego de 15 días de almacenamiento a 4°C, E03-3 presentó valores más bajos de azúcares reductores y va-

lores más altos de sacarosa respecto al control. Para evaluar el PE y la actividad de PPO en ambas líneas editadas y control, se realizó un análisis cualitativo en tubérculos cortados y expuestos al aire durante 0 y 24 horas. A las 24 horas, el control presentó un pardeamiento más intenso en comparación con las líneas editadas. El análisis cuantitativo mostró que ambas líneas editadas presentaron una reducción del pardeamiento enzimático en comparación con el control, con disminuciones del 80 % en E04-5B y del 40 % en E03-3. De manera similar, la actividad relativa de la PPO se redujo un 75 % en E04-5B y un 70 % en E03-3 respecto al control. Este trabajo destaca la eficacia de la edición genética multi-target mediado por CRISPR/Cas9 en la producción de variedades de papa con características post-cosecha mejoradas.

SOLANUM TUBEROSUM, EDICIÓN GÉNICA,
MULTI-TARGET, ENDULZAMIENTO INDUCIDO
POR FRÍO, PARDEAMIENTO ENZIMÁTICO

BIORREMEDIACIÓN Y BIO- TECNOLOGÍA AMBIENTAL

SOLUCIONES BASADAS EN LA NATURALEZA PARA EL TRATAMIENTO DE EFLUENTES DE LA INDUSTRIA DE LA MIEL

SÁNCHEZ NOVOA, JUAN G.^A; DEBANDI, TOMÁS^A; DE CABO, LAURA I.^A; MARCONI, PATRICIA L.^A

a) CONICET, CEBBAD-Univ. Maimónides

marconi.patricia.laura@maimonides.edu

En el procesamiento de miel para exportación se generan efluentes complejos, con alto contenido de azúcares, bajo pH, elevada turbidez, deficiencia de nutrientes y una elevada demanda química de oxígeno (promedio 27167 mg O₂/L, DQO), superando ampliamente la normativa de vuelco (aprox. 50 veces). Actualmente, no se encuentran en la literatura trabajos que aborden el tratamiento específico de estos de efluentes.

Las tendencias actuales en saneamiento buscan sistemas que cumplan tanto con la rentabilidad económica como con el cuidado del ambiente. En este contexto, los sistemas biológicos surgen como respuesta a esta demanda, ya que utilizan microorganismos con múltiples características, como rápido crecimiento, adaptabilidad, robustez y diversidad metabólica. En este trabajo, se ha estudiado el potencial de biorremediación para este tipo de efluentes industriales, utilizando una cepa de levadura no *Saccharomyces*, aislada de los residuos líquidos generados en una empresa argentina procesadora y exportadora de miel de abejas (Canning-Pcia de Buenos Aires).

El aislamiento de las levaduras se realizó a partir de diluciones seriadas (10⁻¹ to 10⁻⁴), combinando cultivos en medio líquido y sólido conteniendo medio de cultivo YEB, suplementado con ampicilina (10 mg/L) y estreptomycin (10 mg/L) a pH 5,5.

A partir de los aislados amplificados en las mismas condiciones de cultivo, se seleccionó la cepa *Candida ethanolica* H3 para estudiar su capacidad biorremediadora de este efluente industrial. Se aplicaron cuatro tratamientos: control con medio sintético YEB inoculado con la cepa H3 (YEB); control efluente industrial (RHW); RHW autoclavado (Arcano 80 L® Chamberland) a 0,1 MPa durante 20 min (RHW A); RHW inoculado con 2 % v/v de la cepa H3 (RHW+H3).

Los ensayos se realizaron en un biorreactor de tanque agitado (Minifors, Infors, Suiza) con un volumen de trabajo de 1,5 L a 24 ± 2° C. El biorreactor cuenta con agitación mecánica mediante una hélice marina a 100 rpm. Después de 5 días, se estimó la biomasa de las levaduras por espectrofotometría a 600 nm, y se calcularon los parámetros cinéticos de la biomasa. Al finalizar los tratamientos, los cultivos fueron filtrados utilizando una columna con (238 cm³) de tierra de diatomeas. Se evaluaron los parámetros fisicoquímicos en el líquido clarificado.

Los resultados más relevantes muestran que, en el tratamiento RHW A, los parámetros medidos no variaron a lo largo del ensayo, debido, presumiblemente, a la ausencia de microflora. Después del tercer día, en el control RHW se observó un consumo de sustrato (40 %), lo que sugiere la presencia de flora nativa (bacterias y levaduras), aunque a un ritmo más lento en comparación con el tratamiento RHW+H3. Este último obtuvo la mayor tasa de consumo de sustrato (50 %) luego de 48 h en cultivo, sugiriendo el efecto aditivo de la flora nativa y de la cepa H3 inoculada. En consecuencia, el aumento en la concentración de la cepa H3 introducida a la flora existente en el RHW resultó en una mayor capacidad de biorremediación. Estos hallazgos proporcionan evidencia para futuros diseños de procesos de biorremediación de efluentes complejos.

BIORREMEDIACIÓN, EFLUENTES, LEVADURAS, CANDIDA ETHANOLICA

CATALIZADORES BIOBASADOS: USO DE CÁSCARA DE MANÍ COMO SOPORTE DE LACASA FÚNGICA

SERBENT, MARIA P.^{A,B,C}; RODRIGUEZ, MARÍA D.^{D,E}; SAUX, CLARA^A; MAGARIO, IVANA M.^F

Universidad Tecnológica Nacional, Facultad Regional Córdoba, Centro de Investigación y Tecnología Química (CITeQ-UTN-CONICET), Córdoba, Argentina.

Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Centro de Transferencia de Bioinsumos (CETBIO), Córdoba, Argentina.

Universidade do Estado de Santa Catarina, Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais (PPGCAMB), Lages, Brasil.

Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología de Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS). Laboratorio de Biotecnología Molecular.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Universidad Nacional de Córdoba, Instituto de Investigación y Desarrollo en Ingeniería de Procesos y Química Aplicada (IPQA-UNC-CONICET), Córdoba, Argentina

mariapilar.serbent@agro.unc.edu.ar

Las enzimas soportadas son más estables que las enzimas libres, pueden reutilizarse y separarse fácilmente de los productos de reacción, lo que las hace aún más interesantes. Como los soportes sintéticos son costosos, la exploración de alternativas para el uso de biomasa residual en el contexto de la economía circular adquiere relevancia. El objetivo de este trabajo fue investigar el uso de cáscara de maní (CM) y su biocarbón (BCM) como soportes para la inmovilización de la lacasa fúngica proveniente del cultivo de *Phlebia brevispora* BAFC 633 (Lac). En ensayos preliminares

no se encontraron diferencias significativas entre la actividad enzimática de Lac inmovilizada sobre CM o BCM utilizando 2,6-dimetoxifenol (DMP) como sustrato, por lo que sólo se utilizó CM para estudios posteriores. Se realizó un diseño de cribado para evaluar el efecto del tiempo de contacto, concentración de Lac, la relación entre la masa de soporte y diferentes volúmenes de extracto enzimático, y la agitación en la actividad enzimática del sólido obtenido (variable respuesta). El análisis de la varianza mostró que los factores con una influencia estadísticamente significativa en la actividad de la enzima soportada (U g⁻¹) fueron la agitación y la concentración de Lac. La agitación y la concentración de Lac se variaron para optimizar y validar la inmovilización de la enzima. Cabe destacar que la optimización mejoró más de 2,3 veces la actividad de Lac soportada. La eficacia de inmovilización fue alta, pero se observó una disminución de la actividad al aumentar la carga de enzima. Se evidenció que los valores de actividad de Lac equivalen o son superiores a los valores descritos en la bibliografía para lacasa inmovilizada en soportes sintéticos o biocarbón. A pesar de observarse una eficacia de inmovilización >96% notamos una disminución de la actividad con el aumento de la carga de enzima. La evaluación de los resultados mediante equilibrios de adsorción y la estimación de la ocupación fraccional de Lac indican una ocupación superficial baja por lo que se descarta que la inmovilización en multicapa sea la causa de la pérdida de actividad. Además, en base a los cálculos de acuerdo con el criterio de Weiz-Prater, que representa la relación entre las velocidades de reacción intrínseca y de difusión, se descartó la resistencia a la difusión durante la reacción como posible causa de la disminución de la actividad. Fueron propuestas alternativas para explicar los resultados. Las enzimas pueden perder parte de su actividad inicial tras la inmovilización debido a cambios en el microentorno y a interacciones no bioespecíficas, especialmente cuando la unión se produce en el sitio activo de la enzima o cerca de él,

ya que la actividad máxima está asociada a la flexibilidad de la proteína. Otra razón podría ser la desnaturalización de la enzima debido a cambios en su estructura terciaria. No obstante, teniendo en cuenta su bajo costo, fácil preparación y aceptable actividad, los biocatalizadores CM/lacasa son alternativas prometedoras para la remediación de aguas.

INMOVILIZACIÓN, BIOCATALIZADORES, OPTIMIZACIÓN DE PROCESOS, CÁSCARA DE MANÍ, LACASA.

4/BBA

EVALUACIÓN Y SELECCIÓN DE HONGOS LIGNINOLÍTICOS PARA LA PRODUCCIÓN DE LACASA DE ALTO RENDIMIENTO

VALDES RIOS, EVELIN^{A,B}; BENITEZ, SILVANA F.^{B,C}; ARES, ALICIA E.^A; FONSECA, MARIA I.^{B,C}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Materiales de Misiones (IMAM), Programa de Materiales y Fisicoquímica (ProMyF)

b) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones Dra. Maria Ebe Reca (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

c) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

evelinvaldes90@gmail.com

Las lacasas (EC 1.10.3.2) son oxidoreductasas con capacidad para oxidar compuestos fenólicos y no fenólicos. Estas enzimas tienen creciente interés biotecnológico por su potencial aplicación en procesos sostenibles como la biorreme-

diación y la modificación de compuestos lignocelulósicos. La búsqueda de cepas fúngicas con alta capacidad productiva y la evaluación de compuestos aromáticos y metálicos que favorezcan su actividad resultan fundamentales para su aplicación en sistemas biotecnológicos. El presente trabajo tuvo por objetivo seleccionar cepas fúngicas con alta producción de lacasa y evaluar el efecto de inductores aromáticos y metálicos sobre la actividad enzimática. Se evaluaron las cepas *Pleurotus pulmonarius* LBM 105, *Trametes sanguinea* LBM 023, *Trametes villosa* LBM 018, *Phlebia brevispora* BAFC 633 y *Trametes sanguinea* BAFC 2126, aisladas en la provincia de Misiones. El mantenimiento de las cepas se realizó mediante siembras periódicas en medio agar-malta (MEA, extracto de malta 12,7 g/L, agar 20 g/L). Se incubaron a $28 \pm 1^\circ\text{C}$ durante 7 días y conservaron a 4°C . Para la producción enzimática, se utilizó 50 mL de medio de cultivo líquido, conteniendo 30 g/L de cereal de salvado en buffer acetato de sodio 60 mM pH 6 suplementado con CuSO_4 0,5 mM. Se inoculó un taco de 7 mm de diámetro de la cepa activada, se incubó a $28 \pm 1^\circ\text{C}$ sin y con agitación (0 - 100 rpm), se tomaron muestras cada 72 h. Los ensayos se realizaron por triplicado y se determinó la actividad enzimática usando 2,6-dimetoxifenol (DMP) como sustrato. El cambio de la absorbancia se monitoreó a 469 nm ($E_{469} = 27,5 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$) en espectrofotómetro Shimadzu UV-3600. Además, se evaluó el efecto de diferentes compuestos aromáticos (ácido ferúlico) y metálicos (AgNO_3 , MnSO_4 , FeSO_4 , CuSO_4 y CaCl_2) sobre la actividad lacasa de la cepa seleccionada. Las concentraciones utilizadas fueron: ácido ferúlico y MnSO_4 0,3 mM, AgNO_3 0,02 mM, CuSO_4 0,5 mM, CaCl_2 0,1 mM y FeSO_4 1 mM. Se incubaron por 15 días a $28 \pm 1^\circ\text{C}$ en agitación (100 rpm), se tomaron muestras cada 72 h y se determinó la actividad enzimática como se describió previamente. El patrón de electromorfos se analizó por ND-PAGE 9% y SDS-PAGE 12% para determinar el peso molecular, revelados con DMP. El

peso molecular de la enzima se comparó con un marcador de peso molecular (Kaleidoscope, BioRad). La cepa con mayor actividad enzimática fue *T. sanguinea* BAFC 2126 en agitación con 4535 U/L, y fue seleccionada para la evaluación de los diferentes inductores, mientras que en medio estático la que mayor actividad presentó fue la *P. pulmonarius* LBM 105 con 1824 U/L. Los compuestos que arrojaron mayor actividad enzimática fueron el ácido ferúlico, CuSO_4 , FeSO_4 , y CaCl_2 con valores superiores de las 6000 U/L. *T. sanguinea* BAFC 2126 mostró una elevada capacidad para producir lacasa bajo condiciones inducidas. El hongo presentó una enzima de 40 kDa en todas las condiciones. Estos hallazgos destacan el potencial de esta cepa como fuente de lacasas eficientes, abriendo nuevas posibilidades para su aplicación como biocatalizador en industrias orientadas a la degradación de contaminantes fenólicos.

HONGOS LIGNINOLÍTICOS, LACASA, INDUCTORES AROMÁTICOS Y METÁLICOS

5/BBA

ESTUDIO CINÉTICO DE ADSORCIÓN DE UN COLORANTE TEXTIL CON BIOPERLAS DE ALGINATO DE CALCIO Y CICLODEXTRINAS PRODUCIDAS POR BIOCONVERSIÓN ENZIMÁTICA

PARRA, MICAELA^A; GONZALEZ, LAILA C. ^A; PARISI, MÓNICA G. ^A; ROSSO, ADRIANA M. ^A; RODRÍGUEZ GASTÓN^A

a) Universidad Nacional de Luján

micaelaparra85@gmail.com

La industria textil se caracteriza por un elevado consumo de agua y un significativo

impacto ambiental, principalmente debido a la alta concentración de colorantes presentes en sus aguas residuales. La eliminación de estos compuestos representa un desafío considerable, ya que en muchos casos requiere tratamientos biológicos y químicos secuenciales que, además de complejos, resultan poco viables desde el punto de vista económico. Por esta razón, se hace necesario desarrollar alternativas más eficientes y sostenibles.

Entre las soluciones emergentes, el proceso de adsorción se destaca por ser rápido, rentable y respetuoso con el medio ambiente. En particular, la utilización de polímeros naturales y biodegradables como adsorbentes ha mostrado resultados prometedores en la remoción de colorantes de efluentes industriales. En este contexto, se propone el uso de bioperlas de alginato de calcio combinadas con una mezcla de α -, β - y γ -ciclodextrinas (CDs), las cuales fueron obtenidas en nuestro laboratorio a partir de almidón de mandioca, mediante la acción de la enzima ciclodextrina glucosiltransferasa (CGTasa). Las CDs, compuestas por 6, 7 y 8 unidades de glucosa, poseen una cavidad hidrofóbica que les permite formar complejos de inclusión con diversas moléculas, facilitando así la captura y eliminación de contaminantes presentes en el agua residual.

Para este trabajo, las CDs se obtuvieron luego de incubar una suspensión de almidón de trigo al 5 % en buffer fosfato de sodio 25 mM, pH 6,4 con 15 U de CGTasa por gramo de almidón durante 4 horas a 100 rpm y 56°C. La mezcla se centrifugó 15 minutos a 25.000 x g y el sobrenadante fue ultrafiltrado utilizando membranas YM10. La relación de $\alpha\beta\gamma$ -CDs en la mezcla obtenida es 1:1,4:0,2.

Las bioperlas de alginato de calcio se prepararon mediante el método de gelificación, a partir de una solución de la mezcla de CDs con alginato de sodio 1% (p/v) y cloruro de calcio 1% (p/v).

Para evaluar la velocidad de adsorción del proceso, se utilizó el Azul Alfaluz BRR ALT, un colorante directo soluble en agua empleado en la tinción de fibras celulósicas

como gabardina y algodón, provisto por una empresa textil local.

El objetivo principal fue determinar la cinética de adsorción del colorante Azul Alfaluz BRR ALT mediante las bioperlas descriptas. Los ensayos se realizaron variando la masa de las bioperlas (1, 2 y 4 g) en presencia de 10 mL de colorante (0,15 mg/mL); midiendo la absorbancia del colorante remanente en solución a diferentes tiempos de contacto durante 75 minutos.

Los datos experimentales se ajustaron a los modelos cinéticos de pseudo primer orden y pseudo segundo orden siendo este último el que presentó mejor ajuste ($R^2 = 0,9999$), con valores de q_e teóricas cercanos a los de q_e experimentales. El equilibrio para la eliminación del colorante se alcanza en 10 min.

Este estudio demuestra el potencial de las bioperlas de alginato de calcio y CDs como una alternativa ecológica y eficaz para la remoción de colorantes textiles; y ofrece una opción sostenible para minimizar los efectos ambientales de la actividad textil.

BIOPERLAS, COLORANTE, CICLODEXTRINAS, ADSORCIÓN, CINÉTICA.

6/BBA

ESTRATEGIA DE TRATAMIENTO SOSTENIBLE PARA EL SANEAMIENTO DE AGUA RESIDUAL URBANA CON GENERACIÓN DE ELECTRICIDAD

PIZARRO, ANA^A; ZERBATO, MARIEL^A; BECCARIA, ALEJANDRO^B; MÁRQUEZ, VANINA^B; MODINI, LAURA^A

a) Laboratorio de Tratamiento de Efluentes. Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas. Universidad Nacional del Litoral

b) Laboratorio de Fermentaciones. Facultad de

Bioquímica y Ciencias Biológicas. Universidad Nacional del Litoral

alejandro.beccaria@gmail.com

Los humedales artificiales son una alternativa sostenible para el saneamiento de aguas residuales en zonas rurales y pequeñas urbanizaciones. Sin embargo, la remoción de fósforo y nitrógeno es reducida. Una alternativa para superar esa limitación es combinar un humedal bioelectrogénico (HC-CCM) con el cultivo secuencial de microalgas. El HC-CCM consiste de una celda de combustible microbiana (CCM) acoplada a un humedal construido (HC). Esta tecnología novedosa puede generar electricidad a partir de la degradación de materia orgánica por bacterias electroactivas. Las microalgas, por otro lado, son reconocidas en los procesos de depuración de aguas residuales por su rol en la reducción de reducción de la concentración de diferentes compuestos químicos a los que utilizan como nutrientes. El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficiencia de remoción de fósforo, nitrógeno y otros contaminantes presentes en el agua residual urbana (ARU) y la generación de bioelectricidad por el sistema propuesto. Para ello se construyó un humedal de flujo subsuperficial vertical ascendente, a escala micropiloto, utilizando lodo de aluminio de una planta potabilizadora de agua como sustrato y ejemplares de *Schoenoplectus* sp., al que se integraron dos electrodos de coque conectados a una resistencia externa de 1000 Ω . El HC-CCM generó un voltaje promedio de 822 ± 128 mV, con una recuperación de energía normalizada de 40,3 Wh por kg de DQO removida. El rendimiento de biomasa microalgal fue de 0,60 g/l, que resultó superior al control ($p=0,041$). El tratamiento híbrido propuesto logró reducir los niveles de FRT, amonio, nitrato, DQO y SST por debajo de los límites establecidos en la regulación provincial (Ley N° 11220, Santa Fe) y simultáneamente generar electricidad. Como complemento, se obtuvo biomasa de *Scenedesmus* sp. cuya composición bioquímica tendría potencial para ser aprovechada con un enfoque de biorrefinería.

BIODEGRADACIÓN DE DICLOFENAC MEDIANTE STREPTOMYCES SPP.: HACIA UNA SOLUCIÓN BIOTECNOLÓGICA PARA CONTAMINANTES FARMACÉUTICOS

GONZALEZ HOLC, VICTORIA G.^A; SMALL, MARÍA A.^A; ARNAU, GONZALO V.^A; APARICIO, JUAN D.^{A,B}; POLTI, MARTA A.^{A,C}

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. Av. Belgrano y Pasaje Caseros. 4000. Tucumán, Argentina.

Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán. Ayacucho 471. 4000. Tucumán, Argentina.

Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán. Miguel Lillo 205. 4000. Tucumán, Argentina.

marta.polti@conicet.gov.ar

El diclofenac (DIC) es un antiinflamatorio no esteroideo (AINE) de uso ampliamente extendido en medicina humana. Su presencia en cuerpos de agua y suelos ha sido ampliamente reportada, debido a su baja biodegradabilidad y alta persistencia, lo que lo convierte en un contaminante emergente de creciente preocupación. La exposición prolongada a este compuesto puede generar efectos tóxicos en organismos acuáticos y alterar el equilibrio de los ecosistemas. Frente a esta problemática, la biorremediación se presenta como una alternativa sustentable y eficiente para su tratamiento. En particular, las actinobacterias han demostrado un notable potencial en la biodegradación de compuestos recalcitrantes gracias a su versatilidad

metabólica y la producción de enzimas especializadas. En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar la capacidad de dos cepas de actinobacterias para degradar DIC: *Streptomyces* spp. E5N50 y Z2. Para ello, las mismas fueron cultivadas en 30 mL de medio mínimo (g/L: K_2HPO_4 , 0,5; $MgSO_4 \cdot 7H_2O$, 0,2; $FeSO_4 \cdot 7H_2O$, 0,01; pH 7), al que se añadieron distintas combinaciones de fuentes de carbono (C) y nitrógeno (N). Se establecieron cinco condiciones experimentales: (1) DIC (0,05 g/L) como única fuente de C, con $(NH_4)_2SO_4$ (4 g/L) como fuente de N; (2) DIC como única fuente de N, con glucosa (1 g/L) como fuente de C; (3) DIC como única fuente de C y N; (4) co-metabolismo de C, con DIC y glucosa y $(NH_4)_2SO_4$ como fuente de N; y (5) control con glucosa y $(NH_4)_2SO_4$ como fuentes convencionales de C y N, respectivamente. Luego de una incubación de 5 días a 30°C y 180 rpm, se evaluó el crecimiento microbiano mediante peso seco, el consumo de glucosa y amonio utilizando kits comerciales, y la concentración de DIC mediante HPLC. El análisis de biomasa reveló crecimiento únicamente en el control. En cuanto al consumo de amonio, se observó una reducción del 20% tanto en el control como en el cultivo de la cepa Z2 en presencia de $(NH_4)_2SO_4$, glucosa y DIC. La cepa E5N50 mostró una remoción de DIC inferior al 10% en todas las condiciones ensayadas. Por el contrario, la cepa Z2 demostró una notable capacidad para remover DIC en presencia de glucosa, alcanzando un 88% de remoción cuando el medio contenía además $(NH_4)_2SO_4$ y un 64% cuando este compuesto estaba ausente. Estos resultados evidencian una capacidad diferencial de degradación de DIC entre las cepas de *Streptomyces* estudiadas, destacando Z2 como la candidata con mayor potencial para estrategias de biorremediación de compuestos orgánicos persistentes como el DIC.

BIODEGRADACIÓN, ACTINOBACTERIAS, MEDICAMENTOS, CONTAMINANTES EMERGENTES.

APLICACIÓN DE PELLETS FÚNGICOS PARA LA MITIGACIÓN DE AZUL VICTORIA B EN EFLUENTES COLOREADOS

CÁCERES, MAGALÍ B.^{A,B}; SADAÑOSKI, MARCELA A.^{A,B}; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

mebcaceres@gmail.com

La contaminación de cursos de agua con colorantes industriales altera el equilibrio ecológico y puede causar enfermedades en humanos. Las desventajas que presentan algunos tratamientos existentes para esta problemática conllevan a la búsqueda de nuevas estrategias biotecnológicas eficientes y ecológicas. En este contexto los pellets fúngicos, esferas formadas por el crecimiento de micelio en condiciones de agitación, emergen como una alternativa prometedora de tratamiento, caracterizados por su facilidad de producción y capacidad de adsorción y resistencia a los colorantes. El objetivo de este estudio fue determinar la capacidad de decoloración del colorante Azul Victoria B (AV) por las cepas *Aspergillus* sp. H17 y *Penicillium* sp. H20, y ensayar de manera preliminar la toxicidad asociada a cada tratamiento. Estas se aislaron previamente de sitios contaminados. El cultivo en forma de pellets de ambas cepas se realizó a partir del inóculo de 10^5 esporas/ml en 100 ml de caldo MEP (extracto de malta 30 g/l, peptona de soya 3 g/l), a 28 ± 1 °C y 120 rpm durante 72 h. Se recolectaron 2

g de pellets (peso húmedo) de diámetros mayores a 2 mm, que se añadieron a Erlenmeyers con 30 ml de colorante AV en acetato de sodio pH 5, a una concentración de 20 ppm. La incubación se realizó a 28 ± 1 °C y 120 rpm durante 24 h, con los siguientes controles: una solución de AV sin pellets y una solución amortiguadora con pellets. El porcentaje de decoloración se determinó por espectrofotometría UV-Vis en función del cambio de absorbancia, mediante la ecuación: $\%D = \frac{A_0 - A_t}{A_0} * 100$, donde A_0 es el promedio de la absorbancia de la solución AV sin pellets y A_t es la absorbancia de la reacción con pellets. Para evaluar la posible formación de subproductos tóxicos tras la decoloración se realizaron ensayos con semillas de *Lactuca sativa* (lechuga), empleadas como biomarcador de toxicidad. Se colocaron 20 semillas sobre papel de filtro estéril impregnado con 2 ml de cada sobrenadante tratado (previamente ajustado a pH 7) en placas de Petri de 90 mm, las cuales se incubaron en una cámara de germinación a 25 ± 1 °C durante 5 días. Posteriormente, se determinó el porcentaje de germinación, mediante la ecuación: $\%GI = \frac{n^{\circ} \text{ semillas germinadas}}{n^{\circ} \text{ total semillas inoculadas}} * 100$. Todas las experiencias se realizaron por triplicado y el análisis estadístico se efectuó utilizando el software Statgraphics Centurion XVI. Las cepas H17 y H20 presentaron porcentajes de decoloración de 92,4 % y 92,5 %, respectivamente. No se observaron diferencias significativas ($p \geq 0,05$) en el porcentaje de germinación (%GI) de *L. sativa* entre los sobrenadantes tratados con pellets fúngicos y los controles, con medias de 90 % (agua destilada), 88,1 % (H17), 85 % (H20) y 81,6 % (AV). En conclusión, estos resultados indican que los tratamientos aplicados no generan toxicidad detectable. La ausencia de efectos negativos confirma la seguridad de los productos generados tras la decoloración, aspecto fundamental para considerar esta estrategia como una alternativa ecológica viable en la mitigación de efluentes contaminados. Sin embargo, se deberá continuar evaluando la toxicidad mediante la utilización de otros

biomarcadores con mayor sensibilidad.

HONGOS, PELLETS, DECOLORACIÓN, COLORANTES, TOXICIDAD

9/BBA

METABOLISMO DEL PARACETAMOL A RITMO DEL RELOJ BIOLÓGICO EN CULTIVOS DE RAÍCES TRANSFORMADAS

SOSA ALDERETE, LUCAS G.^A; VEZZA, MARIANA^A; IBÁÑEZ, SABRINA^A; AGOSTINI, ELIZABETH^A; TALANO, MELINA A.^A

Universidad Nacional de Río Cuarto, Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS- CONICET), Córdoba.

mtalano@exa.unrc.edu.ar

El estudio de los contaminantes emergentes (CEs), entre los que se incluyen compuestos farmacéuticos como antibióticos, anticonceptivos, analgésicos y ansiolíticos, se ha convertido en una de las principales preocupaciones a nivel mundial, debido a su persistencia en el ambiente, potencial toxicidad y efectos aún poco comprendidos en los sistemas biológicos. En consecuencia, resulta indispensable desarrollar metodologías eficientes para su remoción. La fitorremediación ha ganado relevancia en los últimos años como una herramienta prometedora para el tratamiento terciario de aguas residuales, especialmente cuando se combina con avances en ingeniería genética y de procesos. En particular, los cultivos de raíces transformadas (RT) constituyen un sistema modelo adecuado para estudios de fitorremediación, debido a su crecimiento rápido y autónomo in vitro, estabilidad genética y bioquímica, aplicación a sistemas acuosos, y elevada producción de metabolitos secundarios y enzimas degradativas, muchas de las cua-

les son secretadas al medio de cultivo. En el presente trabajo se evaluó la capacidad de las RT de tabaco (*Nicotiana tabacum*) para remover paracetamol, así como la participación de enzimas clave en el proceso de detoxificación -con base en el modelo del "hígado verde"- y la respuesta antioxidante. Se realizaron análisis de expresión génica y se discutió la implicancia del reloj circadiano (RC) en los distintos parámetros, tanto en condiciones control como en presencia del contaminante. Los resultados indican que las RT lograron eliminar por completo la concentración inicial de paracetamol (100 mg L⁻¹) al cabo de 28 horas (Tiempo Zeitgeber 28, ZT28), con una remoción casi total desde ZT16. El análisis bioquímico mostró una activación temprana de los mecanismos de defensa antioxidante, evidenciado por un aumento de la actividad de peroxidasas (POD) y una mayor capacidad antioxidante total (CAT) durante la fase inicial de luz. Las POD participarían en la Fase I de detoxificación, mediando reacciones de oxidación. En la Fase II estarían implicadas las enzimas glutatión S-transferasas (GST), como lo sugiere el incremento en su actividad y la disminución en los niveles de glutatión (GSH), atribuible a su consumo durante la conjugación con paracetamol. Los análisis de expresión génica confirmaron una regulación positiva de los genes GST, manteniendo ritmos circadianos en GSTF6-like y GSTF8-like, e induciendo un patrón rítmico en GST-Z1-like. Además, la modulación de genes centrales del RC, como LHY1 y TOC1, sugiere que la respuesta de las RT al paracetamol está estrechamente regulada por éste. En conjunto, estos resultados permiten delinear un esquema de los complejos mecanismos moleculares y bioquímicos subyacentes al metabolismo de paracetamol en RT de tabaco, y destacan el papel significativo de la regulación circadiana en la coordinación de estas respuestas.

CONTAMINANTES EMERGENTES, FITORREMEDIACIÓN, RAÍCES TRANSFORMADAS, REGULACIÓN CIRCADIANA

EVALUACIÓN DE LA TOLERANCIA DE PHLEBIA BREVISPORA BAFC 633 A ATRAZINA Y ANÁLISIS DE ACTIVIDAD LACASA

AYALA SCHIMPF, ALAN R.^{A,B} ; ORTELLADO, LAURA E.^{A,B} ; GAMARRA, MARCELO D.^C; FUENTES, MARÍA S.^D; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

c) Instituto de Genética Humana. Parque de la Salud de la provincia de Misiones.

d) Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. Av. Belgrano y Pasaje Caseros. 4000. Tucumán, Argentina.

schimpfalan92@gmail.com

La atrazina (ATZ) es uno de los herbicidas más ampliamente utilizados en la producción agrícola de Argentina. Su persistencia ambiental y su elevada movilidad hacia cuerpos de agua han generado preocupación debido a su impacto sobre los ecosistemas y la salud humana. En la provincia de Misiones, donde predominan cultivos intensivos como yerba mate, té y tabaco, se han reportado residuos de ATZ en aguas superficiales y alimentos, comprometiendo la seguridad alimentaria y el equilibrio ambiental. El hongo *Phlebia brevispora* BAFC 633 posee capacidad documentada para tolerar y degradar diversos contaminantes. Particularmente, su secreción de lacasas, lo posiciona como una herramienta biotecnológica promisorio. Por ello, resulta clave implementar estrategias basadas en estos sistemas enzimáticos para la detección

y remediación de herbicidas persistentes como ATZ. El objetivo de este trabajo fue evaluar la tolerancia fúngica y la capacidad de secreción de lacasa de *P. brevispora* BAFC 633 frente a la exposición a atrazina, como parte de una estrategia preliminar para evaluar su potencial aplicación en monitoreo y remediación ambiental. La cepa fue cultivada en medio extracto de malta y agar (12,7 g/L y 20 g/L respectivamente) durante 4 días, expuesta a concentraciones crecientes de atrazina (1–4000 mg L⁻¹), incluyendo controles con y sin solvente. Las concentraciones fueron seleccionadas en función de valores ambientales reportados en cuerpos de agua (1–10 mg L⁻¹), niveles tóxicos típicos de estudios toxicológicos (100–1000 mg L⁻¹) y rangos extendidos (2000–3000 mg L⁻¹) para evaluar la tolerancia fúngica en condiciones extremas. Se registró diariamente el crecimiento radial micelial, y se evaluó la actividad lacasa in situ mediante oxidación de 2,6 dimetoxifenol (DMP). Los parámetros cinéticos de crecimiento (k y T) fueron calculados mediante micología predictiva, y se estimó el valor de IC₅₀ ajustando los datos a un modelo log-logístico. La presencia de enzimas lacasa se analizó mediante separación en SDS-PAGE seguido de renaturalización y revelado con 5 mM de DMP. Se observó una inhibición progresiva del crecimiento micelial con el aumento de la concentración de ATZ. Mientras que el crecimiento fue sostenido hasta 100 mg L⁻¹, a partir de 500 mg L⁻¹ se registraron reducciones significativas, y a 4000 mg L⁻¹ no se detectó desarrollo. El valor de IC₅₀ estimado fue de 354,2 mg L⁻¹. Los parámetros cinéticos reflejaron una disminución de la tasa de crecimiento (k) y un aumento del tiempo de inicio (T), con un incremento del ΔT desde 0,08 días (1 mg L⁻¹) hasta 5,42 días (3000 mg L⁻¹). La actividad lacasa fue detectada en todos los tratamientos con crecimiento micelial. En todos los ensayos, así como en los controles sin ATZ, se evidenció una enzima de 53 kDa, indicando su expresión constitutiva y persistencia aún bajo condiciones de estrés, con mayor intensidad en presencia

de ATZ. Estos resultados indican que *P. brevispora* BAFC 633 posee una tolerancia intermedia a la atrazina, pero mantiene su capacidad catalítica aún bajo condiciones adversas, lo cual respalda su potencial como herramienta biotecnológica para la detección y biorremediación de herbicidas en ambientes contaminados.

PHLEBIA BREVISPORA, ATRAZINA, LACASA, BIORREMEDIACIÓN

11/BBA

MICORREMEDIACIÓN DE EFLUENTES CITRÍCOLAS MEDIANTE ASPERGILLUS NIGER LBM 134 INMOVILIZADO EN RESIDUOS AGROINDUSTRIALES

ORTELLADO, LAURA E. ^{A,B}; AYALA SCHIMPF, ALAN R. ^{A,B}; DÍAZ, GABRIELA V. ^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D. ^{A,B}; FONSECA, MARÍA I. ^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

ortelladolauraes@gmail.com

La industria citrícola produce grandes volúmenes de efluentes líquidos con alta carga orgánica, intensa coloración y presencia de compuestos recalcitrantes, lo que plantea un serio problema ambiental si no se realiza un tratamiento adecuado previo a su disposición. Estos efluentes contienen azúcares, aceites esenciales, pectinas y compuestos fenólicos, que elevan significativamente parámetros críticos como la Demanda

Química de Oxígeno (DQO), la Demanda Biológica de Oxígeno (DBO) y la toxicidad. En este trabajo se evaluó el potencial de micorremediación de *Aspergillus niger* LBM 134 inmovilizado sobre residuos agroindustriales, como estrategia biotecnológica para el tratamiento de efluentes cítricos crudos. El biofiltro se formuló con una mezcla de cáscaras de pomelo y bagazo de caña (40 mesh) en proporción 1:2, seleccionada por su estructura porosa, compatibilidad con el crecimiento fúngico y capacidad para liberar metabolitos bioactivos. El hongo fue previamente cultivado en medio PDA, inoculado sobre el sustrato esterilizado e incubado a 28 °C hasta alcanzar la colonización completa. Los biofiltros fueron expuestos al efluente cítrico crudo con una DQO inicial de 22.300 mg/L durante 10 días bajo condiciones controladas (28 °C, 100 rpm). Se realizaron muestreos al inicio y al final del proceso para evaluar la remoción de carga orgánica. Asimismo, se llevaron a cabo bioensayos de toxicidad utilizando *Lactuca sativa* como organismo modelo, calculando el Índice de Crecimiento Relativo (RGI) de las plántulas. Finalizado el tratamiento, se extrajeron y cuantificaron los compuestos fenólicos totales (CFT) del biofiltro mediante el método de Folin-Ciocalteu 1 N, expresando los resultados como mg de equivalentes de ácido gálico por mL (mg GAE/mL). Los resultados mostraron una reducción del 46,05 % en la DQO (hasta 12.030 mg/L), confirmando la eficiencia del sistema en la remoción de compuestos orgánicos complejos. El biofiltro mostró un contenido de 45 mg GAE/mL de CFT, evidenciando su capacidad para recuperar metabolitos de interés biotecnológico. En cuanto a la toxicidad, el RGI del efluente crudo fue de 0,60 (fitotoxicidad moderada), mientras que el efluente tratado alcanzó un RGI de 1,20, superando el umbral de fitotoxicidad (RGI = 0,8) y mejorando notablemente la calidad ecotoxicológica. En conjunto, el sistema de biofiltro desarrollado representa una alternativa sustentable, permitiendo la remediación parcial de efluentes cítricos y la recuperación de compuestos de interés

biotecnológico.

MICORREMEDIACIÓN, DQO, ASPERGILLUS NIGER, RESIDUOS AGROINDUSTRIALES, COMPUESTOS FENÓLICOS

12/BBA

DE LA ANTÁRTIDA AL BIOPROCESO: BACTERIAS ADAPTADAS AL FRÍO COMO POTENCIAL SOLUCIÓN PARA EL TRATAMIENTO DE AGUAS INDUSTRIALES

LEÓN, BELTINA^A; HOMSE, MELISA S.^A; PRIETO, CLAUDIA^A; ACOSTA, MARINA^A; BOSCH, ALEJANDRA^A; VERO, SILVANA^B; CAVALITTO, SEBASTIÁN F.^A; CAVELLO, IVANA A.^A

Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI), CONICET-UNLP, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Bs. As., Argentina.

Cátedra de Microbiología, Departamento de Bio-ciencias, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

melisa.homse@gmail.com

La producción industrial y el procesamiento de una amplia variedad de bienes generan compuestos resistentes tanto a la atenuación natural como a los tratamientos convencionales de efluentes, ya sean físicos o químicos. Estos compuestos recalcitrantes (como colorantes, detergentes, etc.), vertidos de forma continua al sistema cloacal y a los cuerpos de agua circundantes, provocan un impacto ambiental negativo.

La Antártida es una de las regiones más adversas del planeta, debido a su clima frío, escasez de humedad, alta radiación UV, vientos intensos e inaccesibilidad. A pesar de ello, los procariotas han logrado constituirse como el componente dominante de biomasa en estos ecosistemas y

desempeñan un papel clave en los ciclos biogeoquímicos y en la mineralización de contaminantes. Se han aislado hongos, bacterias, arqueas y levaduras en todos los hábitats antárticos. Nuestro estudio se centró en caracterizar bacterias antárticas procedentes de muestras recuperadas de la isla Rey Jorge (Antártida marítima, ASPA 125), con el objetivo de evaluar su potencial uso biotecnológico en el tratamiento de efluentes contaminados con desechos recalcitrantes.

Se realizó la búsqueda de microorganismos queratinolíticos en distintos tipos de muestras mediante enriquecimientos en medio mineral mínimo suplementado con plumas como única fuente de carbono, nitrógeno y energía (MMM+P). Los cultivos que mostraron degradación parcial/total de plumas se plaquearon mediante diluciones seriadas en agar nutritivo y se seleccionaron las colonias con morfologías distintivas. A aquellas que presentaron un halo de degradación en agar leche se les confirmó la actividad queratinolítica mediante observación de la degradación física de las plumas en cultivo líquido individualizado en MMM+P.

El potencial biotecnológico de las bacterias aisladas se llevó a cabo realizando diferentes ensayos entre los que se incluyó formación de biofilms por tinción con cristal violeta, producción de hemolisinas en agar sangre, producción de ramnolípidos en agar CTAB-azul de metileno y degradación de SDS (dodecil sulfato de sodio) y de los colorantes azoicos Negro Reactivo 5, Amarillo Reactivo 84 y Violeta Reactivo 5. Todos los ensayos mencionados fueron realizados a 23 °C.

A partir de consorcios queratinolíticos se recuperaron 16 aislamientos de distinta morfología de los cuales el 20% resultaron ser formadores débiles de biofilms, 20% formadores moderados y 60% formadores fuertes, aproximadamente. De 4 aislamientos β -hemolíticos 2 fueron productores de ramnolípidos. Todos mostraron capacidad para remover colorantes con porcentajes entre 18,5% y 93,1% para el Negro Reactivo 5, entre 55,2% y 91,8% para el Amarillo

Reactivo 84 y entre 27,0% y 82,6% para el Violeta Reactivo 5, mientras que solo 12 mostraron capacidad para degradar SDS. Nuestros resultados demuestran que estas bacterias antárticas poseen potencial biotecnológico ya que mostraron degradación eficiente de contaminantes prioritarios como el SDS y los colorantes azoicos, forman biofilms moderados-fuertes que implica una ventaja para la inmovilización en sistemas de tratamiento y su capacidad queratinolítica sugiere la presencia de enzimas versátiles aplicables a contaminantes complejos. Estos aislamientos representan herramientas sostenibles para tratar efluentes industriales en climas fríos.

MICROORGANISMOS ANTÁRTICOS, CONTAMINANTES RECALCITRANTES, PRODUCCIÓN DE BIOFILMS, COLORANTES AZOICOS, BIOSURFACTANTES

13/BBA

EVALUACIÓN DE UNA ESTRATEGIA BIONANO-TECNOLÓGICA PARA EL TRATAMIENTO DE LA CONTAMINACIÓN MIXTA

SADAÑOSKI, MARCELA A.^{A,B}; VELÁZQUEZ, JUAN E.^{A,B}; BRUERA, FLORENCIA A.^{A,B}; KRAMER, GUSTAVO R.^C; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

c) Universidad Nacional de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Programa de Materiales y Fisicoquímica (PROMyF), CP3300 Posadas, Misiones, Argentina.

marcelasadanoski@fceqyn.unam.edu.ar

La complejidad de la contaminación mixta con diferentes compuestos químicos implica el desarrollo de estrategias combinadas que integren distintos mecanismos de acción. En este sentido, el objetivo de este trabajo fue evaluar una estrategia bionotecnológica para el tratamiento simultáneo de Cr(VI) y fenoles en solución acuosa. Para ello, se fabricaron bloques compactos a partir de cepas de *Pleurotus pulmonarius* LBM 105 y *Trametes sanguinea* LBM 023 inmovilizadas en bagazo de caña de azúcar y nanopartículas magnéticas de ferrita de cobalto. Los bloques controles no contenían las cepas fúngicas. Los ensayos se llevaron a cabo en frascos plásticos de 120 mL con 20 mL de una solución compuesta de la mezcla de 100 mg L⁻¹ de cromo hexavalente y 50 mg L⁻¹ de fenol. Los bloques compactos se sumergieron e incubaron en la solución mezcla a 28°C y 150 rpm durante 16 h. La determinación de la concentración de fenoles totales y Cr(VI) presente en la mezcla contaminante se realizó por espectrofotometría siguiendo la metodología de Folin-Ciocalteu y difenilcarbazida respectivamente. La evaluación de la posible presencia de intermediarios tóxicos en los sobrenadantes tratados se realizó utilizando como biomarcador el crustáceo *Artemia salina*, el ensayo consistió en la valoración de la inmovilización de las larvas como criterio de toxicidad aguda luego de 24 h. Se demostró que los bloques fúngicos compuestos por las cepas LBM105 y los bloques controles sin micelio removieron el 37% y 38% de la concentración inicial de Cr(VI) respectivamente, mientras que el tratamiento con la cepa LBM023 alcanzó el 22%. Los tratamientos con ambas cepas alcanzaron similares porcentajes de remoción de fenoles, 69% para LBM105 y 76% para LBM 023. Los bloques con las cepas LBM 105 y LBM 023 produjeron el 3 y 6 % del porcentaje de inmovilización de *A. salina* respectivamente, mientras que la utilización de bloques sin micelio y la mezcla de los contaminantes

sin tratamiento fueron de 18% y 55% de inmovilización respectivamente luego de 24 h de exposición. Los bloques fúngicos mantuvieron su estructura y compactación durante todo el ensayo, mientras que los bloques sin micelio se desintegraron durante la agitación. En función de los resultados obtenidos, los bloques compactos con *P. pulmonarius* LBM 105 inmovilizado en bagazo de caña de azúcar y nanopartículas magnéticas de ferrita de cobalto constituye una estrategia bionanotecnológica promisorio para el tratamiento simultáneo de Cr(VI) y fenoles en solución acuosa en función del porcentaje de remoción de ambos contaminantes y el nivel de detoxificación.

BIOTECNOLOGÍA, NANOTECNOLOGÍA,
CO-CONTAMINACIÓN, HONGOS

14/BBA

PRODUCCIÓN DE BIOMASA MICELIAL DE HONGOS *TRAMETES* SPP. SOBRE RESIDUOS DEL CANNABIS MEDICINAL

SUAREZ, AGUSTIN^a; AGUIRRE PRANZONI, CELESTE^b; OCHOA, NELIO ARIEL^c

Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis

INTEQUI-CONICET, Universidad Nacional de San Luis, San Luis (UNSL)

Instituto de Física Aplicada (INFAP-CONICET-UNSL), FQByF- UNSL

agusslae21@gmail.com

La cosecha de *Cannabis sativa* L. destinada a la producción de flores medicinales genera anualmente grandes volúmenes de biomasa lignocelulósica, tradicionalmente considerada desecho. Este flujo de residuos, que representa hasta el 90% de la planta, incluye tallos fibrosos y restos de

inflorescencias agotadas tras la extracción de resinas ricas en fitocannabinoides como el CBD, así como en terpenos y flavonoides. Estos residuos, lejos de ser descartables, representan una fuente potencialmente valiosa para aplicaciones biotecnológicas basadas en hongos ligninolíticos. En este trabajo evaluamos el aprovechamiento de estos subproductos como sustrato para el crecimiento de dos cepas del género *Trametes*, *T. sanguinea* LSR01 y *T. villosa* LSR02, aisladas e identificadas molecularmente en la provincia de San Luis. Se conoce el uso medicinal de estos hongos, aunque no estén bien estudiadas sus propiedades, y su gran capacidad de producir biomasa que se puede aprovechar para la extracción de metabolitos de interés así como para la producción de micomateriales. Para ello se formularon mezclas de crecimiento a partir de dos tipos de residuos: polvo residual cannábico (PRC) y flor cannábica residual agotada (FCRA), ambos ricos en fibras y con trazas de cannabinoides. Los ensayos de crecimiento revelaron que ambas especies fúngicas fueron capaces de desarrollarse a 4 niveles crecientes de contenido de CBD ensayados (considerando que el FCRA puro contiene un 2,7% de CBD total), siendo: 0%, 0,34%, 1,35 y 2,03% de CBD. No obstante, *T. villosa* mostró una mayor adaptación y rendimiento, alcanzando una densidad micelial de 138,8 t 14 unidades de escala de grises y una velocidad de crecimiento de 0,57 cm/día en una mezcla conteniendo 0,34% CBD provenientes de un 25% de FCRA en el sustrato. En comparación, *T. sanguinea* alcanzó una densidad de 132,6 t 10,4 unidades y una velocidad de 0,42 cm/día bajo las mismas condiciones. Estos resultados abren nuevas posibilidades para la integración de residuos del cannabis medicinal en bioprocesos fúngicos, orientados tanto a la producción de biomasa como a la caracterización de micomateriales, enzima o bioactivos. Es importante resaltar que aún faltan investigaciones que fortalezcan estos resultados observados sobre la forma en que influyen

los cannabinoides en el desarrollo micelial, actualmente nuestro grupo de trabajo esta en pleno desarrollo. Este enfoque promueve la valorización integral de la planta y contribuye a estrategias de bioeconomía circular en industrias emergentes.

BIOECONOMÍA, CBD, HONGOS LIGNOLÍTICOS, MICOMATERIALES, TALLO CANNÁBICO

15/BBA

NANOBIOINGENIERÍA PARA LA ELIMINACIÓN DE CONTAMINANTES EMERGENTES ACUOSOS: INMOVILIZACIÓN DE LACASAS FÚNGICAS EN MATERIALES MESOPOROSOS PARA LA DEGRADACIÓN DE ESTRÓGENOS

VIALE, FABRIZIO E.^A; DA SILVA, FRANCISCO M.L.^B; HAYALA SILVEIRA PINTO, FRANCISCO G.^B; DE MELLO, MARIELE^B; PERGHER, SIBELE^B; DÍAZ, JOSEFINA^C; LEONCINI, ELISA^C; GIOIA, LARISSA^C; OVSEJEVI, KAREN^C; FERRERO, GABRIEL O.^A

Centro de Investigación y Tecnología Química, Universidad Tecnológica Nacional, CONICET (CI-TeQ-UTN-CONICET), Facultad Regional Córdoba, Argentina

LABPEMOL-Laboratorio de Peneiras Moleculares, Instituto de Química de la Universidad Federal de Rio del Norte, Brasil

Área Bioquímica, Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay.

gabriel.ferrero107@hotmail.com

Este trabajo es el resultado de un proyecto internacional y multidisciplinario desarrollado en el marco del programa del Centro Latinoamericano de Biotecnología (CAB-BIO-2023), con la participación conjunta de grupos de investigación de Uruguay, Brasil

y Argentina. La iniciativa surgió a partir de la detección de disruptores endocrinos en diversos recursos hídricos de estos países. Los contaminantes emergentes son compuestos de origen antropogénico, cuya regulación está siendo abordada debido al incremento de su presencia en cuerpos de agua. Por su toxicidad, persistencia y acumulación pueden generar impactos negativos en la salud humana y el medio ambiente. Muchos de estos compuestos actúan como disruptores endocrinos, causando daños irreversibles en los ecosistemas. Por ello, resulta fundamental el desarrollo de tecnologías eficientes y ambientalmente sostenibles para su eliminación. En este contexto, las biotransformaciones enzimáticas adquieren gran relevancia, particularmente cuando se utilizan enzimas de baja especificidad, como las lacasas. Con base en esta premisa, se propone combinar la Ingeniería de Materiales y la Biotecnología para desarrollar biocatalizadores insolubles capaces de reducir la concentración de sustancias hormonalmente activas en aguas. Para ello, se realizará la inmovilización de lacasas en soportes silíceos mesoporosos, conteniendo diferentes grupos reactivos y/o metales, por adsorción o mediante enlace covalente reversible. Esto permitirá no sólo reutilizar la enzima, el soporte y diseñar procesos continuos, sino también generar una batería de derivados enzimáticos con distintas propiedades y capacidades catalíticas basadas en el potencial catalítico de las lacasas y el diseño racional de soportes mesoporosos. En el presente estudio se describen la síntesis y caracterización de soportes mesoporosos tipo SBA-15, modificados con cobre (Cu) y/o grupos tiol (-SH) incorporados mediante (3-mercaptopropil) trimetoxisilano. Los materiales obtenidos fueron caracterizados mediante microscopía electrónica de transmisión (TEM) para confirmar su estructura ordenada, espectroscopía UV-Visible en estado sólido para evidenciar la presencia de Cu en la matriz, y espectroscopía FT-IR para detectar tanto los grupos silanol del soporte como los

grupos metilo del agente tiolante. Posteriormente, se inmovilizó la enzima lacasa de *Dichostereum sordulentum* en los cuatro materiales sintetizados (SBA-15, SBA-15-SH, SBA-15/Cu y SBA-15/Cu-SH), observándose que el soporte SBA-15/Cu-SH permitió alcanzar los mayores valores de inmovilización y actividad enzimática. Estos estudios preliminares sientan las bases para futuros experimentos, en los que la inmovilización por adsorción será reemplazada por inmovilización covalente. Esta etapa permitirá avanzar en el estudio de la degradación de contaminantes emergentes con una nueva tecnología que utiliza el potencial catalítico de las lacasas y el diseño racional de soportes mesoporosos.

SOPORTES MESOPOROSOS, FUNCIONALIZACIÓN DE SBA-15, LACASAS, CONTAMINANTES EMERGENTES, INMOVILIZACIÓN ENZIMÁTICA.

16/BBA

REMOCIÓN DE METALES EN PLAQUETAS DE CIRCUITO IMPRESO MEDIANTE PROCESOS DE BIOLIXIVIACIÓN Y FOTO FENTON

ZEVALLOS, DIANA^A; CURUTCHET, GUSTAVO^A; CANDAL, ROBERTO J.^B

IIIA-UNSAM-CONICET, Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental, EHyS, Campus Miguelete, 25 de mayo y Francia, 1650-San Martín, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

Escuela de Hábitat y Sostenibilidad, Universidad Nacional de San Martín.

rcandal@unsam.edu.ar

Los residuos de aparatos eléctricos y electrónicos (RAEE) constituyen una problemática ambiental a escala mundial. El reciclado de materias primas secundarias es fundamental para reducir la presión sobre

recursos naturales limitados. La recuperación de metales suele requerir métodos drásticos, caros, con elevada demanda energética. En el presente trabajo se evalúa la remoción de metales a partir de dos muestras de polvo de plaquetas de circuito impreso (PCI) de diferente antigüedad, combinando procesos microbiológicos (biolixiviación, biocomplejación) con procesos de oxidación avanzada (foto Fenton, f-F), ambos de bajo costo e impacto ambiental. Se construyeron reactores para tres agentes biolixivantes (AB): AT, medio ácido, pH inicial de 2,5; ii) ATp, rico en sustancias complejantes como los politionatos. Ambos AB se obtuvieron por inoculación de *Acidithiobacillus thiooxidans* en medio OK con azufre pulverizado como fuente de energía; y iii) AF, medio oxidante, inoculado con *Acidithiobacillus ferrooxidans* (Af) en medio 4,5K (Fe(II) como fuente de electrones), pH inicial de 1,8. Las muestras fueron tratadas secuencialmente: AT-ATp-AF, para ello, se utilizó 10 ml del AB por vez sobre 0,5 g de muestra, agitación constante a 25°C durante 24 hs, luego del cual, se reservó el lixiviado y se agregó el AB del siguiente reactor. Para el tratamiento f-F se utilizó un reactor de borosilicato, H₂O₂ (0,02 M), 0,5 g de muestra en 80 ml de solución a pH 3,0 e iluminación UVA. Se analizaron las muestras en dos sistemas: i) tratamiento químico (prelavado con solución ácida y f-F) más tratamiento microbiológico secuencial AT-ATp-AF y, ii) tratamiento secuencial AT-ATp-AF más f-F. Se midió pH, H⁺ producidos, Fe(II), Fe total en el tratamiento microbiológico y los metales en los lixiviados mediante FRX-RT. El porcentaje de remoción varió en función de la muestra y la secuencia de extracción. La muestra Antigua, mostró mayor porcentaje total de remoción en ambas secuencias de extracción, principalmente para Cu, Zn, Ni, Mn, Cr y Co, en comparación con la muestra Nueva. Esto podría deberse a diferencias en la matriz que contiene a los metales.

El Cu, al ser un elemento más noble, aumentó su solubilidad pasando de Cu⁰ a Cu(II), con el tratamiento de oxidación

f-Fe; mientras que el Zn, Ni, Mn, Cr y Co se oxidaron fácilmente en presencia de H^+ . El orden secuencial más eficiente fue el tratamiento microbiológico seguido de f-F; en general, presentó mayor porcentaje de remoción de metales y, además, cuenta con la ventaja de ser más económica debido a que carece de la etapa de prelavado con solución ácida. Estos resultados sugieren que la combinación de procesos microbiológicos secuenciales y de oxidación avanzada como f-F, ofrecen la posibilidad de separar metales a lo largo del proceso de extracción, facilitando la recuperación posterior.

BIOLIXIVIACIÓN, FOTO FENTON, PCI, RAEE

17/BBA

EFFECTO DE LA VINAZA DE CAÑA DE AZÚCAR (CRUDA Y BIOPROCESADA) SOBRE EL CRECIMIENTO DE TRITICUM AESTIVUM

DEL GOBBO, LUCIANA M.^A; FIGUEROA, ALEJANDRO E.^A; COLIN, VERÓNICA L.^A

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. Av. Belgrano y Pasaje Caseros. 4000. Tucumán, Argentina.

alejandro_88@live.com.ar

La vinaza es un efluente ácido con alta carga orgánica, generado durante la producción de alcohol etílico, cuyo manejo inadecuado representa un serio riesgo ambiental. En estudios previos, se logró valorizar la vinaza mediante su biotransformación en micoproteína de *Aspergillus terreus* V1, potencialmente aplicable como ingrediente para piensos acuícolas. El objetivo del presente trabajo fue evaluar, comparativamente, el efecto de la vinaza bioprocesada (V_b) con *Aspergillus* de la vinaza cruda (V_c), cuando se emplean

como soluciones de fertirriego para *Triticum aestivum* L. (trigo). Para los experimentos, se emplearon macetas con 300 g de un suelo deficiente en nutrientes, sembrando 5 semillas de trigo por macetas. Las macetas se regaron, durante 16 días, con 75 ml de V_c o V_b . Como referencia se emplearon macetas regadas con fertilizante químico comercial NPK, mientras que, como control negativo (sin vinaza, ni fertilizante químico), se emplearon macetas regadas con agua corriente (A_c). Las macetas se incubaron en condiciones controladas (12 h luz/12 h oscuridad; 24 ± 2 °C; 80% humedad), registrando el número de semillas germinadas a lo largo del experimento. Al final del ensayo, se evaluaron la longitud del brote (L_b), longitud de la raíz (L_r), peso seco de las raíces (PS_r), peso seco de las hojas (PS_h), presión de turgencia (P_t) y rendimiento total (R_t). Los resultados obtenidos mostraron diferencias significativas entre V_b y V_c , tanto en velocidad como en porcentaje de germinación. Al 4^{to} día, el porcentaje de germinación fue de 43% para V_b ; mientras que las semillas expuestas a V_c no germinaron. La germinación para NPK y A_c al 4^{to} día fue de 41 y 65%, respectivamente. Al 8^{vo} día, V_b indujo una germinación del 100%, igual que A_c ; mientras que las semillas expuestas a V_c y NPK germinaron en un 73% y 88%, respectivamente. El valor de L_b fue cercano a 31 cm, para V_b , A_c y NPK y con V_c fue solo de 13 cm. Los valores de L_r para V_b , NPK y A_c variaron entre 15 y 16 cm; y con V_c fue próximo a 12 cm. El PS_r registrado para V_c ($0,033 \pm 0,001$ g), fue significativamente menor que con V_b , A_c y NPK, cuyo promedio fue $0,042 \pm 0,002$ g. En cuanto al PS_h , el mayor valor fue con A_c ($0,150 \pm 0,008$ g), seguido por V_b ($0,130 \pm 0,007$ g), NPK ($0,120 \pm 0,001$ g) y V_c ($0,096 \pm 0,011$ g). La P_t no mostró diferencias significativas entre los diferentes tratamientos, con un promedio de $90 \pm 1\%$. Por último, el R_t para V_c y V_b fue de 43 y 63%, respectivamente; mientras que con NPK fue de 55% y con A_c 58%. Estos resultados evidencian una mejora significativa en la calidad agrícola de la vinaza bioprocesada con *Aspergillus*

terreus V1 (V_b) respecto al efluente crudo (V_c), evidenciado en un aumento de prácticamente todos los parámetros de crecimiento del trigo.

FERTIRRIEGO, TRITICUM AESTIVUM L, MICO-
PROTEÍNA, VINAZA

18/BBA

VALIDACIÓN EXPERIMENTAL DE PREDICCIONES IN SILICO DE ACTIVIDAD LACASAS FÚNGICAS FRENTE A COLORANTES INDUSTRIALES

SCHRODER, MELANIE^{A,B}; FONSECA, MARÍA I.
^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D. ^{A,B}; SADAÑOSKI, MAR-
CELA A. ^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

schroder.melaniee@gmail.com

La liberación de colorantes sintéticos en efluentes industriales representa un desafío ambiental debido a su toxicidad, persistencia y efectos sobre la salud. Estos contaminantes, altamente estables, alteran los ecosistemas acuáticos al impedir la penetración de luz y acumularse en el ambiente. Las lacasas fúngicas emergen como solución biocatalítica sostenible frente a las limitaciones de los tratamientos fisicoquímicos convencionales, debido a su capacidad de catalizar la conversión de una amplia gama de contaminantes hacia derivados inocuos. Este estudio validó experimentalmente predicciones bioinfor-

máticas previas sobre la capacidad para remover colorantes de lacasas fúngicas aisladas en Misiones, cepas *Phlebia brevispora* BAFC 633, *Trametes sanguinea* BAFC 2126 y *Pleurotus pulmonarius* LBM 105. Se evaluó su eficacia mediante ensayos de decoloración en medio sólido, actividad enzimática y perfiles proteicos, contrastando los resultados con los valores de energía libre (ΔG) predichas in silico. Las cepas se inocularon en agar PDA suplementado con 100 mg/L de colorante (Azul de Metileno, Azul Victoria B, Negro de Eriocromo T, Floxina B, Rojo Congo y Verde Malaquita) y se incubaron en oscuridad a $28 \pm 1^\circ \text{C}$ durante 20 días. El crecimiento y la decoloración se evaluaron cualitativamente y se analizaron estadísticamente (pruebas χ^2). Los perfiles enzimáticos se obtuvieron mediante PAGE nativa/SDS-PAGE a partir de extractos de placas, detectando actividad lacasa con 2,6-dimetoxifenol (DMP). El peso molecular de la enzima se comparó con el marcador de peso molecular (Kaleidoscope, BioRad). Los resultados se compararon con los valores de ΔG del estudio in silico previo. Las pruebas χ^2 revelaron diferencias significativas entre cepas ($p < 0,0001$), tanto para colonización de placa, como para decoloración. BAFC 2126 y LBM 105 mostraron mayor capacidad de colonización, al tiempo que exhibieron una decoloración notable de Azul Victoria B, Negro de Eriocromo T, Rojo Congo y Verde Malaquita hacia el día 13 de incubación. BAFC 633 presentó menor capacidad de crecimiento; no obstante, exhibió halos de decoloración para Floxina B y Rojo Congo desde el día 5 de incubación. Estos resultados se correlacionaron con los ΔG predichos: las cepas más eficientes tuvieron valores $\approx -8,0 \text{ kcal/mol}$, mientras que colorantes con $\Delta G \approx -6,0 \text{ kcal/mol}$ mostraron decoloración limitada (Azul de Metileno, Floxina B). Los perfiles enzimáticos revelaron isoformas características: BAFC 2126 ($\sim 40 \text{ kDa}$), KF1 (~ 33 y $\sim 40 \text{ kDa}$), LBM 105 (~ 36 y $\sim 46 \text{ kDa}$), y BAFC 633 ($\sim 53 \text{ kDa}$), confirmando actividad lacasa en todos los casos. Estos resultados validan el enfoque computacional-experi-

mental, demostrando que las predicciones in silico pueden correlacionarse con la eficacia de decoloración in vitro. BAFC 2126 y LBM 105, identificadas inicialmente por sus bajos ΔG , confirmaron ser las cepas más promisorias para la decoloración de colorantes complejos. Futuras investigaciones se enfocarán en la purificación de estas enzimas y su inmovilización en nano soportes para adaptar el proceso a aplicaciones de biorremediación, contribuyendo al desarrollo de soluciones sostenibles para la contaminación por colorantes.

LACASA, SCREENING BIOINFORMÁTICO, COLORANTES, DECOLORACIÓN

19/BBA

PREDICCIÓN IN SILICO DE AFINIDAD LACASA-COLORANTES: SCREENING RACIONAL ORIENTADO A LA BIORREMEDIACIÓN

SCHRODER, MELANIE^{A,B}; FONSECA, MARÍA I. ^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D. ^{A,B}; SADAÑOSKI, MARCELA A. ^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

schroder.melaniee@gmail.com

Los avances en bioinformática estructural permiten predecir las propiedades y el comportamiento de enzimas con potencial aplicación biotecnológica. En el campo de la biorremediación, las lacasas destacan por su capacidad de catalizar de forma inespecífica la degradación y la conversión de diversos contaminantes persistentes.

Estas enzimas pueden expresarse como isoformas cuyas estructuras aún no han sido determinadas experimentalmente; por lo que, abordar su estudio mediante técnicas in silico, permitiría comprender su funcionamiento e interacción a nivel molecular con otros compuestos de interés ambiental. Este trabajo se enfocó en el análisis de lacasas las cepas fúngicas *Phlebia brevispora* BAFC 633 y *Pleurotus pulmonarius* LBM 105, aisladas en Misiones; con el objetivo de predecir su capacidad para degradar colorantes industriales mediante herramientas de modelado y acoplamiento molecular.

Se partió de las secuencias nucleótidos de cinco isoformas de lacasas disponibles en GenBank, complementadas con dos estructuras cristalográficas de referencia de *Trametes sanguinea* obtenidas del Protein Data Bank. Mediante modelado por homología en SWISS-MODEL, se generaron estructuras tridimensionales de alta confiabilidad (GMQE > 0,95) que fueron validadas con SAVES, ProSA y MolProbity. Se delimitó la cavidad del sitio activo T1 en CASTp, identificando los residuos que la revisten. Se evaluó la afinidad de unión mediante acoplamiento molecular en AutoDock Vina, utilizando seis colorantes de relevancia ambiental obtenidos de PubChem y abarcando en el espacio de búsqueda, los residuos que componen el sitio activo.

El modelado confirmó la conservación del centro catalítico de cobre, al tiempo que se observaron variaciones en el volumen y la topología del sitio activo entre las diferentes isoformas. Los resultados de acoplamiento molecular mostraron diferencias de afinidad entre isoformas, destacando los complejos formados entre Rojo Congo, Azul Victoria B y Negro de Eriocromo T, con energías de unión particularmente favorables (ΔG -8,0 kcal/mol) con las lacasas estudiadas. Las interacciones más estables involucraron principalmente residuos hidrofóbicos como Phe, Pro y Leu; complementadas en muchos casos con puentes de hidrógeno donde participan residuos His que coordinan el átomo de cobre del

sitio activo T1. Colorantes como Azul de Metileno y Floxina B ($\Delta G \geq -6,0$ kcal/mol) mostraron menor afinidad, coincidiendo con interacciones puramente hidrofóbicas, sugiriendo una inserción más débil, aunque no despreciable, en el sitio activo. Este enfoque in silico permitió distinguir a las lacasas en base a su potencial para degradar colorantes complejos, optimizando la selección de candidatos para estudios aplicados. La correlación entre ΔG y los modos de unión sugiere que la especificidad del sustrato depende tanto de las propiedades estéricas como electrónicas del sitio activo. Como perspectivas futuras, se plantea la evaluación de la estabilidad temporal de los complejos mediante simulaciones de dinámica molecular, así como la extensión del análisis a un espectro más amplio de contaminantes. La metodología implementada ofrece un protocolo reproducible para el estudio racional de otros sistemas enzimáticos de interés industrial y ambiental.

LACASA, MODELADO POR HOMOLOGÍA, ACOPLAMIENTO MOLECULAR, COLORANTES

20/BBA

VALORIZACIÓN DE LEVADURAS RESIDUALES DE LA INDUSTRIA CERVECERA: OBTENCIÓN DE PRODUCTOS DE ALTO VALOR NUTRICIONAL PARA LA INDUSTRIA BIOTECNOLÓGICA

RACCA, SOFIA^A; FRANGI, MATEO^A; GIMENEZ, FRANCO^A; SELUY, LISANDRO^A

Laboratorio de Ingeniería Ambiental (LIA). Departamento de Medio Ambiente. Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas. Universidad Nacional del Litoral. Santa Fe (3000). Argentina.

raccasofia@gmail.com

La industria cervecera es una de las más importantes a nivel global, siendo la cerveza una de las bebidas más consumidas en todo el mundo. A pesar de los avances tecnológicos de esta industria, los grandes volúmenes de efluentes generados continúan siendo un foco de preocupación debido a su impacto ambiental y a la carencia de una gestión sustentable. La levadura residual de cervecería (BSY, por sus siglas en inglés "Brewery Spent Yeast") consiste en una suspensión de levadura remanente del proceso y se estima que una cantidad entre 15 y 18 toneladas de BSY son producidas cada 10000 hL de cerveza producida y solo una pequeña porción es reutilizada para un nuevo ciclo productivo. Debido a la gran carga orgánica de este residuo y su alta demanda de oxígeno, es necesario evaluar opciones para su tratamiento y explorar opciones para valorizar sus altas propiedades nutricionales y transformarlas en compuestos con valor agregado, desde un enfoque de economía circular. El extracto de levadura es conocido por sus numerosos componentes con valor nutricional como proteínas, péptidos de bajo peso molecular, aminoácidos, lípidos, vitaminas y compuestos inorgánicos, los pueden ser extraídos mediante autólisis, un proceso irreversible de muerte celular inducido por un déficit de nutrientes y condiciones adecuadas de pH y temperatura. Durante este proceso, se produce la lisis celular y la solubilización de proteínas en el medio de reacción, las cuales son hidrolizadas por un complejo sistema de proteasas vacuolares que conforman la maquinaria autolítica. El nitrógeno recuperado (FAN) es de gran valor para su utilización como suplemento de en la formulación de medios de cultivo. Nuestro grupo de trabajo ha optimizado las condiciones operativas de reacción para la levadura cervecera Safe Ale S04, concluyendo que un medio de reacción de agua a pH 4 y una temperatura de 40°C constituye el equilibrio ideal para garantizar la ruptura celular y la actividad de las enzimas hidrolíticas. Actualmente, nuestro objetivo consiste en

implementar el proceso de autólisis para la valorización de efluentes de levadura residual derivado de cervecerías locales, de modo de obtener extractos de alto valor agregado que puedan ser utilizados como suplemente de nitrógeno para el crecimiento de microorganismos de interés biotecnológico. Para garantizar el máximo rendimiento del proceso, proponemos evaluar el impacto de los componentes de la matriz cervecera (alcohol y compuestos remanentes del lúpulo) en la recuperación de nitrógeno y evaluar estrategias de aceleración que permitan reducir el tiempo de producción. Nuestros resultados sugieren que la remoción de los compuestos remanentes del lúpulo permite aumentar considerablemente el rendimiento, mientras que el etanol, en la concentración promedio de 6% p/V, ejerce un muy leve efecto positivo en la inducción de la autólisis. Finalmente, se obtuvieron resultados prometedores donde los tiempos de autólisis pudieron acelerarse utilizando un extracto líquido como medio de reacción, generado mediante una autólisis previa de 12 horas, gracias a su aporte de enzimas hidrolíticas.

AUTÓLISIS, EFLUENTE DE CERVECERÍA, EXTRACTO DE LEVADURA, LEVADURAS

21/BBA

DESARROLLO DE UNA PLATAFORMA PARA EL ESTUDIO Y OPTIMIZACIÓN DEL PROCESO DE DIGESTIÓN ANAEROBIA DE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES

MORERO, BETZABET^A; PERUSIA, VALENTINA^A; RACCA, SOFIA^A; SELUY, LISANDRO^A

Laboratorio de Ingeniería Ambiental (LIA). Departamento de Medio Ambiente, Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas (FICH-UNL), Uni-

versidad Nacional del Litoral, Santa Fe (3000), Argentina.

raccasofia@gmail.com

La digestión anaeróbica (DA) es un proceso que mediante el metabolismo de diferentes microorganismos permite, en ausencia de oxígeno, descomponer la materia orgánica produciendo biogás y digestato. En la búsqueda de nuevas fuentes de energía, el biogás generado, rico en metano, es una fuente de energía valiosa, que permite valorar diversos tipos de biomasa, incluyendo residuos orgánicos. Además, el biogás reduce las emisiones de gases de efecto invernadero al evitar emisiones naturales de residuos orgánicos, reemplazar combustibles fósiles y usar el digestato como fertilizante natural.

En Argentina, la gestión de residuos urbanos constituye un desafío, con más del 35 % de la población teniendo una disposición final inadecuada. La gestión de residuos en establecimientos ganaderos e industriales también es un reto. Según la FAO, los efluentes de los corrales de engorde tienen el mayor potencial energético en el país, alcanzando 198.748 tep/año, con solo 1.956 establecimientos concentrando la mayor producción.

En este contexto, en los últimos años se instaló en la Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas de la Universidad Nacional del Litoral (FICH-UNL) una plataforma que permite la caracterización y evaluación de la codigestión de diferentes sustratos y mezclas de sustratos, con el objetivo de determinar el potencial de generación de biogás de los mismos, y analizar cómo las variables operativas influyen en la cantidad y calidad del mismo.

En el presente trabajo, se presentan los resultados generados en dicha plataforma, del potencial de producción de biogás de residuos de la industria frigorífica. Los ensayos incluyen la caracterización de los residuos generados en la industria, determinando su humedad, contenido de materia orgánica, carbono y nitrógeno total, y el contenido de sólidos totales y volátiles. Posteriormente se evaluó el po-

tencial de generación de metano de los residuos individuales y mezclas de estos, en dispositivos batch, de 500 mL, con agitación y temperatura controlada. Las mezclas que dieron mayor potencial de generación de biogás se evaluaron en un reactor semicontinuo de 10 L de volumen, con agitación y temperatura controlados, y la posibilidad del seguimiento continuo de las principales variables del proceso (pH, Temperatura y volumen de biogás producido). La composición del biogás se determinó mediante su análisis en un cromatógrafo de gases.

Finalmente, los resultados obtenidos en laboratorio fueron validados en un reactor piloto de 1 m³ de volumen, con seguimiento de temperatura y agitación, operado de forma

semicontinua, compuesto por un reactor tubular y un gasómetro que permitió la acumulación y cuantificación del volumen de biogás obtenido.

BIODIGESTION, BIOGAS, RESIDUOS

22/BBA

APLICACIÓN DE UN CONSORCIO MICROBIANO COMO ESTRATEGIA DE BIORREMEDIACIÓN: ESTUDIOS DE REMOCIÓN DE ATRAZINA Y SANIDAD EDÁFICA

BAZÁN, LUCAS A.^A; VIRUEL, EMILCE^B; BENIMELI, CLAUDIA S.^{A,C}; FUENTES, MARÍA S.^A

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. 4000. Tucumán, Argentina.

Laboratorio de Ciclos Biogeoquímicos, Instituto de investigación Animal del Chaco Semiárido, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (IIACS-INTA)

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Uni-

versidad Nacional de Catamarca. Av. Belgrano 300. K4700. Catamarca, Argentina.

soledadfs@gmail.com

La atrazina (ATZ) es el tercer herbicida más utilizado en Argentina, aprobado para su aplicación en cultivos de caña de azúcar, lino, maíz, sorgo y té. Se ha informado su presencia ambiental en altas concentraciones, superando incluso los límites permitidos. Esta triazina sintética, empleada para controlar malezas gramíneas y de hoja ancha, es un contaminante orgánico persistente capaz de generar riesgos para la salud. Por eso, es fundamental desarrollar estrategias para sanear sitios impactados con este herbicida y la biorremediación de ATZ basada en consorcios microbianos resulta una estrategia prometedora. Frente a lo expuesto, el objetivo del trabajo fue evaluar la capacidad de un consorcio definido de actinomicetotas constituido por *Streptomyces* sp. A2, A5, A11 y M7 (C) para biorremediar microcosmos de suelo contaminado con ATZ, y determinar el impacto de su inoculación sobre la remoción del herbicida y la salud edáfica. Para ello, se formularon microcosmos con 200 g de suelo no estéril (SNE), contaminado artificialmente con ATZ (50 mg Kg⁻¹) e inoculado con C (2 g Kg⁻¹ de suelo). Dichos microcosmos (SNE+C+ATZ) se incubaron 28 días a 30 °C, con tomas de muestras semanales para realizar determinaciones de crecimiento microbiano (recuento de microorganismos heterótrofos totales), ATZ residual (mECD-GC) y sanidad edáfica [actividad deshidrogenasa (DHA), hidrólisis de diacetato de fluoresceína (FDA) y respiración]. Los ensayos se realizaron por triplicado, incluyendo los siguientes controles: SNE, SNE+ATZ, SNE+C. Al evaluar el crecimiento microbiano, se pudo observar un perfil similar en las distintas condiciones ensayadas, hasta los 14 días de incubación, período a partir del cual se registraron variaciones. Al final del ensayo el orden de crecimiento fue: SNE = SNE+ATZ > SNE+C > SNE+C+ATZ. Al evaluar la remoción de ATZ en suelos ino-

culados, se detectó una disminución sostenida del herbicida hasta los 21 días de incubación, alcanzándose un $28,5 \pm 5,5$ % de remoción. En ausencia del consorcio la remoción de ATZ fue nula. En relación con las actividades enzimáticas evaluadas, la DHA no se vio afectada en las condiciones ensayadas. La actividad FDA presentó fluctuaciones, para cada condición particular. En SNE y SNE+C, los valores disminuyeron los primeros siete días de ensayo, para luego permanecer constantes. En sistemas de SNE+C+ATZ, la actividad se mantuvo elevada los primeros siete días de incubación, para luego descender y permanecer constante. En sistemas de SNE+ATZ, la actividad FDA se mantuvo constante a lo largo del ensayo, pero con valores significativamente menores ($p < 0,05$) a los detectados en las otras condiciones, durante los primeros siete días de incubación. Al evaluar la respiración edáfica al final del ensayo, los valores detectados reflejaron el siguiente orden decreciente: SNE+C+ATZ > SNE > SNE+C > SNE+ATZ. Los resultados obtenidos ponen en evidencia los efectos negativos del herbicida sobre la sanidad del suelo, reflejados en la respiración edáfica y actividad FDA, y la capacidad del consorcio para remover dicho herbicida y revertir tales efectos.

ATRAZINA, BIORREMEDIACIÓN, CONSORCIO MICROBIANO, SALUD, SUELO

23/BBA

BIOSANACIÓN AMBIENTAL CON SPIRULINA DE LA CONTAMINACIÓN ACUÁTICA CON CADMIO: MODULACIÓN ONTOGENICA Y RESISTENCIA DE RHINELLA ARENARUM

JOFRE, MARÍA A.^A; LEYES, GIANELLA M.^A; MIRALLES MARLIA, URIEL M.^A; ENRIZ, DANIEL^B; GIANNINI, FERNANDO^B; ALVAREZ, SILVINA M.^C; SANCHEZ, EMILSE S.^{B,C}

Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional de San Luis

Lab de Bioensayos UNSL. IMIBIO-SL

Lab. de Nutrición, Medio Ambiente y Metabolismo Celular UNSL; IMIBIO-SL

Agustinajofre29@gmail.com

Uno de los grandes problemas globales que enfrentamos es la dramática reducción de especies anfibias debido a la destrucción de sus ecosistemas por diversas causas que incluyen la urbanización, cambios climáticos y la extensiva contaminación acuática. Los anfibios son altamente susceptibles durante el desarrollo por lo que se convierten en un excelente modelo de investigación para evaluar la influencia del medioambiente en el crecimiento al mismo tiempo que son bioindicadores altamente sensibles de la sanidad ambiental. El ciclo de vida anfibio involucra la postura de huevos en el agua seguido de un período larval acuático hasta completar la metamorfosis y seguir su ciclo terrestre para volver a reproducirse en las orillas de un ambiente acuático. Algo muy interesante de los anfibios es que pueden establecer estrategias de supervivencia frente a un ambiente peligroso induciendo cambios en el crecimiento, retrasando o acelerándolo, tanto para permanecer en el agua si el ambiente terrestre le resulta hostil como acelerando su metamorfosis para escapar del ambiente acuático si éste amenaza su vida. Los metales pesados como el Cadmio (Cd) son altamente tóxicos para la biota acuática y ha sido detectado tanto en aguas del Embalse La Florida de San Luis como así también en sapos recolectados en sus orillas y aves del lugar. Por otro lado, es conocido que la Espirulina tiene efectos positivos y moduladores frente a la intoxicación con Cd. A pesar de esto, existen pocos estudios sobre los efectos del Cd sobre la fisiología del sapo argentino *R. arenarum* ni de estra-

tegias de sanación ambiental para mitigar los efectos dañinos que tiene este metal en los ecosistemas acuáticos, especialmente para proteger la subsistencia de los anfibios. En este trabajo expusimos larvas de *R. arenarum* del estanque de la UNSL, un reservorio cuidado, a dosis subletales de cloruro de Cd (0.5 y 0.25 mg/L) y evaluamos distintos parámetros del crecimiento anfibio. De la misma manera, evaluamos larvas expuestas a alimentación suplementada con *Espirulina*. Por otro lado, también hicimos ensayos de toxicidad aguda en renacuajos de nuestro estanque universitario y en larvas obtenidas del estanque La Cantera que recibe afluentes del dique Potrero de los Funes, otro cuerpo de agua importante de la provincia de San Luis, habiendo sido un lote alimentado con Espinaca (controles) y otro con *Espirulina*. Nuestros resultados indican que Cd acelera el proceso de metamorfosis de *R. arenarum* mientras que la suplementación con *Espirulina* actúa de manera contraria, retrasando su metamorfosis. Por otro lado, los ensayos de intoxicación aguda indican que la alimentación con *Espirulina* incrementa notablemente la resistencia a la toxicidad de Cd. Nuestros resultados en conjunto sugieren que la *Espirulina* no solo tiene un efecto protector frente a la intoxicación aguda, sino que también podría modular la metamorfosis al igual que el Cd como una estrategia de supervivencia, señalándola como una potencial herramienta de sanación ambiental.

ESPIRULINA, CADMIO, BIOSANACIÓN, ONTOGENIA, ANFIBIOS.

24/BBA

RHODOTORULA MUCILAGINOSA LSL EN EL BIOTRATAMIENTO DEL AZOCOLORANTE ROJO CONGO

Y EFLUENTES TEXTILES: OPTIMIZACIÓN DE CONDICIONES OPERACIONALES

GONZALEZ PAISIO, ZOE A.^A; VENTURINI, VIRGINIA^A; MUÑOZ, NATALIA^A; ESCUDERO, LUIS A.^A; KURINA-SANZ, MARCELA^B; BONILLA, JOSE^B; MAGALLANES-NOGUERA, CYNTHIA^B

Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia. Universidad Nacional de San Luis.

FQByF, UNSL. Instituto de Investigaciones en Tecnología Química (INTEQUI, CONICET-UNSL). San Luis, Argentina.

zoegonzalez95@gmail.com

La industria textil es la segunda más contaminante a nivel mundial. Entre los principales contaminantes de sus efluentes se encuentran los colorantes azoderivados, utilizados por su estabilidad y resistencia, lo que dificulta su degradación. La biorremediación se presenta como una estrategia sustentable y ecológica para su tratamiento. La identificación de microorganismos eficientes en la remoción de contaminantes es clave para desarrollar tecnologías de remediación efectivas. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar el potencial de *Rhodotorula mucilaginosa* LSL, una levadura autóctona aislada de un landfarming de una industria química en San Luis (Argentina), para remover el azo-colorante Rojo Congo (RC) y biotratar un efluente textil, mediante la optimización de las condiciones operacionales para maximizar su eficiencia.

Inicialmente, se optimizaron las condiciones para maximizar la remoción del colorante RC mediante un diseño de experimentos (software Design Expert v7.0.0). Se consideraron como variables: concentración del colorante (25-125 µg mL⁻¹), agitación (0-150 rpm), agregado de glucosa como co-sustrato (0-1 % p/v) y tiempo (24-120 h). La decoloración porcentual se determinó por espectrofotometría a 490 nm. Posteriormente, se evaluó el potencial de la levadura en el tratamiento de un efluente textil, optimizando el porcentaje de bioma-

sa inoculada (1-5% p/v), agitación (0-150 rpm) y tiempo (48-96 h). Se analizaron como respuesta pH, conductividad eléctrica (CE) y el perfil espectrofotométrico. Posteriormente, se determinó la Demanda Química de Oxígeno (DQO) y Demanda Biológica de Oxígeno (DBO). Antes y después del biotratamiento del efluente, se realizaron ensayos fitotoxicológicos sobre *Lactuca sativa* y *Allium cepa*. Asimismo, se evaluó la toxicidad de la levadura incubada en H₂O_d y buffer Tris-HCl 50 mM pH 8.

Los mejores resultados de decoloración de RC se obtuvieron a 25 µg mL⁻¹, 130 rpm, 1% p/v de glucosa y 48 h, alcanzando valores superiores al 90%. Bajo estas condiciones, *R. mucilaginosa* LSL logró realizar cuatro ciclos sucesivos de decoloración, manteniendo una eficiencia del 65% en el último. En el biotratamiento del efluente textil, la condición óptima se alcanzó a las 72 h, 3% p/v de inóculo y 75 rpm, alcanzando 47% de decoloración, reducción del 40% en DQO y aumento del índice de biodegradabilidad de 0,15 a 0,20, lo que indica una mejora en su potencial para tratamiento biológico. No se observaron diferencias significativas en pH, CE ni DBO₅. Los ensayos fitotoxicológicos demostraron que *R. mucilaginosa* LSL no presentó toxicidad sobre la germinación de semillas de *L. sativa*, pero inhibió la elongación radicular de las plántulas, como así también en *A. cepa*. Por otro lado, el efluente textil sin tratar presentó toxicidad extrema y luego del biotratamiento se logró disminuir levemente su toxicidad sobre *L. sativa*, clasificándolo como de toxicidad alta, mientras que en *A. cepa* no se observaron diferencias. Esta toxicidad residual se asoció con la alta conductividad eléctrica (13 mS cm⁻¹, control NaCl). En conjunto, estos resultados posicionan a *R. mucilaginosa* LSL como una levadura autóctona prometedora para profundizar sus potencialidades en procesos de degradación de xenobióticos en efluentes industriales textiles.

BIORREMEDIACIÓN, AZOCOLORANTES,
EFLUENTE TEXTIL, LEVADURA AUTÓCTONA

REPRESIÓN CATABÓLICA EN *GANODERMA LUCIDUM* DURANTE LA DECOLORACIÓN DEL COLORANTE TEXTIL NEGRO REACTIVO 5

VAZQUEZ, LUISINA I.^{A,B}; PACHECO, MARIANA S.^A; DOMINGUEZ, FACUNDO G.^A; NIETO PEÑALVER, CARLOS G.^{A,C}; PAJOT, HIPÓLITO^{A,B}

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina.

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN). Universidad Nacional de Catamarca. San Fernando del Valle de Catamarca.

Instituto de Microbiología, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia. Universidad Nacional de Tucumán.

hipolito_pajot@yahoo.com

Los efluentes de la industria textil representan una amenaza ambiental debido a la presencia de colorantes azoicos, que tiñen el agua, reducen la penetración lumínica y limitan la fotosíntesis acuática, favoreciendo la eutrofización. Además, estos compuestos son tóxicos y potencialmente carcinogénicos. Algunos hongos filamentosos, como *Ganoderma lucidum*, producen enzimas ligninolíticas inespecíficas capaces de degradar estructuras aromáticas complejas. La síntesis de estas enzimas puede inducirse por compuestos xenobióticos, metales pesados o derivados de la lignina, pero también está fuertemente regulada por la disponibilidad de nutrientes, particularmente por fuentes de carbono fácilmente asimilables, fenómeno conocido como represión catabólica por carbono (RCC). La RCC inhibe la producción de enzimas especializadas cuando hay disponibles fuentes como la glucosa, priorizando el crecimiento rápido por sobre el metabolismo secundario. Esta regulación plantea un desafío en contextos de

biorremediación, ya que los colorantes no son metabolizables y suele añadirse una fuente de carbono para sostener el crecimiento del hongo, lo que puede suprimir la expresión de enzimas degradativas. Se planteó la hipótesis de que la presencia de glucosa favorece el crecimiento de *G. lucidum* pero reduce su capacidad decolorante sobre el colorante Negro Reactivo 5 (NR5) debido a RCC. El objetivo del estudio fue evaluar la relación entre RCC, crecimiento fúngico y decoloración de NR5 en medios agarizados. Se inocularon tacos de *G. lucidum* en tres medios de cultivo comunes: YM (glucosa 1%, extracto de malta 0,3%, extracto de levadura 0,3%, peptona 0,5%, agar 1,8%), NDM (glucosa 2%, $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 0,25%, extracto de levadura 0,25%, KH_2PO_4 0,05%, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0,05%, CaCl_2 0,02%, agar 1,8%) y LBM (glucosa 0,01%, extracto de levadura 0,001%, peptona 0,01%, agar 1,8%). También se prepararon medios con distintas fuentes de carbono (glucosa, sacarosa, rafinosa, maltosa, glicerol y glicerol crudo, al 1%) y de nitrógeno (peptona o sulfato de amonio, al 0,5%). Los medios fueron suplementados con 200 mg/L de NR5 y se incluyeron los respectivos controles sin colorante. Se midió el diámetro del crecimiento y de los halos de decoloración, y se calcularon las velocidades correspondientes. Las velocidades de crecimiento no variaron significativamente entre medios con y sin NR5: YM (10,7–10,2 mm/día), NDM (8–7,9 mm/día) y LBM (7,7–8,5 mm/día). No obstante, solo en LBM se observaron halos de decoloración, aunque pequeños. Las mayores tasas de crecimiento (alrededor de 11 mm/día) se obtuvieron en medios con cualquier fuente de carbono combinada con peptona, sin diferencias significativas entre condiciones con o sin NR5. Con excepción de la glucosa, estas combinaciones generaron halos con velocidades de decoloración entre 9,8 y 10,2 mm/día. Sacarosa y glicerol también promovieron la decoloración cuando se combinaron con $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$. En ningún caso se observó decoloración en presencia de glucosa. Estos resultados evidencian una relación negativa entre

la velocidad de crecimiento inducida por glucosa y la capacidad decolorante de *G. lucidum*, lo cual sugiere un efecto de RCC sobre la expresión de enzimas ligninolíticas. En aplicaciones de biorremediación, se recomienda evitar el uso de glucosa y seleccionar fuentes de carbono que sostengan el crecimiento sin activar los mecanismos de represión catabólica.

BIORREMEDIACIÓN, HONGOS FILAMENTOSOS, EFLUENTES TEXTILES, COLORANTES AZOICOS, CONDICIONES NUTRICIONALES

26/BBA

PERSPECTIVAS ÓMICAS Y TOXICOLÓGICAS EN LA DEGRADACIÓN DEL NEGRO REACTIVO 5 POR *APIOTRICHUM POROSUM* MM4029

DOMINGUEZ, FACUNDO G.^A; BUTLER, MATÍAS^B; LOPEZ LOVEIRA, ELSA^B; DOMINGUEZ, SOFÍA E.^B; NIETO PEÑALVER, CARLOS G.^{A,C}; PAJOT, HIPÓLITO^{A,D}

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina.

Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental – IIIA (CONICET – UNSAM), Campus Miguelete, 25 de mayo y Francia, 1650 San Martín, Buenos Aires.

Instituto de Microbiología, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia. Universidad Nacional de Tucumán.

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN). Universidad Nacional de Catamarca. San Fernando del Valle de Catamarca.

hipolito_pajot@yahoo.com

La industria textil es una fuente importante de contaminación del agua, principalmente por el vertido de colorantes azoicos como el Negro Reactivo 5 (NR5). Este compues-

to es recalcitrante, tóxico y persistente, y puede acumularse a lo largo de la cadena trófica. Su estructura química compleja, que incluye grupos azo y sulfonatos, dificulta su degradación. Aunque existen métodos fisicoquímicos para eliminarlo, suelen ser costosos y generan subproductos más tóxicos. Por eso, las levaduras surgen como una alternativa sostenible, ya que pueden crecer en condiciones extremas y degradar colorantes por medio de enzimas. *Apiotrichum porosum* MM4029, una levadura aislada del suelo de las Yungas argentinas, ha demostrado eficacia en la eliminación de NR5. Sin embargo, aún no se conocen en detalle los mecanismos moleculares involucrados. Este estudio tuvo como objetivo analizar el genoma de *A. porosum* MM4029 para identificar genes relacionados con la degradación de NR5, caracterizar los metabolitos generados mediante HPLC-MSn y evaluar la toxicidad de estos productos con el modelo biológico *Allium cepa*. Para los ensayos, se cultivó *A. porosum* MM4029 en medio NDM (glucosa 20; $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 2,5; extracto de levadura 2,5; KH_2PO_4 5; $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0,5; CaCl_2 0,13 g/L, pH 5,0), con y sin adición de NR5 (200 mg/L). Se tomaron alícuotas entre 0 y 72 horas, y se midió la absorbancia por espectrofotometría UV-visible. A las 24 horas se observó una reducción mayor al 90 % en la absorbancia a 595 nm, lo que indica ruptura del grupo azo. Para el análisis de metabolitos, se liofilizaron sobrenadantes, se resuspendieron en TEAA y se purificaron mediante extracción en fase sólida (SPE) usando cartuchos C18. Las fracciones fueron analizadas con espectrometría de masas (trampa de iones lineal, electrospray en modo positivo y negativo). Se identificaron metabolitos en tres etapas: iniciales (0–12 h), intermedias (24–48 h) y finales (>72 h), lo que sugiere una transformación progresiva del colorante. El análisis de fragmentación reveló compuestos intermedios con cadenas bencensulfonadas y grupos amino terminales. El ADN genómico de *A. porosum* MM4029 se secuenció con

Illumina HiSeq 2500. Luego del ensamblaje y limpieza, se confirmó su identidad comparando la similitud nucleotídica con *A. porosum* DSM 27194. La anotación del genoma permitió identificar dos enzimas extracelulares como posibles responsables de romper el enlace azo: una lacasa (EC 1.10.3.2) y una DyP-peroxidasa (EC 1.11.1.19). Por último, se evaluó la toxicidad de los productos de degradación con el test de *Allium cepa*, comparando bulbos expuestos a agua destilada, NR5 sin tratar y NR5 tratado. El medio tratado mostró una reducción significativa en citotoxicidad y genotoxicidad, lo que indica que el proceso biológico con *A. porosum* MM4029 logró detoxificar el colorante. En conjunto, estos resultados muestran el potencial de usar levaduras no convencionales nativas para desarrollar estrategias sostenibles de biorremediación para efluentes textiles.

BIORREMEDIACIÓN, COLORANTES AZOICOS, METABOLITOS DE DEGRADACIÓN, TOXICIDAD, GENÓMICA.

27/BBA

DETERMINACIÓN DE LA ECOTOXICIDAD DE SOBRENADANTES DE CULTIVO CONTAMINADOS CON CROMO HEXAVALENTE Y TRATADOS CON *TRICHODERMA KONINGII* LBM 253

TATARIN, ANA S.^{A,B}; SADAÑOSKI, MARCELA A.^{A,B}; POLTI, MARTA A.^{C,D}; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}

Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones,

Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina

Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán. Miguel Lillo 205. Tucumán, Argentina.

anasilvia2705@gmail.com

En estudios previos del grupo de trabajo, *Trichoderma koningiopsis* LBM 253 demostró tener la capacidad de tolerar y remover altas concentraciones de cromo hexavalente [Cr(VI)] en medio de cultivo líquido mediante mecanismos como bio-sorción, bioacumulación y biorreducción. Sin embargo, la capacidad de remoción de un contaminante debe complementarse con estudios ecotoxicológicos para validar la reducción del riesgo ambiental y garantizar la seguridad ecológica del entorno remediado. En este sentido, el objetivo de este trabajo fue evaluar la ecotoxicidad del Cr(VI) en los sobrenadantes de cultivo de *T. koningiopsis* LBM 253 mediante bioindicadores como *Lactuca sativa* (lechuga) y *Artemia* spp. El ensayo con *L. sativa* consistió en colocar veinte semillas desinfectadas en placas de Petri que contenían papel de filtro humedecido con 2 mL de sobrenadante de cultivo de 4, 8 y 12 días de incubación. Los controles consistieron en sobrenadantes de cultivo sin Cr(VI) con hongo (controles bióticos) y sobrenadantes con Cr(VI) sin hongo (controles abióticos). Las placas se sellaron y se incubaron a 22 ± 2 °C en oscuridad durante 5 días. Al final del período de incubación, se midió la longitud de radícula (LR) e hipocótilo (LH) con calibre digital y se determinó el índice de crecimiento relativo (ICR) y el índice de germinación (IG). Por otra parte, para evaluar la toxicidad de los sobrenadantes utilizando *Artemia* spp., se transfirieron de 10 a 15 nauplios a microplacas que contenían 100 µL de sobrenadante y se incubaron por 24 h. Transcurrido el tiempo, se evaluó la mortalidad de los nauplios con

microscopio óptico y se calcularon los porcentajes de mortalidad. Se realizaron los mismos controles que en los ensayos con *L. sativa* y todos los ensayos fueron llevados a cabo por triplicado. Como resultado se pudo observar que los sobrenadantes de cultivo tratados con *T. koningiopsis* LBM 253 presentaron LR mayores al día 4 y 8 de cultivo comparado a los sobrenadantes del control abiótico. A su vez, la LH fue significativamente mayor para todos los días de tratamiento comparado con el control abiótico. El ICR demostró que el control abiótico produjo una inhibición en la elongación de la radícula todos los días estudiados. En cambio, en los sobrenadantes correspondientes al tratamiento con el hongo, no se observaron efectos significativos en la elongación de la radícula a los días 4 y 12, lo que indicó una reducción en la toxicidad del medio. En el mismo sentido, el IG evidenció diferencias significativas entre los sobrenadantes del tratamiento y los controles abióticos siendo mayor los IG obtenidos para el primer caso. Por otra parte, las pruebas de ecotoxicidad utilizando *Artemia* spp. demostraron que la mortalidad de los nauplios disminuyó significativamente en los sobrenadantes tratados con *T. koningiopsis* LBM 253 en todos los días testeados, en contraste con los sobrenadantes de los controles abióticos que mostraron una mortalidad del 100 %. Los resultados obtenidos demuestran que *T. koningiopsis* LBM 253 redujo significativamente la ecotoxicidad del medio contaminado con Cr(VI) validando su potencial en procesos de biorremediación.

CROMO HEXAVALENTE, TRICHODERMA KONINGIOPSIS LBM 253, ECOTOXICIDAD

28/BBA

APROVECHAMIENTO BIOTECNOLÓGICO, BIODEGRADACIÓN Y PERFIL TO-

XICOLÓGICO DE MEDIOS EUTÉCTICOS PROFUNDOS NATURALES CON BASE EN TIMOL EMPLEANDO MICRO- ALGAS

**JORQUERA, MARA A.^A; PEREZ IGLESIAS,
JUAN M.^A; GOMEZ, FEDERICO^B; GONZALEZ,
PATRICIA^A; ALMEIDA, CESAR^A**

*Facultad de Química Bioquímica y Farmacia -
Universidad Nacional de San Luis. INQUISAL/
CONICET.*

*BIOEUTECTICS S.A., Avatar Mendoza - Palmares
Valley, Piso 1 - Oficina 13, M5505 Chacras de
Coria, Mendoza.*

agustinajorquera93@gmail.com

Los solventes eutécticos profundos naturales o NADES, son mezclas formadas por moléculas naturales como azúcares, aminoácidos y ácidos orgánicos. Al combinarse en determinadas proporciones adquieren propiedades fisicoquímicas únicas que los hacen útiles en diversas industrias incluyendo la farmacéutica, cosmética, alimentaria, entre otras. Sin embargo, existe escasa información acerca de su toxicidad y su riesgo ambiental. Además, no se cuenta con normativas acerca de su tratamiento y disposición final por lo que es necesario evaluar su impacto ecológico real. Por otro lado, las algas son organismos con gran potencial biorremediador debido a su capacidad de metabolizar diversos compuestos, sumado a esto son importantes especies modelo para evaluar perfiles toxicológicos de sustancias. Una de las formas más utilizadas para evaluar el efecto toxicológico de una sustancia es mediante el análisis de la alteración de los procesos fisiológicos. Entre estos podemos mencionar las alteraciones bioquímicas producto de las especies reactivas de oxígeno (EROS). Las EROS son altamente reactivas y pueden oxidar macromoléculas esenciales, por lo que los organismos cuentan con un sistema de defensa antioxidante que meta-

boliza las EROS. En el presente trabajo se evaluó la toxicidad de distintos NADES con base de timol a partir de la determinación de la actividad bioquímica de catalasa (CAT), glutatión-S-transferasa (GST) y peroxidación lipídica (TBARS) y la capacidad de microalgas para biodegradarlos. Para llevar a cabo los bioensayos, se inocularon aproximadamente 1×10^4 células/mL de microalgas de procedencia local, de las especies *Desmodesmus* sp. y *Scenedesmus* sp. El grupo control fue cultivado en Medio Basal de Bold (BBM) y los tratamientos fueron inoculados en una solución con concentración de 25 mg/L de diferentes NADES con base de timol. Se evaluó el perfil toxicológico mediante el cálculo del tiempo de duplicación y análisis bioquímicos de sistemas involucrados en el estrés oxidativo. Además, la biodegradabilidad fue determinada mediante métodos espectrofotométricos basados en la longitud de onda característica de cada compuesto y mediante el método de biodegradabilidad propuesto por la OECD 301D. Los resultados indicaron que los NADES evaluados produjeron una disminución del crecimiento en comparación con el control, con aumentos en los tiempos de duplicación en un intervalo entre el 8% y 200% para *Scenedesmus* sp., y entre un 8 a 1200% para *Desmodesmus* sp. Sin embargo, el NADES compuesto por timol y ácido oxálico mostró un efecto positivo en *Desmodesmus* sp., con una mejora del 2% en el tiempo de duplicación respecto al grupo control. Además, todos los compuestos presentaron una biodegradación superior al 70% luego de 7 días. Se observó una tendencia a la disminución en la actividad enzimática lo que podría indicar una probable inhibición de CAT, GST y TBARS. En conjunto, estos resultados sugieren que algunos NADES pueden ejercer efectos tóxicos sobre determinadas especies algales, mientras que en otras como *Desmodesmus* sp. podrían utilizarse para aprovechamiento biotecnológico como un medio de cultivo alternativo o complementario de crecimiento microalgal al mismo

tiempo que sucede la fitorremediación. Finalmente, este trabajo permitió desarrollar un protocolo para la evaluación de distintos parámetros bioquímicos de interés toxicológico.

NADES, ALGAS, FICORREMEDIACIÓN, BIORREMEDIACIÓN

29/BBA

DESARROLLO Y APLICACIÓN DE UN BIONANOCOMPUUESTO MAGNÉTICO PARA LA REMOCIÓN DE AZUL DE METILENO

BAUMANN, ALICIA J.^{A,B*}; BOROWSKI, NOELIA M.^{A,B*}; RODRIGUEZ, MARÍA D.^{A,B*}; FONSECA, MARÍA I.^{A,B*}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}

a) *Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.*

b) *Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.*

alicesbaum@gmail.com

El presente estudio tuvo como objetivo desarrollar un bionanocompuesto magnético (NBCM) utilizando nanopartículas magnéticas de CoFe_2O_4 y biomasa fúngica de *Actinomucor elegans* LBM 290 y evaluar su aplicación en el tratamiento de efluentes coloreados. Se utilizó azul de metileno (AM) como contaminante modelo debido a que este colorante es ampliamente utilizado en las industrias, presenta baja biodegradabilidad y puede generar subproductos tóxicos. La metodología del estudio involucró la preparación de la biomasa de *A. elegans* LBM 290 mediante cultivo en agar extracto

de malta (12.7 g L⁻¹). Las nanopartículas de CoFe_2O_4 magnética se sintetizaron mediante un método de coprecipitación química, seguido de lavado, secado y tratamiento térmico para obtener la estructura deseada (Rodríguez et al., 2025). Para la preparación del NBCM se mezcló las nanopartículas de CoFe_2O_4 con biomasa húmeda en una proporción de 1:10, respectivamente. Luego se agitaron a 170 rpm en un agitador rotatorio durante 2 h a 25 °C. Finalmente, el NBCM producido se secó a 60 °C durante 72 h y se almacenó para su uso posterior. Los ensayos de remoción del colorante se llevaron a cabo en Erlenmeyer de 100 mL que contenían 20 mL de solución de AM. Se estudiaron diferentes condiciones experimentales, incluyendo: pH inicial de la solución (3-11), tiempo de contacto (10 min a 24h), concentración inicial de AM (1-100 mg/L), dosis de adsorbente (10-100 mg/20 mL) y temperatura de la solución (25-45 °C). Los resultados de cada una de estas variables se evaluaron para identificar las condiciones óptimas del ensayo. Los Erlenmeyer se colocaron en un agitador orbital y se agitaron durante un tiempo específico a una velocidad de 120 rpm. Los ensayos de remoción se realizaron por triplicado. Al finalizar los ensayos, los BNCM se separaron fácilmente utilizando un imán externo. La cuantificación de la remoción del azul de metileno se realizó mediante espectrofotometría UV-vis, midiendo la absorbancia de las soluciones antes y después del tratamiento a una longitud de onda de 609nm. El porcentaje de eliminación de azul de metileno (%R) se calculó utilizando la siguiente ecuación $R\% = (\text{Co} - \text{Cf}) / \text{Co} * 100$. Donde, Co, Cf (mg/L) representan la concentración inicial y final del colorante.

Los resultados demostraron que el NBCM removió aproximadamente el 44.7 % de AM en las condiciones experimentales óptimas (dosis de adsorbente de 10 mg/20 mL, pH inicial de 7, concentración inicial de colorante de 7 mg/L, tiempo de contacto de 24h).

En conclusión, el presente estudio logró desarrollar exitosamente un BNCM utili-

zando nanopartículas de CoFe_2O_4 y biomasa fúngica de *A. elegans* LBM 290. Se destaca la necesidad de futuras investigaciones enfocadas en explorar su aplicabilidad en el tratamiento de efluentes industriales reales, considerando la complejidad de sus matrices.

NANOBIORREMEDIACIÓN, BIONANOCOMPUUESTO, NANOPARTÍCULAS MAGNÉTICAS, AZUL DE METILENO, HONGOS

30/BBA

ESTRATEGIAS DE CULTIVO Y CAMBIO DE ESCALA PARA LA MICORREMEDIACIÓN DE COLILLAS DE CIGARRILLO

LADETTO, MARÍA F.^A; GEPNER, KEREN I.^B; DELGADO, OSVALDO D.^{C,D}; FARIÑA, JULIA I.^E

Centro de Investigacion y Desarrollo en Fermentaciones Industriales (CINDEFI), CONICET-UNLP.

Universidad Nacional de Tucumán (UNT), Tucumán, Argentina.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina

Universidad Nacional de Catamarca, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN-UNCa).

Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospcción, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET, Av. Belgrano y Pje, Caseros, T4001MVB, S.M. Tucumán, Tucumán, Argentina

mflorencialadetto@gmail.com

Las colillas de cigarrillo representan una de las formas más abundantes de basura antropogénica en el planeta, y constituyen un residuo mixto altamente tóxico, que en condiciones ambientales demoraría 12-25 años en degradarse. Contienen tanto microplásticos como compuestos tóxicos presentes en el tabaco, en el cigarrillo, o

producidos durante la combustión. Entre ellos se destaca la presencia de insecticidas, metales pesados, y diferentes carcinógenos como nitrosaminas, hidrocarburos aromáticos policíclicos, BTEX, fenoles y compuestos carboxílicos. A pesar de ser desechos altamente contaminantes y recalcitrantes, con elevado volumen de producción diaria (> 6 trillones/año a nivel mundial), han recibido poca atención en cuanto al estudio de su impacto ambiental, y desafortunadamente las investigaciones sobre su posible remediación, particularmente de carácter biológico, son más que escasas. Este residuo sólido urbano (RSU) en la mayoría de los municipios carece de reglamentación específica para su descarte, y menos aún para su tratamiento. En San Miguel de Tucumán ya existe una ordenanza (nov 2024) que prohíbe su descarte en espacios públicos, insta a diferenciar este residuo del resto para que pase a un proceso de biorremediación adecuado, y prevé que el municipio concientice sobre la problemática. No obstante, los fumadores no atienden a estas restricciones y no existen tratamientos implementados. En este trabajo se evaluaron dos aislamientos fúngicos locales para biorremediar este residuo, ambos seleccionados en estudios previos tras demostrar una disminución de toxicidad >70% mediante bioensayos citogenéticos y de inhibición de germinación y crecimiento radicular, en *Allium cepa* y *Lactuca sativa*, al comparar colillas no tratadas con colillas biorremediadas (250 mL, T° amb, 6 meses). Los nuevos tratamientos fueron realizados en bidones de 10 L conteniendo $\frac{3}{4}$ de su volumen en colillas, inoculados al 10% v/v con inóculo líquido activo procedente de cultivos en fermentadores (vol. trabajo = 3 L) con medio a base de subproducto agroindustrial, logrando un incremento del volumen de trabajo de 30 veces. Se realizó un mezclado manual para favorecer distribución homogénea de micelio. Los ensayos fueron realizados por duplicado, con incubación a 28°C. Con ambos hongos hubo buena colonización de colillas, con cantidad variable de micelio. Se registró periódicamente

reducción de peso respecto al inicial. Con el hongo MIC-1 hubo una reducción de peso del 9.1% en 2 meses, y 18.8% en 9 meses, mientras que con el hongo MIC-2 la reducción fue significativamente menor a los 2 meses, 5.5% (~ la mitad), y 12.4% a los 9 meses (~30% más bajo). Hubo buena reproducibilidad entre duplicados, aún con múltiples y variados orígenes de colillas. El incremento en el % de degradación no mostró un aumento lineal con el tiempo, y reflejó también la importancia de la presencia de microbiota nativa pre-adaptada en las colillas desechadas. En virtud de estos hallazgos, se realizaron aislamientos individuales y de los consorcios obtenidos, en vistas a un escalado en tachos de 200 L (adaptados para permitir su mezclado). Las estrategias subsiguientes para mejorar el proceso contemplan bioestimulación + bioaumentación con las cepas estudiadas, y el empleo de cultivos mixtos que no muestren antagonismo.

BIORREMEDIACIÓN, COLILLAS DE CIGARRILLO, MICORREMEDIACIÓN, CULTIVO, ESCALADO

31/BBA

EVALUACIÓN SEMICUANTITATIVA DE BIODECOLORACIÓN PARA VALORAR POTENCIAL DE BIORREMEDIACIÓN SOBRE RESIDUOS AGROINDUSTRIALES Y COLORANTES TEXTILES EN HONGOS DE YUNGAS

CORTÉS VENEGAS, Iván I.^A; PAZ ROBLES, CRISTIAN F.^B; FARIÑA, JULIA I.^A

Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET. Tucumán, Argentina.

Laboratory of Natural Products & Drug Discovery, Center CEBIM, Department of Basic Sciences, Faculty of Medicine, Universidad de La Frontera, Temuco 4780000, Chile.

jifarina@yahoo.com

En un contexto mundial donde cada vez resulta más imperiosa la búsqueda de estrategias de descontaminación de xenobióticos aplicados a diferentes industrias (farmacéutica, agricultura, química, blanqueo de pulpa y papel, de combustibles fósiles, tintes, cosméticos, aditivos alimentarios, entre otras), la identificación de estrategias ecoamigables constituye no sólo una alternativa promisoriosa sino una verdadera necesidad. Ante este panorama, los hongos filamentosos emergen como candidatos competentes debido a su versatilidad metabólica y capacidad para producir enzimas lignocelulolíticas y oxidativas de baja especificidad de sustrato, las cuales pueden llegar a transformar compuestos tóxicos en productos menos nocivos y hasta inocuos para el ambiente. El presente estudio se enfocó en evaluar hongos filamentosos provenientes de la zona Pedemontana de Las Yungas tucumanas, una ecorregión del NOA rica en recursos biológicos, pero seriamente amenazada por actividades antrópicas. Hongos filamentosos previamente seleccionados por su actividad lignocelulolítica/oxidativa en base a diez actividades enzimáticas (16 de 160 aislamientos iniciales), fueron analizados en su habilidad decolorante como otro indicador indirecto del potencial de biorremediación. De estos 16, por su adaptabilidad para crecer en presencia de alperujo – residuo sólido de la industria olivícola – se seleccionaron nueve hongos con alta velocidad de crecimiento en presencia de este desecho. De esos nueve hongos, en este trabajo se evaluó su capacidad para decolorar colorantes textiles, como actividad secundaria derivada de la inespecificidad de las enzimas lignocelulolíticas. Se ensayaron seis colorantes textiles individuales y una mezcla de todos ellos (conc. = 200 ppm), en medio NDM (Normal Decolorization Medium), en pla-

cas de Petri inoculadas en el centro con discos de agar cubiertos de micelio activo (~5-7 mm $\pm$) procedentes de placas PDA, y los cultivos fueron incubados a 30°C durante 7 días, registrándose crecimiento fúngico ($\pm$ colonia) y extensión de los halos de decoloración ($\pm$ halo), medidos en direcciones perpendiculares entre sí. La capacidad decolorante fue valorada semi-cuantitativamente dando puntajes graduales positivos en base a los halos de decoloración, y negativos considerando la magnitud de bioacumulación por simple adsorción del colorante al micelio, y determinando la sumatoria de los mismos (índice de decoloración, ID). Asimismo, otro criterio fue la razón de decoloración (Rd), cuantificada como el cociente entre decoloración ($\pm$ halo decolorado) y crecimiento ($\pm$ colonia), para poder arribar entre estas diferentes mediciones a una posible especulación sobre el mecanismo involucrado en el proceso de biodecoloración (degradación real o acumulación). Los hongos con mayor capacidad decolorante (JIF3, LF 4.1, LY 9.4, con ID = 4) se posicionaron superiores a otros hongos previamente seleccionados para dicha actividad (DDF4, DDF5, con ID = 3). Estos resultados cruzados con los valores de Rd, permitieron definir a los candidatos más sobresalientes en base a parámetros de biodecoloración, y contrastar estos valores con los derivados de la evaluación de actividades lignocelulolíticas y de velocidad máxima de crecimiento en presencia de alperujo. Estos aislamientos fúngicos podrían resultar aplicables a la remediación de otros xenobióticos orgánicos persistentes (pesticidas, efluentes o contaminantes emergentes), participando en procesos de biorremediación integrales.

BIORREMEDIACIÓN, HONGOS DE YUNGAS, ALPERUJO, ENZIMAS LIGNOCELULOLÍTICAS, COLORANTES TEXTILES

32/BBA

HONGOS DE LAS YUNGAS TUCUMANAS COMO AGENTES MICORREMEDIADORES DE ALPERUJO: ADAPTABILIDAD AL RESIDUO Y COMPLEMENTACIÓN CON LA EVALUACIÓN ENZIMÁTICA

CORTÉS VENEGAS, Iván I.^A; PAZ ROBLES, CRISTIAN F.^B; FARIÑA, JULIA I.^A

Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET. Tucumán, Argentina.

Laboratory of Natural Products & Drug Discovery, Center CEBIM, Department of Basic Sciences, Faculty of Medicine, Universidad de La Frontera, Temuco 4780000, Chile.

jifarina@yahoo.com

La acumulación de residuos agroindustriales y compuestos recalcitrantes representa un desafío ambiental creciente. Frente a esto, se vuelve prioritario explorar alternativas sostenibles como la biorremediación microbiana. Este trabajo se centra en la evaluación del potencial micorremediador de hongos filamentosos aislados de las Yungas argentinas, una ecorregión de selvas montañas subtropicales con alta biodiversidad y endemismo. De la micoteca del Laboratorio de Micodiversidad y Micoprospección (PROIMI), incluyendo especímenes fúngicos de campañas realizadas en Tucumán (Reserva Horco Molle, Sierra de San Javier, Reserva Forestal La Florida, entre otros), previamente se seleccionaron 16 aislamientos en base a un cribado cuali- y semi-cuantitativo de actividades lignocelulolíticas y oxidativas (celulasa, xilanasas, fenol oxidasa, lacasa, peroxidasa, tirosinasa, manganeso peroxidasa, lignino peroxidasa, lipasa, y biodecoloración), priorizando aislamientos con mayor número (4 a 9 enzimas) y expresión de actividades ($S_{indices} = 14-28$, c/índice + a 5+). En la segunda

etapa, la selección fue complementada con el análisis de crecimiento sobre el residuo objetivo alperujo (ALP), subproducto de la industria olivícola, obtenido en la EEA-Catamarca. Este residuo que representa un pasivo ambiental, de carácter semisólido, alta humedad y compleja manipulación, fue caracterizado fisicoquímica y microbiológicamente, y también se cuantificaron fenoles totales utilizando reactivo de Folin-Ciocalteu (3,16 y 2,72 GAE/g ALP seco, extracto aq. y alcohólico, respectivamente). La carga microbiana fue de 8.3×10^7 , 8.2×10^7 y 6.5×10^7 UFC/g ALP húmedo para hongos, levaduras y bacterias. Para evaluar la adaptabilidad de los hongos a este residuo, se analizó su crecimiento micelial en medios con distintas proporciones de ALP y salvado de trigo: CBM (salvado 10 g/L), CBM/ALP (salvado 5 g/L + ALP 5 g/L) y ALP (ALP 10 g/L). Durante 10-12 días, se midieron los diámetros de colonia dos veces al día. Se ajustaron los datos al modelo matemático de crecimiento que presentó mejor ajuste (R^2) respecto a dos modelos: exponencial y de Gompertz. Se observó variabilidad en la velocidad máxima de crecimiento ($\mu_{m\acute{a}x}$, mm/h) entre aislamientos y medios de cultivo, encontrando un mejor ajuste al modelo logístico ($R^2=0.996$). Un número relevante de organismos (11) mostró valores similares de $\mu_{m\acute{a}x}$ en los tres medios, indicando buena adaptabilidad a ALP, mientras que en otros $\mu_{m\acute{a}x}$ disminuyó al aumentar la proporción de ALP (entre un 3-22% en medio CBM/ALP, y de 4-85% en medio ALP). Se clasificaron los aislamientos según su desempeño en cada medio. Los seis primeros que mantuvieron su tasa de crecimiento independientemente del medio empleado (LF 3.9, JIF 3, LF 4.7, LF 4.1, LY 9.4, y LF 4.24) se seleccionaron para ensayos subsiguientes de remediación de alperujo, incluyendo otros tres aislamientos de desempeño intermedio (G. lucidum, LY 5.3, y PL jif), totalizando así nueve candidatos promisorios según estos criterios. Los resultados de este trabajo nos permiten proponer algunos hongos seleccionados como herramientas

biotecnológicas para el tratamiento de residuos complejos como ALP, mediante estrategias de micorremediación. La combinación de herramientas de cribado (caracterización enzimática + análisis y modelado de crecimiento micelial en presencia/ausencia del residuo a tratar) aporta criterios sólidos para la selección de cepas fúngicas adaptadas a contextos productivos reales.

BIORREMEDIACIÓN, HONGOS FILAMENTOSOS, ALPERUJO, ENZIMAS LIGNOCELULOLÍTICAS, YUNGAS

BIOPROCESOS

EXTRACCIÓN ENZIMÁTICA DE COLÁGENO A PARTIR DE RESIDUOS DE ESPECIES DEL VARIADO COSTERO BONAERENSE

ALCOLEA ERSINGER, VICTORIA F.^A; LAMAS, DANIELA^A

Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero (INIDEP)

valcoleaersinger@inidep.edu.ar

El crecimiento demográfico mundial es exponencial, lo cual conlleva a un aumento de la demanda de alimentos. Como consecuencia, en la industria procesadora de pescado destinada a consumo se genera una creciente producción de residuos. Actualmente, el aprovechamiento integral de la materia prima es una alternativa que presenta beneficios a nivel económico, social y ambiental, en sintonía con los actuales objetivos de desarrollo sostenible propuesto por la Organización de las Naciones Unidas (ONU). El colágeno es una proteína estructural presente en diversos tejidos animales. La demanda global de esta macromolécula se encuentra en crecimiento acelerado, debido a su aplicación en distintas áreas industriales como la cosmética, farmacéutica, biomédica, nutracéutica, bioplásticos, alimentos y bebidas. En este contexto, el objetivo del presente trabajo fue evaluar la extracción de colágeno mediada por una enzima comercial (pepsina) a partir de pieles de especies que forman parte del variado costero bonaerense: congrio (*Conger conger*), palometa pintada (*Parona signata*), pez palo (*Percophis brasiliensis*), bagre de mar (*Genidens barbus*) y pescadilla de red (*Cynoscion guatucupa*). Las pieles fueron pretratadas, eliminando proteínas no colágenas con NaOH 0,1M durante 2h, seguido de la remoción de lípidos mediada por etanol 10% durante 6h. Posteriormente,

se procedió a realizar la extracción de colágeno aplicando un tratamiento con ácido acético 0,5M complementado con pepsina comercial (5% p/p). Los extractos obtenidos se purificaron mediante una precipitación con NaCl en buffer Tris-HCl, seguido de diálisis 24h en ácido acético 0,1M y 24h en agua destilada. Se evaluó el rendimiento gravimétrico de colágeno respecto de la masa de pieles de partida utilizada, el rendimiento molecular en base al contenido de hidroxiprolina de los productos obtenidos, se caracterizó el perfil proteico mediante SDS-PAGE y absorbancia en el espectro UV-visible. La piel de bagre presentó el mayor contenido de colágeno, siendo de $50,08 \pm 4,99$ mg colágeno /g piel seca. El pez palo y la palometa pintada arrojaron rendimientos intermedios respecto a las otras especies con valores de $34,46 \pm 3,21$ y $28,60 \pm 3,73$ mg colágeno /g piel seca, respectivamente. El congrio ($22,90 \pm 3,88$ mg colágeno /g piel seca) y la pescadilla ($21,52 \pm 1,70$ mg colágeno /g piel seca) fueron los que mostraron menor contenido. En el gel de SDS-PAGE se observaron bandas de peso molecular asociadas a las cadenas α y β de colágeno. En el espectro UV-visible se visualizaron picos de absorción en el rango de los 202-210nm, característicos del colágeno. Los resultados obtenidos sugieren que es posible obtener colágeno a partir de las pieles de las especies estudiadas del variado costero bonaerense, como una alternativa para la valorización de dichos residuos, otorgándole valor agregado, contribuyendo al mismo tiempo con el medio ambiente y la sustentabilidad de cada pesquería.

COLÁGENO MARINO, SUBPRODUCTO, PESQUERÍA, BIOECONOMÍA

ESTUDIOS PRELIMINARES SOBRE EXTRACCIÓN Y CA-

RACTERIZACIÓN DE QUITINA A PARTIR DE EXOESQUELETO DE GRIMOTHEA GREGARIA MORFOTIPO GREGARIA

ALCOLEA ERSINGER, VICTORIA F.^A; FERNÁNDEZ HERRERO, ADRIANA^A; RAVALLI, CECILIA^A; LAMAS, DANIELA^A

Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero (INIDEP)

valcoleaersinger@inidep.edu.ar

La quitina es un polisacárido natural, con una estructura cristalina organizada y se convierte en quitosano mediante una reacción química que implica la remoción del grupo acetilo. Este compuesto tiene diferentes aplicaciones en la industria debido a su actividad antimicrobiana, propiedades emulsionantes y espesantes. Los residuos de crustáceos son una fuente potencial de quitina. La extracción química consiste en una desmineralización ácida y una desproteínización alcalina. Los métodos biológicos son atractivos debido a la obtención de quitina de alta calidad a un coste relativamente bajo, con técnicas limpias y ecológicas. Entre ellos, los métodos enzimáticos se basan en el agregado de la enzima para la desproteínización. *Grimothea gregaria* es un crustáceo sin valor comercial, comúnmente desechado. La conversión de sus caparazones en productos valiosos es una estrategia para mitigar problemas ambientales, aportando valor económico al sector pesquero. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue obtener y caracterizar quitina a partir del exoesqueleto de *Grimothea gregaria* morfotipo gregaria mediante métodos químicos y enzimáticos. Los especímenes fueron muestreados, los exoesqueletos extraídos, pesados y sometidos a sucesivos lavados con agua a temperatura ambiente, hasta lograr transparencia en el agua de lavado. Luego se secaron en estufa a 60°C por 24 - 48 h, y posteriormente fueron molidos hasta lograr un polvo fino. Para el método químico,

la desmineralización se llevó a cabo con HCl 1N durante 1 h a temperatura ambiente, seguida de filtración, lavado y secado a 60°C. La desproteínización se realizó con NaOH al 4% durante 5 h a 55°C en relación 1:5 sustrato: álcali, seguido también de un paso de lavado y secado a 60°C. La desproteínización enzimática se realizó con la enzima alcalina Alcalasa 2.4L al 2% a pH 8,0 y 50°C durante 3 h con una relación sustrato: agua 1:5, luego de una desmineralización con ácido acético 1M en relación 1:5. En el proceso biológico también se realizaron los pasos intermedios de lavado y secado a 60°C. Los productos obtenidos fueron caracterizados respecto de su composición proximal a fin de evaluar la desmineralización y la desproteínización. Se obtuvo el rendimiento calculado por gravimetría, 23% de polvo a partir de los residuos húmedos de exoesqueletos, y respecto del polvo, los rendimientos de los métodos químicos y enzimáticos fueron 25,98 y 28,15%, respectivamente. La desmineralización química redujo el contenido de cenizas en un 55% con HCl y 65% con ácido acético. En 100 g de materia prima original se determinaron 29,66 g de proteínas, y luego del desproteínizado enzimático el valor fue de 12% y de 6,95% con el desproteínizado químico. Los datos obtenidos sugieren que los exoesqueletos de *Grimothea gregaria* morfotipo gregaria son una fuente potencial de quitina, siendo los métodos aplicados viables para su extracción. Destacando el potencial de la quitina, y su transformación a quitosano como ingrediente en diferentes industrias, este trabajo posiciona a la especie seleccionada como un descarte de interés, abriendo camino para la optimización futura del proceso, la purificación del polímero y su aplicación.

GRIMOTHEA GREGARIA, QUITINA, MÉTODOS DE EXTRACCIÓN, QUÍMICO, ENZIMÁTICO

3/B

PELLETS DE HONGOS COMESTIBLES COMO CARRIERS SOSTENIBLES DE BIOMASA DE MICROALGAS Y COMPUESTOS BIOACTIVOS

MIÑO, MARIA L.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; KOLMAN, MARIA A.^{A,B}

Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

marialaurami92@gmail.com

La aplicación de microalgas en alimentos y piensos se ve limitada por los altos costos asociados a la cosecha de biomasa. La floculación asistida por hongos representa una estrategia prometedora para la recuperación de biomasa; sin embargo, la mayoría de las cepas fúngicas reportadas en la literatura no son comestibles, lo que restringe su uso en la industria alimentaria. Este estudio evalúa la eficiencia de floculación de dos cepas fúngicas comestibles, *Pleurotus pulmonarius* LBM105 y *Lentinus sajor-caju* LBM266, en combinación con cuatro aislamientos de microalgas de agua dulce de Misiones, Argentina: *Chlorococcum vacuolatum* CMI012, *Graesiella emersonii* CMI015, *Sphaeropleales* sp. CMI016 y *Coelastrum proboscideum* CMI018. Los pellets fúngicos se generaron utilizando medio de extracto de malta (EM) o medio alternativo basado en extracto de bagazo de caña (EBC). La eficiencia de floculación (EF) y la composición de la biomasa se evaluaron luego de 24 horas de co-cultivo. Los pellets de *P. pulmonarius* cultivados en EM alcanzaron una EF máxima de 96% con *G. emersonii* CMI015. En cambio, los pellets de *L. sajor-caju* presentaron una EF más

baja en EM (65–71%), pero alcanzaron el 100% en medio EBC con CMI015 y CMI016. El análisis por ATR-FTIR indicó que los grupos funcionales amino, amida, fosfato, hidroxilo y carboxilo podrían estar implicados en las interacciones hongo-microalga. El análisis composicional de los pellets fúngico-microalgales (PFMs) reveló cambios en la biomasa, con un aumento en el contenido lipídico y proteico en la combinación *P. pulmonarius* + CMI015. Algunos PFMs fueron posteriormente liofilizados y enriquecidos con hidrolizado de residuos de pescado (HRP), lo cual resultó en un aumento de proteínas, lípidos y contenido fenólico total. El uso de PFMs liofilizados como carriers de HRP demostró una alta capacidad de absorción. Cabe destacar que los pellets de *L. sajor-caju* cultivados en EBC lograron las mayores tasas de inmovilización de microalgas y enriquecimiento fenólico tras la suplementación con HRP. Estos resultados respaldan el uso de pellets fúngicos comestibles como sistemas de doble función para la cosecha de biomasa y su enriquecimiento postcosecha con compuestos bioactivos. La combinación de sustratos de bajo costo (EBC), hongos comestibles y subproductos industriales (HRP) ofrece un enfoque escalable y sostenible para la generación de biomasa funcional destinada a aplicaciones alimentarias y nutricionales.

HONGOS COMESTIBLES, MICROALGAS, PELLETS FÚNGICO, MICROALGALES, BIOMASA, CARRIER

5/B

ASOCIACIÓN ENTRE MICROALGAS Y HONGOS COMO ALTERNATIVA PARA LA PRODUCCIÓN DE BIOINSUMOS

MIÑO, MARIA L.^{A,B}; KOLMAN, MARIA A.^{A,B}; MADRASSI, LUCAS M.^{A,B}; ALVARENGA,

ADRIANA E.^{A,B}

Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

marialaurami92@gmail.com

Ante el desafío global de alimentar a una población creciente —estimada en 8400 millones para 2028—, se vuelve urgente transformar los modelos productivos hacia sistemas más sostenibles. La agricultura intensiva actual, basada en el uso masivo de agroquímicos, genera impactos negativos sobre los recursos naturales y la salud ambiental. En este contexto, los bioinsumos surgen como una alternativa ecológica y eficiente. Particularmente, el mercado de biofertilizantes muestra un crecimiento sostenido, proyectándose un aumento de USD 2,31 mil millones en 2023 a USD 4,10 mil millones para 2028, con una tasa de crecimiento anual del 12,1%. En Argentina, los inoculantes bacterianos dominan el mercado de bioinsumos, pero se están explorando nuevas alternativas basadas en microorganismos menos convencionales, como las microalgas y los hongos. Las microalgas son organismos fotosintéticos que capturan CO₂, mejoran la estructura del suelo y producen metabolitos como fitohormonas, antioxidantes y polisacáridos, con efectos positivos sobre el desarrollo vegetal. Por su parte, los hongos del género *Trichoderma* son ampliamente reconocidos por su capacidad bioestimulante, biofertilizante y como agentes de biocontrol. El objetivo de este trabajo fue evaluar la asociación simbiótica entre *Trichoderma* y una cepa de microalga, *Graesiella emersonii*, su viabilidad en condiciones de suelo, y su efecto sobre el crecimiento de plantas de tomate en estadios tempranos. En primer lugar, se estandarizó la producción de microesferas fúngicas (pellets) en

medio MEA suplementado con 1% de glucosa, incubado a 28 °C durante 72 h con agitación a 100 rpm y un inóculo inicial de 10⁴ conidias/mL. Estas condiciones generaron microesferas uniformes. Se evaluaron diferentes surfactantes para mejorar la eficiencia de producción, pero formulaciones con Tritón X-100 y Tween 80 afectaron negativamente la viabilidad algal. Por este motivo, se seleccionó un tratamiento sin dispersantes para la formación del consorcio simbiótico. La floculación entre *G. emersonii* y los pellets de *Trichoderma* permitió la formación de líquenes artificiales con una eficiencia de agregación del 100% en condiciones óptimas. Microscopía óptica reveló una distribución homogénea de microalgas viables en todo el volumen de la microesfera, con evidencias de contacto estrecho entre ambos microorganismos. Además, se observó el desarrollo de estructuras fúngicas especializadas asociadas a las algas. La viabilidad del consorcio fue evaluada en suelo estéril de la provincia de Misiones, bajo condiciones de humedad e inundación, y con o sin recubrimiento de alginato. A los 50 días, se constató la supervivencia de las microesferas, la expansión del micelio fúngico y la dispersión de microalgas, especialmente en las formulaciones sin recubrimiento. Finalmente, los ensayos en plántulas de tomate en condiciones controladas de laboratorio demostraron un aumento del 70% en la longitud y un 200% en el peso de la raíz. Los resultados obtenidos demuestran que la interacción *G. emersonii* y *Trichoderma* no solo es viable y estable, sino que favorece la dispersión de ambos organismos en el suelo y mejora el desarrollo radicular de las plantas.

TRICHODERMA, GRAESIELLA EMERSONII,
CONSORCIO, BIOESTIMULANTE

6/B

INMET SA: FERMENTACIÓN

DE PRECISIÓN PARA PRODUCIR PHAS EN BACILLUS SUBTILIS

BRACALENTE, Fernando^{a,b}; BARONI, Matías^a; DANIELE, Alfio^a; TRIPALDI, Matías^a; DIAZ, Juan C.^a; ARROYO, Mariangeles^a; LAMBERTO, Gonzalo^a; NAKAMATSU, Leandro^a; SCHUJMAN, Gustavo^{a,c}

INMET SA, Rosario, Argentina

Universidad Nacional de Rosario (UNR), Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR)-CONICET

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

bracalente@ibr-conicet.gov.ar

Inmet SA, una empresa biotecnológica con fuerte respaldo del grupo Bioceres, líder en AgTech, se especializa en la ingeniería de microorganismos. Nuestra misión es transformar eficientemente residuos agroindustriales en moléculas de alto valor para variadas industrias. Esto lo logramos optimizando rigurosamente las tecnologías de fermentación y procesamiento downstream para desarrollar soluciones de biomanufactura robustas, rentables y amigables con el medio ambiente. Este enfoque integrado se desarrolla a través de nuestras Plataformas tecnológicas especializadas: Biología Sintética, donde diseñamos e introducimos modificaciones genéticas en los microorganismos para crear fábricas celulares eficientes; Fermentación, en la que optimizamos las condiciones de cultivo para maximizar el rendimiento y la productividad; Metabolómica, donde identificamos y cuantificamos metabolitos y productos intra y extracelulares relevantes para el proceso de fermentación; y una Plataforma de Procesos e Ingeniería, donde se desarrolla la purificación del producto y se escalan los procesos. El rápido crecimiento de la producción de plásticos no biodegradables desde la década de 1950, sumado a las bajas tasas

de reciclaje, ha creado una severa crisis ambiental marcada por la acumulación, el daño a la vida silvestre y potenciales riesgos para la salud humana. Esta urgencia impulsa la necesidad de soluciones sostenibles. En respuesta, un proyecto clave en INMET se enfoca en la producción industrial de polihidroxialcanoatos (PHAs). Estos poliésteres alifáticos, producidos por fermentación bacteriana, son materiales prometedores para ayudar a mitigar la contaminación plástica y la dependencia de los combustibles fósiles, debido a su biodegradabilidad y origen biológico. Específicamente, una cepa no esporulante de *B. subtilis*, un microorganismo GRAS ampliamente utilizado en la industria de la fermentación, fue modificada genéticamente para producir poli(3-hidroxibutirato) (PHB). Mediante la introducción de la vía heteróloga del productor natural *Cupriavidus necator* y la aplicación de un exhaustivo ajuste fino de la expresión génica (ingeniería de RBS y promotores) y el screening de diferentes PHAs sintetas, desarrollamos una cepa capaz de acumular PHB hasta un 80% de su peso seco celular. Utilizando esta cepa, desarrollamos un bioproceso completamente sostenible. Una fermentación fed-batch de alta densidad celular, en medio mínimo con glicerina cruda (un subproducto de la producción de biodiésel) como fuente de carbono, fue optimizada a escala de laboratorio (3 L) y escalada con éxito a 1000 L en la planta piloto de INMET. Además, se diseñó un protocolo de purificación ecológico y libre de solventes, logrando una recuperación del polímero de hasta el 90% con una pureza $\geq 95\%$, validado tanto a escala de laboratorio como de planta piloto. INMET busca ahora aliados estratégicos para avanzar a la siguiente etapa. En 2023, Ledesma se incorporó a la empresa como socio clave, luego de que adaptáramos con éxito nuestra cepa para utilizar subproductos de la industria azucarera. Desde 2024, estamos codesarrollando aplicaciones para nuestro polímero PHB, como filamentos para impresión 3D, con uno de los proveedores líderes de la industria plástica en Argen-

tina. Nuestro próximo gran objetivo es validar nuestros procesos integrados de upstream y downstream a una escala que supere los 20.000 L, allanando el camino para la producción industrial a gran escala.

INGENIERÍA METABÓLICA, PHAS, SUSTENTABILIDAD, ESCALADO

7/B

IMPACTO DEL MEDIO DE CULTIVO SOBRE LA CONSERVACIÓN POR LIOFILIZACIÓN DE *LATILACTOBACILLIS SAKAI* ACU-2

GALANTE, NADIA^A; BOHACEK, MELISA R.^B; SANABRIA, ERNESTO^A; CAYRÉ, MARÍA E.^A

a) Laboratorio de Microbiología de Alimentos. Instituto de Investigaciones en Procesos Tecnológicos Avanzados (INIPTA, CONICET-UNCAUS). Presidencia Roque Sáenz Peña, Chaco, Argentina.

b) Universidad Nacional del Chaco Austral (UNCAUs)

bohacekmelisa@gmail.com

Latilactobacillus sakei ACU-2 forma parte de un cultivo iniciador autóctono destinado a la industria cárnica local. La producción de biomasa de este microorganismo en un medio alternativo al MRS, utilizando concentrado de proteína de suero (WPC), permitió aumentar su producción y reducir los costos. Sin embargo, existen evidencias que la composición del medio de cultivo puede afectar la resistencia a la liofilización y la estabilidad de los cultivos liofilizados durante el almacenamiento. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue evaluar la influencia del nuevo medio de cultivo sobre la viabilidad y estabilidad durante el almacenamiento de *L. sakei* ACU-2 conservado por liofilización. La biomasa del microorganismo fue

obtenida en biorreactor a 30 °C durante 24 h, con agitación y pH constantes, utilizando el medio alternativo y MRS como control. Posteriormente, las células fueron separadas por centrifugación a 4 °C, lavadas con solución fisiológica y resuspendidas en preparaciones acuosas de i) leche descremada 10% (p/V) y ii) leche descremada 10% + trehalosa 5% (p/V), empleadas como crioprotectores. Las suspensiones se almacenaron a -80 °C por 24 h y luego se sometieron a liofilización a -30 °C y 37 Pa durante 48 h. Los viales obtenidos fueron sellados al vacío y almacenados durante 90 días a 5 °C. La viabilidad celular (UFC/mL) se determinó por recuento en placa. La tasa de supervivencia (TS), determinada inmediatamente al final de proceso de liofilización, se expresó como porcentaje de la población inicial. La velocidad de degradación k (día^{-1}) durante el almacenamiento se calculó mediante un modelo cinético de primer orden. El análisis estadístico de la influencia del medio de crecimiento y el tipo de crioprotector utilizado sobre la TS y k , se realizó mediante ANOVA de dos vías. Los resultados indicaron que la TS fue afectada por el medio de crecimiento. En efecto, las células de *L. sakei* ACU-2 cultivadas en el medio alternativo presentaron una TS significativamente mayor ($97,19 \pm 2,75 \%$) en comparación con aquellas obtenidas en MRS ($89,35 \pm 5,79 \%$), independientemente del crioprotector empleado. En cuanto a la estabilidad de los cultivos liofilizados, se observó un efecto del medio de crecimiento y su interacción con el crioprotector utilizado sobre la velocidad de degradación. Al emplear únicamente leche descremada como crioprotector, los cultivos provenientes de MRS mostraron una menor velocidad de degradación ($k = 0,0009 \pm 0,0003$) que los obtenidos con el medio alternativo ($k = 0,0027 \pm 0,0001$). No obstante, la combinación de leche descremada con trehalosa redujo significativamente el valor de k para los cultivos procedentes del medio alternativo ($k = 0,0014 \pm 0,0003 \text{ día}^{-1}$), igualándose

a los valores registrados para MRS bajo la misma condición. De acuerdo con los resultados obtenidos, puede concluirse que el medio alternativo evaluado mejoró la supervivencia de *L. sakei* ACU-2 al proceso de secado y no comprometió la estabilidad del cultivo almacenado a 5 °C cuando se utilizó leche+trehalosa como medio crioprotector. Estos hallazgos respaldan el uso del medio alternativo como una opción económica y eficaz al medio tradicional MRS para la producción de biomasa destinada a la industria cárnica regional.

CULTIVO STARTER, CRIOCONSERVACIÓN, MEDIO DE CULTIVO, TASA DE SUPERVIVENCIA, VELOCIDAD DE MUERTE.

8/B

APLICACIONES AGROINDUSTRIALES DEL ESCALADO PRODUCTIVO DE BIOMASA Y CELULASAS DE *DESMODESMUS SP.*

WAYLLACE, NATAEL M.^A; BUSI, MARIA V.^A; GOMEZ CASATI, DIEGO^A; BARCHIESI, JULIETA^A

Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI- CONICET) - Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF) - Universidad Nacional de Rosario (UNR)

busi.conicet@gmail.com

En la industria avícola, se estima que hasta un 25 % del pienso —compuesto principalmente por ingredientes vegetales ricos en celulosa y otras fibras no digestibles— no puede ser digerido eficazmente por las aves, lo que genera importantes pérdidas económicas. La inclusión de celulasas exógenas en las formulaciones de piensos mejora la digestibilidad de la fibra y aumentan la eficiencia de la conversión alimenticia. Los géneros de microalgas

Scenedesmus y *Desmodesmus*, con una morfología y fisiología muy similares, se han convertido en fuentes prometedoras de nutrientes esenciales (p. ej., vitaminas, minerales y ácidos grasos) y de enzimas novedosas con potencial valor biotecnológico. En estudios previos de nuestro laboratorio, se aisló una cepa nativa de *Desmodesmus* sp. SFE-03 del Río Paraná. Se identificaron múltiples genes relacionados con celulasas incluyendo endoglucanasas, exocelulasas y β -glucosidasas, asociadas a los dominios GH1, GH5, GH9 y GH10 y la actividad celulasa fue confirmada en el sobrenadante del cultivo de algas. En este trabajo, se optimizó la producción de esta cepa en condiciones semicontroladas, alcanzando volúmenes de 40 L en un fotobiorreactor de tipo airlift y 200 L en un sistema de estanque abierto. La biomasa se cosechó mediante floculación inducida por NaOH, seguida de centrifugación y posterior secado en horno, logrando rendimientos de peso seco de 0,5 g/L en el estanque y hasta 1 g/L en el biorreactor. La biomasa cosechada presentó propiedades nutricionales prometedoras, lo que respalda su potencial como aditivo alimentario, especialmente en aves de corral. Los ensayos preliminares de alimentación en pollos de engorde no mostraron efectos adversos, lo que respalda la seguridad de la biomasa para el consumo animal. Paralelamente, se clonaron con éxito dos genes de una cepa de *Scenedesmus* (adquirida en un banco de algas) que codifican celulasas putativas (GH1 y GH9), con el objetivo de desarrollar herramientas enzimáticas para mejorar la digestibilidad de la fibra en el alimento para aves de corral. Estos genes también representan un punto de partida para la futura caracterización bioquímica y cinética de nuevas celulasas de microalgas, con posibles aplicaciones en la bioconversión de residuos agrícolas lignocelulósicos. En conjunto, estas estrategias respaldan un enfoque de doble propósito: integrar la producción sostenible de biomasa con la generación de herramientas enzimáticas específicas para la valorización de la fibra en contextos agroindustriales.

OPTIMIZACIÓN DE LA PRODUCCIÓN ENZIMÁTICA DE MALTOOLIGOSACÁRIDOS A PARTIR DE ALMIDÓN DE MANDIOCA EMPLEANDO CGTASA Y PULULANASA DE ORIGEN BACTERIANO

CASTILLO, JULIETA M.^{A,B}; CAMINATA LANDRIEL, SOLEDAD^A; COSTA, HERNÁN^{A,B}

a) Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Ruta 5 y Avenida Constitución, 6700, Luján, Buenos Aires, Argentina

b) INEDES, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (CONICET-UNLu-CIC), Universidad Nacional de Luján, Ruta 5 y Avenida Constitución, 6700, Luján, Buenos Aires, Argentina

jdlim.castillo@gmail.com

El almidón es un polímero de d-glucosa muy abundante en la naturaleza, de bajo costo y biodegradable, está compuesto por amilosa que posee estructura lineal (α -1,4) y amilopectina de estructura ramificada (α -1,4 y α -1,6). El almidón se produce en abundancia en Argentina y resulta de sumo interés desarrollar tecnologías para su bioconversión en diferentes productos de elevado valor comercial y aplicación industrial. Las glucósido hidrolasas catalizan la hidrólisis y/o transglucosilación de los enlaces α -glucosídicos del almidón. Dentro de este grupo de enzimas se encuentran la pululanasa (EC 3.2.1.41) y ciclodextrina glucosiltransferasa (CGTasa, EC 2.4.1.19), entre otras. La CGTasa, mediante la ruptura de los enlaces α -1,4 cataliza diferentes

reacciones: 1) ciclación, que genera ciclodextrinas (CD), 2) desproporción, que genera oligosacáridos lineales denominados maltooligosacáridos (MOS), 3) acoplamiento, entre CD previamente linealizada y MOS, y 4) actividad hidrolítica. Los MOS están compuestos por 2 a 10 residuos de d-glucosa, unidos mediante enlaces α -1,4 y son un grupo novedoso de oligosacáridos funcionales con interesantes aplicaciones en la formulación de alimentos. Las pululanosas se clasifican en tipo I y II. Las de tipo I hidrolizan específicamente las uniones α -1,6 de polisacáridos ramificados como almidón, incrementando el número de α -glucanos lineales remanentes. Se ha descrito el empleo de CGTasa y pululanasa para incrementar la formación de CD. Sin embargo, no hay estudios sobre el empleo combinado de estas enzimas para la producción de MOS. El objetivo de este trabajo fue optimizar la producción de MOS a partir de almidón de mandioca, mediante su biotransformación en presencia de una CGTasa y una pululanasa tipo I, ambas de origen bacteriano, previamente aisladas y caracterizadas en nuestro laboratorio. Para ello, se utilizó una suspensión de almidón de mandioca al 3 %, con y sin la adición de d-glucosa al 5 % como aceptor de la reacción, la cual se incubó en dos condiciones: 1) con 15 unidades (U) de CGTasa por gramo de almidón y 2) con 15 U de CGTasa combinada con distintas unidades de pululanasa (5, 15, 30 y 50 U). Además, se evaluó la cinética de la reacción mediante análisis a diferentes tiempos de incubación (1, 3,5 y 18 horas). Los productos obtenidos fueron identificados y cuantificados utilizando HPLC. Se observó un efecto sinérgico en la producción de MOS al emplear conjuntamente CGTasa y pululanasa, evidenciado por un incremento en las concentraciones de maltosa (22 %) y maltotriosa (32 %). El uso de 5 U de pululanasa resultó en una baja producción de MOS, mientras que los mayores rendimientos se obtuvieron con 15, 30 y 50 U, sin diferencias significativas entre estas condiciones. Tampoco se observaron variaciones significativas en la producción

de MOS al comparar los diferentes tiempos de reacción evaluados. La adición de d-glucosa como aceptor fue indispensable para la obtención de MOS, y el rendimiento no se vio afectado por el orden de incorporación de las enzimas (simultáneo o secuencial), lo que confiere flexibilidad al diseño del proceso. Por lo tanto, la acción combinada de CGTasa y pululanasa incrementa significativamente la bioconversión de almidón de mandioca en MOS.

MALTOOLIGOSACÁRIDOS, ALMIDÓN, GLUCÓSIDO HIDROLASAS, CGTASA, PULULANASA.

10/B

INCORPORACIÓN DE CICLODEXTRINA GLUCOSILTRANSFERASA RECOMBINANTE GRAS Y MALTOOLIGOSACÁRIDOS EN PAN LIBRE DE GLUTEN Y EVALUACIÓN DE SU IMPACTO TECNOLÓGICO

CAMINATA LANDRIEL, SOLEDAD^A; CASTILLO, JULIETA M.^{A,B}; COSTA, HERNÁN^{A,B}

a) Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Ruta 5 y Avenida Constitución, 6700, Luján, Buenos Aires, Argentina

b) INEDES, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (CONICET-UNLu-CIC), Universidad Nacional de Luján, Ruta 5 y Avenida Constitución, 6700, Luján, Buenos Aires, Argentina

hcosta_1999@yahoo.com

La Ciclodextrina Glucosiltransferasa (CGTasa) es una enzima multifuncional que biotransforma el almidón en oligosacáridos cíclicos (ciclodextrinas) y lineales (maltooligosacáridos, MOS), ambos con aplicaciones en diferentes industrias. Los MOS también son producidos por un tipo

particular de α -amilasas, denominadas MFAsas. La enfermedad celíaca es una enteropatía autoinmune que afecta a personas genéticamente predispuestas. El tratamiento para esta enfermedad es una dieta libre de gluten. La elaboración de panificados libres de gluten representa un desafío tecnológico para la industria alimentaria debido a la baja calidad de las masas obtenidas. Tanto CGTasas como MFAsas son utilizadas en la industria panadera para retrasar la retrogradación del almidón, que provoca el endurecimiento de la miga durante el almacenamiento del producto. La retrogradación de la amilosa ocurre rápidamente, en un intervalo de minutos a pocas horas, mientras que la amilopectina presenta un proceso más lento, que se extiende desde varias horas hasta algunos días. Hasta el momento, no se ha descrito la utilización de MOS como ingrediente en la elaboración de panificados libres de gluten. En el Laboratorio de Química Biológica de la Universidad Nacional de Luján se caracterizó la CGTasa salvaje aislada de la cepa DF 9R de *Paenibacillus barengoltzii*, y se obtuvo su recombinante (BS-CGTasa) en el sistema de expresión GRAS *Bacillus subtilis* WB800. Además, se produjeron MOS en biorreactor -por biotransformación de almidón de mandioca utilizando BS-CGTasa- y se caracterizaron según los requerimientos del Código Alimentario Argentino. Previamente, se optimizaron dos formulaciones de pan libre de gluten: una mediante la adición de 0,005 U de BS-CGTasa por gramo de mezcla panadera, y otra con el agregado de 1,7 mg de MOS por gramo de la misma mezcla. En este trabajo se evaluaron el aspecto y la dureza de la miga de pan elaborado con la adición conjunta de BS-CGTasa y MOS, empleando las condiciones de formulación previamente optimizadas. Los resultados obtenidos indican que la dureza de los panes recién elaborados fue un 53 % menor en comparación con el tratamiento control. Los panes formulados con BS-CGTasa y MOS presentaron una miga suave y cohesiva, sin signos de desgranado. Asimismo, la corteza fue más lisa y homogénea, con

una menor presencia de grietas respecto al control. Sin embargo, de manera inesperada, la dureza durante el almacenamiento no mostró diferencias significativas entre los tratamientos. Por lo tanto, el empleo conjunto de BS-CGTasa y MOS mejora la calidad del pan recién horneado, posiblemente mediante la inhibición parcial de la retrogradación de la amilosa bajo las condiciones evaluadas.

MALTOOLIGOSACÁRIDOS, CELIAQUÍA, RETROGRADACIÓN, CGTASA, GLUTEN

11/B

ANÁLISIS TECNOECONÓMICO Y AMBIENTAL DEL BIOPROCESO DE BIOCONVERSIÓN DE D-LIMONENO

VELÁZQUEZ, JUAN E.^{A,B}; SADAÑOSKI, MARCELA A.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; VILLALBA, LAURA L.^A

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

juane.velazquez314@gmail.com

El desarrollo de cualquier tecnología, incluso en etapas iniciales, requiere ser acompañado por un análisis integral de su factibilidad, incluyendo aspectos técnicos, económicos y ambientales. En procesos biotecnológicos, la viabilidad técnica abarca tanto la adaptabilidad y productividad de los microorganismos como la capacidad del equipo para reproducir condiciones operativas a mayor escala. La evaluación económica preliminar considera la inversión de capital, costos operativos y análisis

de rentabilidad. La viabilidad ambiental cobra relevancia para determinar el potencial de los bioproductos como herramientas para mitigar impactos ambientales derivados de actividades humanas intensivas. A partir de ensayos en laboratorio, y empleando metodologías de aproximación sistemática empírica y escalamiento por similitud, el objetivo de este trabajo fue desarrollar un bioproceso eficiente para la bioproducción de compuestos aromáticos mediante la conversión de d-limoneno, junto con un análisis técnico, económico y ambiental, utilizando una cepa fúngica terpeno-tolerante y optimizando el uso de recursos. Los parámetros clave para el diseño del bioproceso y su escalado fueron: grado de conversión de terpenos, rendimiento, selectividad, cinética de reacción aparente y rendimiento espacio-tiempo. El análisis basado en funciones de utilidad permitió determinar el grado de conversión y el espacio-tiempo óptimos para maximizar la eficiencia del sistema. El diseño técnico indicó que un reactor de flujo pistón podría reducir significativamente el volumen del sistema respecto a un biorreactor de mezcla completa, en un factor de 5,84x. Las dimensiones propuestas del reactor, basadas en condiciones de máxima utilidad, fueron de $L = 1242$ m de longitud y $D = 0,101$ m de diámetro. Con una concentración inicial de $C_0 = 0,1626$ mol/L, el grado de conversión óptimo fue $X_A = 0,9439$, con un rendimiento de $0,1534$ mol/L, y mayor selectividad hacia compuestos como γ -terpineno, α -terpineol, mirceno y borneol. El rendimiento espacio-tiempo fue de $\tau_p = 0,60309 C_0$ d, y el tiempo de residencia óptimo de $TRD = 0,82342$ d. Se concluyó que un diseño estándar de reactor de flujo pistón es viable para este proceso. El análisis económico, considerando precios de mercado, demanda proyectada, horizonte de 10 años, tasa de renta financiera (30,3%), margen ganancial (20%) y costo medio de bioconversión (0,0796 USD/L), estimó un precio de venta de 5,50 USD/kg y una utilidad de 1,50 USD/kg. La inversión inicial fue estimada en 74.498,95 USD, siendo especialmente

sensible al precio de venta y al costo de producción. Esta inversión debe incluir insumos, infraestructura, capital de trabajo y equipamientos específicos del proceso. La factibilidad ambiental se evaluó mediante una matriz de Leopold (ML), considerando impactos, intensidad y reversibilidad. No se identificaron impactos perjudiciales de alta intensidad en la etapa operativa, aunque se destacó la necesidad de analizar los impactos del montaje según el emplazamiento real. La mayoría de los impactos serían reversibles a corto o mediano plazo. Se recomienda implementar programas de manejo y monitoreo ambiental con mecanismos de supervisión adecuados. En conclusión, se logró establecer un marco aplicado para un bioproceso de conversión de d-limoneno con un hongo terpeno-tolerante, con potencial de inserción en la cadena de valor del sector citrícola-industrial regional.

LIMONENO, BIOCONVERSIÓN, ASPERGILLUS, TERPENOS, FACTIBILIDAD.

12/B

EFFECTO DE CÓCTELES ENZIMÁTICOS CON ACTIVIDAD ENDOXILANASA SOBRE LA CLARIFICACIÓN Y EL CONTENIDO FENÓLICO DEL JUGO DE MANZANA

ORTELLADO, LAURA E.^{A,B}; BARUA, CELESTE R.^{A,B}; AYALA SCHIMPF, ALAN R.^{A,B}; CONIGLIO, ROMINA O.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

ortelladolauraes@gmail.com

El creciente consumo de jugos de frutas ha impulsado la búsqueda de procesos que mejoren su calidad visual y estabilidad, siendo la clarificación una etapa clave en la industria. La presencia de polisacáridos estructurales, como las hemicelulosas, y la formación de complejos coloidales con fenoles y proteínas generan turbidez y afectan negativamente la apariencia y vida útil del producto. Aunque los fenoles contribuyen a la turbidez, son valorados por sus propiedades bioactivas, lo que plantea el desafío de clarificar sin comprometer su contenido funcional. El tratamiento enzimático es una estrategia, especialmente mediante el uso de endoxilanasas, por su capacidad para degradar hemicelulosas y facilitar la clarificación. Este estudio evaluó el efecto de dos cócteles enzimáticos enriquecidos en endoxilanasas, obtenidos de *Lentinus sajor-cajú* LBM266 (EX266) y *Schizophyllum commune* LBM026 (EX026), sobre el contenido fenólico y la clarificación del jugo de manzana, con el objetivo de determinar su viabilidad tecnológica. Los cócteles enzimáticos EX266 y EX026, así como una endoxilanasas comercial de *Trichoderma longibrachiatum* (X2629-Sigma)(EX comercial), se diluyeron en buffer acetato de sodio pH 4,8 hasta alcanzar una concentración final de 4000 U/L de actividad endoxilanasas. Cada solución se mezcló en proporción 1:1 (v/v) con jugo de manzana obtenido a partir de pulpa fresca licuada y filtrada. Como control se utilizó jugo mezclado con agua destilada en igual proporción. Los tratamientos se incubaron a 55 °C durante 30 y 90 minutos en condiciones estáticas. Tras la incubación, las muestras fueron hervidas (5 min) para inactivar la enzima y luego centrifugadas (1000 rpm, 15 min). El sobrenadante se utilizó para medir la turbidez (650 nm) y el contenido de fenoles totales mediante el método de Folin-Ciocalteu. Todos los ensayos se realizaron por duplicado.

El cóctel EX026 logró una clarificación máxima y sostenida ($75,94 \pm 39,28 \%$) y un incremento en el contenido fenólico de aproximadamente $90,43 \pm 5,49 \%$ a 90 minutos respecto al Tiempo 0, destacándose como la mejor alternativa para mejorar la calidad visual y funcional. Por su parte, EX266 produjo una clarificación moderada ($37,84 \pm 1,30 \%$), asociada a una reducción significativa de fenoles ($66,49 \pm 0,38 \%$ 30 min). El tratamiento con EX comercial alcanzó una clarificación elevada ($63,83 \pm 2,27 \%$), acompañada de una disminución del contenido fenólico respecto al Tiempo 0. En el control (jugo + agua), se observó una liberación importante de fenoles ($124,14 \pm 2,59 \%$ 90 min), atribuible al efecto térmico, aunque sin mejora en la clarificación. Aunque el tratamiento con EX026 mostró un aumento en el contenido fenólico a los 90 min, este efecto podría estar relacionado, en parte, con la exposición prolongada al calor, como se observó en el control (jugo + agua). No obstante, a diferencia de EX266, que provocó una reducción significativa de fenoles, EX026 permitió preservar los compuestos fenólicos presentes en el jugo, evitando su degradación durante el proceso de clarificación. Estos resultados destacan el potencial de EX026 para lograr una clarificación eficaz sin comprometer la calidad funcional del producto, ofreciendo una estrategia prometedora para el desarrollo de jugos clarificados con mayor valor nutricional.

CLARIFICACIÓN, ENDOXILANASA, COMPUESTOS FENÓLICOS, JUGO DE MANZANA, LENTINUS SAJOR-CAJÚ

APLICACIÓN DE EVOLUCIÓN ADAPTATIVA DE LABORATORIO PARA POTENCIAR LA SÍNTESIS DE LEVANO EN ZYMOMONAS MOBILIS PROIMI A1

LARA, JOSÉ A.^A; DIAZ ALFARO, MARTÍN^A; BAIGORRIA, VÍCTOR H.^A; RICCIUTI, MAXIMILIANO^A; FARIÑA, JULIA I.^B; DELGADO, OSVALDO D.^{A,C}

a) *Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina.*

b) *Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET. Tucumán, Argentina.*

c) *Universidad Nacional de Catamarca, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN-UNCa).*

osvaldo_delgado@hotmail.com

El levano es un biopolímero de aproximadamente 60.000 unidades de D-fructosa con peso molecular $\sim 10^7$ Da. Las uniones son principalmente del tipo β -(2,6) y en menor proporción β -(2,1), siendo estas últimas responsables de la formación de ramificaciones en el polímero. Es producido por una amplia gama de microorganismos como Halomonas, Bacillus, Acetobacter xylinum, Lactobacillus reuteri, Bacillus licheniformis, Bacillus amyloliquefaciens, Zymomonas mobilis entre otros, así como por unas 51 especies de plantas. El levano es un polímero termoestable de baja viscosidad intrínseca, baja toxicidad, biodegradabilidad, biocompatibilidad y bioadhesividad. Además de estas propiedades únicas, se han reportado otras de importancia biomédica como ser actividad anticancerígena, antialérgica, antioxidante y anticoagulante. Sus efectos prebiótico, reductor del colesterol, hidratante y antiirritante en piel, son también funciones terapéuticas de este biopolímero. Debido a estas características distintivas, el levano tiene numerosas aplicaciones en diversas industrias, como la alimentaria, farmacéutica y cosmética, así como en el campo de la nanotecnología. El levano bacteriano se forma a partir de la sacarosa mediante la acción de una levansacarasa y es preferido para aplicaciones industriales debido a que está altamente ramificado y tiene mayor peso molecular que el producido por plantas.

Z. mobilis es una de las principales candidatas para la producción a gran escala de levano, ya que es considerada GRAS, lo que la convierte en una plataforma biotecnológica prometedora para la producción de compuestos de alto valor agregado. En este estudio se utilizó la Evolución Adaptativa de Laboratorio (ALE, del inglés Adaptive Laboratory Evolution) para mejorar la producción de levano en Z. mobilis PROIMI A1. La estrategia ALE simula la selección natural en condiciones controladas, favoreciendo la aparición de mutaciones beneficiosas, mediante la exposición prolongada a condiciones selectivas sin recurrir a ingeniería genética directa, por lo que las cepas resultantes no son consideradas organismos genéticamente modificados. La duración de la ALE puede variar y depende del microorganismo, el tipo de factor estresante y los objetivos de la investigación. En este estudio, lo realizamos mediante el método de cultivo continuo en medio complejo con sacarosa, en un biorreactor tubular de flujo ascendente de 60 mL de capacidad, dejando pasar 5 volúmenes de columna en cada condición, con incrementos en la concentración de sacarosa, comenzando con 50 g L⁻¹ hasta 250 g L⁻¹. Posteriormente, se cambió la velocidad de dilución de 0,033 h⁻¹ hasta 0,5 h⁻¹. Finalmente se hicieron cambios graduales de la temperatura de incubación, de 30 hasta 15°C. Se evaluó el consumo de sacarosa (mediante el método de DNS), producción de biomasa y levano (gravimetría) y etanol (refractometría). La mayor concentración de levano (35 g L⁻¹) se obtuvo en la cepa evolucionada mediante ALE a una velocidad de dilución de 0,16 h⁻¹ a 22°C (el doble que la cepa ancestral), mientras que los valores obtenidos de biomasa, azúcares residuales y etanol fueron similares en las cepas evolucionadas y la cepa ancestral. Estos resultados sugieren que la ALE puede ser una herramienta clave en la ingeniería metabólica semirracional, con gran potencial para mejorar cepas industriales sin modificar genéticamente el microorganismo.

LEVANO, ZYMOMONAS MOBILIS, ALE

14/B

INMOVILIZACIÓN DE LA LIPASA DE PSEUDOMONAS FLUORESCENS EN UN SOPORTE MESOPOROSO RENOVABLE PARA LA SÍNTESIS DE ÉSTERES AROMATIZANTES FRUTALES

CARRILLO, GERMÁN ^A; EIMER, GRISELDA A. ^A; VASCHETTO, ELIANA G. ^A, FERRERO, GABRIEL O. ^A

a) Centro de Investigación y Tecnología Química, Universidad Tecnológica Nacional, CONICET, Facultad Regional Córdoba, Argentina.

gabrielferrero107@hotmail.com

El impacto ambiental de la producción química convencional ha impulsado la búsqueda de tecnologías más sostenibles. En este contexto, el diseño de catalizadores enzimáticos soportados en materiales renovables representa una alternativa prometedora para la síntesis de ésteres aromatizantes. Estos compuestos suelen emplearse para impartir sabores y aromas frutales y son de amplio interés para las industrias alimenticia, cosmética y farmacéutica. A nivel industrial, estos compuestos se obtienen mediante el uso de catalizadores inorgánicos bajo condiciones de reacción severas, que incluyen catalizadores ácidos homogéneos poco selectivos, temperaturas cercanas a los 250 °C, altas presiones y el empleo de disolventes orgánicos. En contraste, la biocatálisis representa una alternativa ecoamigable, que permite su síntesis bajo condiciones más suaves, con mayor selectividad y una menor generación de subproductos. En este trabajo se inmovilizó la lipasa de Pseudomonas fluorescens en un soporte

silíceo mesoporoso sintetizado a partir de un precursor renovable. El soporte silíceo se obtuvo por medio de una metodología sol-gel, empleando monoestearato de glicerilo (MEG) como agente moldeante derivado de la biomasa y tetraetil ortosilicato (TEOS) como fuente de silicio. Luego de un tratamiento hidrotérmico de 24h, el material obtenido se filtró y calcinó. Su estructura mesoporosa fue evidenciada mediante isoterma de adsorción/desorción de N₂ y microscopía electrónica de transmisión (TEM). Posteriormente, la lipasa de *Pseudomonas fluorescens* fue inmovilizada sobre este soporte (400 mg enzima/g soporte y 96h de incubación), obteniéndose un biocatalizador heterogéneo. El desempeño catalítico del catalizador enzimático heterogéneo se evaluó en la producción de cuatro ésteres aromatizantes –acetato de isopropilo (aroma a manzana), acetato de butilo (aroma a pera), acetato de isoamilo (aroma a banana) y acetato de octilo (aroma a naranja)— mediante la transesterificación de acetato de vinilo con los alcoholes correspondientes. Las reacciones se llevaron a cabo a 40 °C, sin empleo de disolventes y bajo presión atmosférica. A las 2h de reacción se obtuvieron los siguientes rendimientos a producto deseado: acetato de isopropilo (7,96%), acetato de butilo (52,72%), acetato de isoamilo (24,3%) y acetato de octilo (35,6%). Mientras que con 24h de reacción los rendimientos ascendieron, a 58,4%, 80,32%, 62,5% y 70,2%, respectivamente. La ausencia de actividad en el soporte sin enzima confirma que la actividad catalítica determinada se debe a la lipasa inmovilizada.

Estos resultados evidencian la robustez y versatilidad del catalizador enzimático heterogéneo desarrollado, así como el potencial del MEG como agente moldeante sustentable en el diseño de soportes mesoporosos. Con esta estrategia se logró combinar la ingeniería de materiales y la biocatálisis con el objetivo de obtener una vía limpia y eficiente para la producción de compuestos aromatizantes de interés en química fina. En futuros estudios se proyecta la síntesis de nuevos ésteres, la

optimización de las condiciones de reacción, el estudio de la reutilización del catalizador y el escalado industrial.

BIOCATÁLISIS HETEROGÉNEA, INMOVILIZACIÓN ENZIMÁTICA, ESTERES AROMATIZANTES FRUTALES, PRODUCCIÓN SOSTENIBLE, VALORIZACIÓN DE BIOMASA

15/B

PRODUCCIÓN DE BIOPLÁSTICOS A PARTIR DE GENES METAGENÓMICOS EN *ESCHERICHIA COLI* USANDO LACTOSA COMO FUENTE DE CARBONO

MAINEZ, MARÍA E.^A; IRAZOQUI, MATÍAS^B; INGARAMO CAROSI, JULIA^A; BRIGGILER, GIMENA^A; EBERHARDT, MARÍA F.^{B,C}

a) EEA INTA Rafaela Santa Fe

b) Instituto de Investigaciones de la Cadena Láctea (IDICAL- CONICET-INTA).

c) Universidad Nacional de Rafaela

mainez.maria@inta.gob.ar

Los plásticos derivados del petróleo representan una fuente significativa de contaminación ambiental, debido a su lenta degradación y acumulación en los ecosistemas terrestres y acuáticos. En este contexto, los plásticos biodegradables, como los polihidroxialcanoatos (PHA), se presentan como una alternativa prometedora, ya que presentan propiedades mecánicas y térmicas comparables a las poliolefinas, con la ventaja de ser de origen renovable, biodegradables y biocompatibles. Además, su producción suele tener una huella de carbono más baja, especialmente cuando se obtienen a partir de fuentes renovables. La síntesis de PHA ha sido reportada en diversos microorganismos, como *Ralstonia*, *Bacillus*, *Pseudomonas*, entre otros,

mediante técnicas basadas en cultivos celulares. No obstante, se estima que una gran proporción de la diversidad microbiana no es cultivable en condiciones de laboratorio, lo que limita su estudio mediante enfoques tradicionales. En este contexto, la metagenómica se presenta como una estrategia alternativa para acceder a genes novedosos presentes en microorganismos autóctonos no cultivados, a partir de muestras ambientales. Estos genes podrían poseer características diferenciales respecto a los ya descritos, tales como la capacidad de sintetizar nuevos tipos de PHA o de aumentar su rendimiento de producción. En el presente trabajo se identificó un operón bacteriano conteniendo genes de biosíntesis de polihidroxialcanoatos en el metagenoma de lagunas de tratamiento de suero lácteo, previamente secuenciado y ensamblado por el grupo de Genómica y Bioinformática del IDICAL. La particularidad del operón identificado radica en la presencia de genes que codifican para una sintasa clase III que, a diferencia de las sintasas usualmente encontradas en los microorganismos productores más empleados para producción de PHB, son más proclives a incorporar monómeros no convencionales. Estos genes se aislaron del metagenoma por PCR, se clonaron en un vector comercial y se introdujeron en *Escherichia coli* 6576, una cepa bacteriana capaz de metabolizar lactosa. La producción de bioplásticos se evaluó inicialmente con la capacidad de fluorescer de las colonias transformadas con el operón sintético en medio rico con el fluoróforo rojo Nilo y mediante la extracción de PHA en cultivos líquidos en lote con hipoclorito de sodio. El extracto se analizó por GC-FID y comparó con un estándar de 3-hidroxibutírico (3HB). Finalmente, la producción del biopolímero se evaluó por fermentación de cultivo sumergido en lote alimentado en un biorreactor de 5L, utilizando un medio mínimo suplementado con lactosa como fuente de carbono y favoreciendo la acumulación del polímero. Este trabajo no solo permitió avanzar en la síntesis de bioplásticos a partir de microorganismos no

cultivables, sino también sentar las bases para el aprovechamiento de subproductos de la industria quesera con alto contenido de lactosa. Su uso como sustrato fermentativo convertiría un residuo de difícil disposición en un recurso valioso para la producción sustentable de materiales biodegradables.

POLIHIDROXIALCANOATOS, BIODEGRADABLE, METAGENOMA, LACTOSA, BIORREACTOR

16/B

PRODUCCIÓN DE MICOPROTEÍNAS POR *PENICILLIUM* SP. A PARTIR DE SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES: APLICACIÓN POTENCIAL EN LA INDUSTRIA ACUÍCOLA

FIGUEROA, ALEJANDRO E.^A; DEL GOBBO, LUCIANA M.^A; ETCHEGORRY, VÍCTOR D.^A; VILLEGAS, LILIANA B.^B; COLIN, VERÓNICA L.^A

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina

Instituto de Química San Luis (INQUISAL-CONICET), Chacabuco 917, Ciudad de San Luis D5700, Argentina.

alejandro_88@live.com.ar

El crecimiento de la población mundial ha incrementado la demanda de alimentos, estimulando la acuicultura y, con ello, la necesidad de formular piensos acuícolas sostenibles y más económicos que los piensos comerciales, tradicionalmente formulados a base de harina de pescado. Teniendo en cuenta que el costo de los alimentos acuícolas representa entre el 40 y 60% del costo total de producción, y que más del 60% de este costo se atribuye a la fracción proteica, es necesario

encontrar fuentes alternativas, como las micoproteínas, referida a las proteínas de la biomasa fúngica. Este estudio, investiga la producción de micoproteínas por un hongo comestible, denominado *Penicillium* sp. Q1, empleando como sustratos de cultivo subproductos agroindustriales, específicamente suero lácteo y vinaza de caña de azúcar. *Penicillium* sp. Q1, aislado a partir del queso azul, se cultivó en el medio agar-papa-dextrosa (PDA) a 30 °C por 7 días para la producción de esporos. Los esporos producidos se inocularon en diferentes concentraciones de suero lácteo (10-100%, v/v) y de vinaza (10-50%, v/v), y se incubaron a 30 °C (150 rpm) por 96 h, con el objetivo de seleccionar la concentración óptima para la producción de biomasa. Las biomásas seleccionadas se liofilizaron, se pesaron y se analizaron en términos de contenido de nitrógeno total (método de Kjeldahl), para luego calcular las proteínas totales en la biomasa, empleando el factor de conversión de la carne (6,25). En estas condiciones de ensayo, la máxima producción de biomasa en suero lácteo se obtuvo a una concentración del 100% (21,5 g/L), mostrando un contenido proteico del 31,1% ± 1,6. Por su parte, el mayor crecimiento en vinaza se observó a una concentración del 50%, alcanzando una producción de biomasa de 11,9 g/L y un contenido de proteínas de 28,8% ± 0,6. Estos resultados demuestran una producción de micoproteínas a partir de subproductos agroindustriales, dentro del rango reportado para piensos comerciales (26-55%). En base a estos hallazgos, *Penicillium* sp. Q1 se posiciona como una potencial fuente de proteínas para la formulación de piensos acuícolas sostenibles y económicamente viables.

PENICILLIUM SP., MICOPROTEÍNAS, SUERO LÁCTEO, VINAZA, ACUICULTURA.

18/B

VERSATILIDAD CATALÍTICA

DE GLICOSIDASAS PARA EL DISEÑO DE BIOPROCESOS CON METABOLITOS VEGETALES

LOPEZ LOZADA, Luis M.^A; BAGLIONI, MICAELA^B; DE LEON OLIVER, Rocio B.^B; FRIES, ALEXANDER^B; MOLDES, CARLOS^B; BRECCIA, JAVIER^B; MAZZAFERRO, LAURA S.^B

Instituto de Ciencias de la Tierra y Ambientales de La Pampa (Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad Nacional de La Pampa)

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FCEyN)-UNLPam, Instituto de Ciencias de la Tierra y Ambientales de La Pampa (INCITAP), Universidad Nacional de La Pampa – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UNLPam-CONICET), Santa Rosa, La Pampa, Argentina.

luis.lopez3664@gmail.com

Los procesos biotecnológicos habitualmente emplean preparaciones enzimáticas comerciales debido a la versatilidad de las enzimas que las componen. La elección del catalizador y el manejo adecuado de las condiciones de reacción resultan clave para controlar o dirigir las reacciones deseadas. En este trabajo se utilizaron tres combinaciones de metabolito(s) vegetal(es)-enzima y se seleccionaron las condiciones de reacción adecuadas para cada caso. Por un lado, se trataron extractos hidroalcohólicos de *Opuntia robusta* con el preparado enzimático Aromase™ H2 (60° C, 4 h, pH 5) para liberar agliconas de flavonoides que difieren en sus residuos sacarídicos y en sus enlaces glicosídicos. El análisis por LC-MS permitió identificar las agliconas quercetina, kaempferol, isoramnina y eriodictiol, demostrando la capacidad de la preparación para procesar mezclas vegetales complejas. Por otro lado, se buscó obtener de forma selectiva el disacárido rutinosa a partir del flavonoide purificado hesperidina. Para ello, empleando el mismo preparado enzi-

mático Aromase™ H2, se optimizaron las condiciones de reacción para favorecer la actividad diglicosidasa (50 °C, 2 h, pH 8) y minimizar actividades no deseadas (como la ramnosidasa). Esta estrategia permitió la liberación selectiva de rutinosa y hesperetina en un biorreactor agitado a escala laboratorio (250 mL), con un 90 % de conversión. Finalmente, para diversificar aún más los productos derivados de hesperidina, se empleó una α -ramnosidasa de *Actinoplanes missouriensis*, producida heterológicamente en *E. coli*. En este caso, la hidrólisis (28 °C, 2 h, pH 6) condujo a la obtención de ramnosa y hesperetin-glucósido con un rendimiento del 100 %. En conjunto, este trabajo destaca el potencial de las estrategias basadas en glicosidasas para la obtención de compuestos finos de alto valor a partir de biomasa vegetal, ilustrando la versatilidad y personalización que ofrecen los procesos enzimáticos en aplicaciones biotecnológicas.

GLICOSIDASAS, BIOCATÁLISIS, FLAVONOIDES.

19/B

BIOPROCESAMIENTO DE BAGAZO CERVECERO Y CÁSCARA DE ARROZ USANDO HONGOS AUTÓCTONOS DE PECES

GUIDOLI, MARCOS G.^A; GARCIA, DANIELA C.^B; BELTRÁN VEGA, PABLO F.^B; MENDOZA, JORGE A.^A; LIZARDO FALCON, SOFIA^A; AMABLE, VALERIA I.^A; BOEHRINGER, SILVIA I.^A; SÁNCHEZ, SEBASTIÁN^A; NADER MACIAS, MARÍA E.F.^C

Universidad Nacional del Nordeste.

LAPOX (Laboratorio de procesos oxidativos y antioxidantes) FAyA – UNSE

Centro de Referencia para Lactobacilos (CONI-CET), Tucumán, Argentina.

marcosguidoli@hotmail.com

Los residuos agroindustriales, aunque

constituidos mayoritariamente por materia orgánica, pueden representar una seria amenaza ambiental cuando se acumulan o eliminan de forma inadecuada. Entre ellos, la cáscara de arroz (CA), subproducto de este cereal, suele destinarse a la combustión, como cama para aves o como relleno para terrenos, debido a su bajo valor económico. Su alto contenido de lignina y baja humedad limitan su uso como fuente de nutrientes, aunque puede utilizarse como fibra en dietas animales. Por otro lado, el bagazo cervecero (BC), residuo sólido generado en la producción de cerveza, presenta alta humedad y contenido en azúcares, lo que favorece su fermentación espontánea. A pesar de que algunos productores lo aprovechan como alimento animal, su disposición final continúa siendo problemática. Los hongos filamentosos se encuentran ampliamente distribuidos en la naturaleza, y poseen una gran capacidad enzimática para degradar diferentes compuestos, entre ellos los lignocelulósicos. En este trabajo, se evaluó la capacidad de diferentes cepas fúngicas autóctonas, aisladas del tracto digestivo de *Piaractus mesopotamicus*, para desarrollar en CA y BC. Además, se determinó el efecto sobre el perfil nutricional de estos residuos tras su bioprocesamiento con la cepa seleccionada. Se inocularon, por separado, 50 g de cada residuo con esporas de cinco cepas: *Curvularia* sp. T1, *Aspergillus* sp. B6, *Penicillium* sp. Z7, *Trichosporum* sp. NR y *Aureobasidium* sp. D e incubaron a 25 y 37 °C. El crecimiento fúngico fue monitoreado diariamente y categorizado como –, +, ++ o ++++. Se utilizaron controles negativos inoculados solo con agua destilada. La cepa con mayor desarrollo fue seleccionada para bioprocesar 500 g de cada residuo durante 15 días. Posteriormente, las muestras crudas y bioprocesadas se esterilizaron, secaron, molieron y analizaron para determinar contenido de proteínas solubles, azúcares libres, compuestos antioxidantes y estado oxidativo. Los resultados indicaron que *Aspergillus* sp. B6 presentó el mejor desarrollo en ambos residuos, especialmente a 37 °C. El

bioprocesamiento con esta cepa aumentó significativamente el contenido de proteínas solubles y la actividad antioxidante en el BC, en comparación con su forma cruda o con la CA, tanto procesada como sin procesar. En contraste, los azúcares solubles disminuyeron significativamente en el BC bioprocesado, sin observarse cambios en la CA. Estos resultados demuestran el potencial del bioprocesamiento fúngico como estrategia de revalorización de residuos agroindustriales. La cepa *Aspergillus* sp. B6 no solo mostró alta capacidad de crecimiento, sino que también mejoró el perfil nutricional del BC, lo cual sugiere su posible aplicación como ingrediente funcional en dietas acuícolas. El siguiente paso será evaluar su efecto in vivo en peces de criadero, determinando el impacto sobre parámetros biométricos y fisiológicos.

BIOPROCESOS, MOHOS, ARROZ, BAGAZO
CERVECERO, PISCICULTURA

20/B

OPTIMIZACIÓN ENZIMÁTICA DE *IRPEX LACTEUS* PARA LA CONVERSIÓN DE RESIDUOS LIGNOCELULÓSICOS EN AZÚCARES FERMENTABLES

GIORGIO, ERNESTO M.^{A,B}; GUERRA, RITA A.^A;
BUMISKY, AGUSTÍN^A; SAPARRAT, MARIO
C.N.^C, ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}

Universidad Nacional de Misiones (UNaM),
Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología
Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones,
Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas
y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE) CCT-
La Plata-Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad
Nacional de La Plata (UNLP), CC 327, CP 1900,
La Plata, Argentina.

martingiorgio21@gmail.com

El aprovechamiento de residuos lignocelulósicos provenientes de la agroindustria representa una estrategia sostenible para la obtención de bioetanol de segunda generación. En este estudio se propuso optimizar la producción de un cóctel enzimático celulolítico a partir del hongo *Irpeix lacteus* LBM 034, aislado de la selva subtropical de Misiones (Argentina), y evaluar su capacidad para hidrolizar residuos lignocelulósicos pretratados de paja de arroz, aserrín de pino y eucalipto. La metodología comprendió dos etapas de optimización: primero se identificaron los componentes del medio de cultivo más relevantes para la producción de celulasas mediante un diseño Plackett-Burman (PBD), y posteriormente se optimizaron las condiciones nutricionales y de incubación mediante metodologías de superficie de respuesta (RSM). Las fuentes nutricionales más significativas fueron xilano, carboximetilcelulosa (CMC) y peptona. Las condiciones óptimas de incubación determinadas fueron 32 °C, pH 5,5 y ausencia de agitación, con lo cual se logró incrementar la actividad endo- β -1,4-glucanasa (EG) 2,6 veces respecto al valor inicial, alcanzando $692,54 \pm 20,91$ U L⁻¹. El cóctel enzimático optimizado fue empleado para la hidrólisis enzimática de los residuos lignocelulósicos previamente tratados con NaOH 1,5 N. Los rendimientos de conversión de hemicelulosa y celulosa de la paja de arroz fueron de 27,19 % y 38,18 %, respectivamente, superiores a los obtenidos con una enzima comercial en la conversión de hemicelulosa (14,91 %). En contraste, la conversión de celulosa fue mayor con la enzima comercial (49,59 %), posiblemente debido a diferencias en el contenido relativo de β -glucosidasa del cóctel enzimático de *I. lacteus*. Asimismo, se observaron perfiles similares en la

hidrólisis de aserrines de pino y eucalipto, aunque el rendimiento total fue menor comparado con la paja de arroz. Los resultados destacan el potencial biotecnológico de *L. lacteus* LBM 034 como fuente alternativa y de bajo costo de enzimas celulolíticas, particularmente eficaces en la bioconversión de residuos agrícolas como la paja de arroz. Este trabajo contribuye al desarrollo de procesos sostenibles para la producción de bioetanol, reduciendo la dependencia de cócteles enzimáticos comerciales y promoviendo el aprovechamiento de la biodiversidad fúngica regional.

IRPEX LACTEUS, RESIDUOS LIGNOCELULÓSICOS, HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA, BIOETANOL, BIOCONVERSIÓN.

21/B

CARACTERÍSTICAS CROMÁTICAS DE VINOS TANNAT DE CONCORDIA ELABORADOS SEGÚN DIFERENTES ESTRATEGIAS DE FERMENTACIÓN MALOLÁCTICA

DALZOTTO, MARÍA G.^{A,B}; SOLDA, CARINA A.^A; DAVIES, CRISTINA V.^A; GERARD, LILIANA M.^A; CORRADO, MARÍA B.^A; VILLALBA, MÓNICA I.^A; MASETTO, MARTÍN A.^A; MEDINA, MARÍA B.^A; BERÓN, VICTORIA^A

Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos, Mons. Tavella 1450, Concordia, E. Ríos.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

cristina.davies@uner.edu.ar

La fermentación maloláctica (FML) es una etapa clave para la obtención de vinos tintos de calidad que pueden afectar la acidez y el pH, parámetros que inciden en el color del producto final. El objetivo del trabajo fue comparar las componentes cromáti-

cas de vinos sometidos a tres tratamientos: FML espontánea (FMLE), sin agregado de BAL; FML co-inoculada (FMLC), con adición de BAL 48 h posteriores al inicio de la elaboración del vino y FML secuencial (FMLS), con adición de BAL una vez finalizada la fermentación alcohólica (FA). Los ensayos de vinificación se realizaron con uvas de *Vitis vinifera* L., variedad Tannat, provenientes de Concordia, Entre Ríos (vendimia 2023). Para la FA se utilizó como inóculo la levadura nativa *Sacharomyces cerevisiae* OQ520880, aislada e identificada por este grupo de investigación y se inoculó *Oenococcus oeni* (LALVIN VP41®), 10^6 UFC/mL, para las FMLC y FMLS. El experimento se llevó a cabo por duplicado, en cultivo sumergido (25-28 °C) hasta su detención, con remontados periódicos y 180 d de maduración. La finalización de la FML se determinó mediante cuantificación enzimática de ácido L-málico. Se realizaron las siguientes determinaciones, por triplicado: pH, acidez volátil (AV), intensidad (I), matiz o tinte (T), índice de color (IC) e intensidad colorante (C) en los vinos finales. Los resultados se analizaron con Statgraphics Centurion XV Corporate mediante ANOVA y se utilizó el test LSD ($p < 0,05$) para la comparación de las medias. La FML se completó luego de 6 d de inoculadas las BAL en el sistema FMLC, 26 d en FMLS y al final de la maduración en FMLE. Los valores de pH se mantuvieron en el rango 3,73-3,87, sin diferencias significativas. Si bien la AV resultó superior en FMLC ($0,24 \pm 0,03$ g.L⁻¹) y FMLS ($0,24 \pm 0,01$ g.L⁻¹) frente a la FMLE ($0,19 \pm 0,02$ g.L⁻¹), son valores bajos que no superan los límites reglamentarios establecidos. En relación a las componentes cromáticas, FMLC y FMLS presentaron menor I que FMLE ($0,453 \pm 0,021$, $0,494 \pm 0,088$ y $0,992 \pm 0,061$, respectivamente), lo que indica menor proporción de las componentes cromáticas correspondientes a los colores rojo y amarillo. En relación a T, FMLE presentó menor valor ($0,932 \pm 0,037$) respecto de FMLC ($1,026 \pm 0,101$) y de FMLS ($1,069 \pm 0,031$), con mayor proporción de componente roja, en relación a las amarillas. Sin em-

bargo, IC y C resultaron inferiores en FMLC ($0,510 \pm 0,024$ y $443,187 \pm 24,595$) y FMLS ($0,564 \pm 0,304$ y $463,632 \pm 93,661$) que en FMLE ($1,148 \pm 0,075$ y $1064,770 \pm 71,372$). Así, se podría concluir que el empleo de diferentes estrategias de FML mediante la inoculación de BAL seleccionadas, modifica la coloración de los vinos respecto de aquellos en los que la FML se desarrolla espontáneamente. No obstante, futuras investigaciones, que incluyan evaluación sensorial, serán necesarias para estudiar el impacto de estas diferencias en las percepciones sensoriales de dichos vinos.

TANNAT, FERMENTACIÓN MALOLÁCTICA, COLOR, CO-INOCULACIÓN, INOCULACIÓN SECUENCIAL.

22/B

RESIDUOS INDUSTRIALES DE EUCALIPTO Y SU POTENCIAL TRANSFORMACIÓN EN NANOMATERIALES DE CELULOSA

CEBREIROS, FLORENCIA^A; FALKENSTEIN, CAMILO^B; RISSO MELAZZI, MARÍA F.^B; CABRERA, MARÍA N.^C; GUIGOU, MAIRAN^A

Facultad de Ingeniería, Universidad de la República.

Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República.

Grupo de Ingeniería de Procesos Forestales, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República.

fcebreiros@fing.edu.uy

La biomasa forestal está disponible en Uruguay debido al desarrollo de las industrias de pulpa de celulosa y transformación mecánica de la madera (principalmente aserraderos), que generan una cantidad significativa de residuos de madera (ase-

rrín, pinchips, etc.). Su valorización mediante la conversión en productos de alto valor en un esquema de economía circular permite fortalecer la cadena productiva. Para esto, se requiere de varias etapas de procesamiento que permitan la separación de sus componentes principales (celulosa, hemicelulosas y lignina) para su posterior valorización.

Los nanomateriales de celulosa pueden obtenerse a partir de cualquier tipo de materia prima celulósica, como maderas duras y blandas, pastos, algas e incluso residuos agrícolas (bagazo, paja, cascarilla). Su producción ha cobrado cada vez más importancia en las últimas décadas debido a sus posibles aplicaciones como refuerzo en nanocompuestos, materiales de embalaje y materiales biomédicos. Son partículas de tamaño nanométrico con elevada área superficial, lo que le confiere una gran potencialidad para reemplazar materiales derivados del petróleo debido a sus atractivas propiedades como naturaleza no tóxica, biocompatibilidad, biodegradabilidad y propiedades mecánicas.

El objetivo de este trabajo fue estudiar la producción de nanofibras de celulosa (CNF) a partir de residuos industriales de eucalipto empleando la combinación de etapas de tratamiento fisicoquímico, enzimático y mecánico. Los residuos de eucalipto (pinchips) utilizados como materia prima fueron proporcionados por una planta de celulosa local, y sometidos a una combinación de tratamiento hidrotérmico (agua, 165°C , 45 min aprox.) y alcalino (75% NaOH y 75% H_2O_2 , 80°C , 45 min) para remover los componentes no celulósicos. Como resultado se obtiene un residuo sólido concentrado en celulosa (88%) y lignina en menor proporción (12%). Se realizó caracterización química y morfológica del material celulósico obtenido luego del tratamiento alcalino. La accesibilidad de la celulosa se evaluó mediante el uso de enzimas. Finalmente, la producción de CNF se evaluó partiendo de este residuo celulósico empleando complejos enzimáticos de celulasas y posterior extracción mecánica. La combinación del tratamien-

to con enzimas y la posterior extracción mecánica pretende disminuir los requerimientos energéticos del proceso mediante la acción selectiva de las enzimas en la depolimerización de la celulosa. Se emplearon dos preparaciones enzimáticas; un completo de celulasas y una endoglucanasa monocomponente. La extracción de CNF se realizó mediante molienda de bolas. Se evaluó el efecto del tratamiento enzimático en los rendimientos de extracción de CNF. Se evaluó el efecto del tratamiento enzimático en los rendimientos de extracción de CNF. De acuerdo con los resultados, se obtuvieron rendimientos de CNF en el rango de 34-48%, y productos de características prometedoras.

EUCALIPTO, ENZIMAS, CELULOSA, NANOCELULOSA

23/B

PRODUCCIÓN DE XILANASAS A PARTIR DE UN RESIDUO INDUSTRIAL UTILIZANDO UNA LEVADURA ANTÁRTICA

RISSO MELAZZI, MARÍA F.^A; GIOIA, LARISSA^B; RODRÍGUEZ BONNECARRERE, PAULA^C; GUIGOU, MAIRAN^D

Departamento de Ingeniería Bioquímica y Bioprocesos, Instituto de Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

Area Bioquímica, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República.

Laboratorio de Biocatálisis y Biotransformaciones, Departamento de Química Orgánica y Departamento de Biociencias, Facultad de Química, Universidad de la República.

Facultad de Ingeniería, Universidad de la República

frisso@fing.edu.uy

Las xilanasas son enzimas de elevado interés biotecnológico debido a su amplia gama de aplicaciones en distintos procesos industriales, como la producción de pulpa y papel, la clarificación de jugos, la panificación en la industria alimentaria y, particularmente, en la generación de biocombustibles de segunda generación en el ámbito de la bioenergía. Estas enzimas desempeñan un papel fundamental en la bioconversión de la biomasa lignocelulósica, mediante la hidrólisis de las hemicelulosas, uno de sus principales componentes estructurales. La hidrólisis completa del xilano requiere la acción sinérgica de un conjunto de enzimas, entre las que se incluyen endoxilanasas, exoxilanasas y β -xilosidasas. La degradación de las hemicelulosas permite la obtención de oligosacáridos con propiedades bioactivas como actividad antioxidante y efectos prebióticos; así como de azúcares simples capaces de ser fermentados para la producción de bioetanol.

En este trabajo se estudió la producción de enzimas xilanólíticas utilizando la levadura *Trichosporon pullulans*, aislada de la Isla Rey Jorge, Antártida. Se evaluó la producción y purificación de xilanasas utilizando un hidrolizado hemicelulósico de eucalipto pretratado por autohidrólisis. *T. pullulans* se cultivó en medio líquido conteniendo el hidrolizado hemicelulósico, rico en xilosa y xilooligómeros, como principal fuente de carbono, en condiciones aerobias a 20°C, con agitación orbital a 150 rpm, durante 48 h. Se monitoreó el crecimiento del cultivo por espectrofotometría y recuento en cámara de Neubauer. Se llevó a cabo la determinación de la actividad xilanólítica, los productos de hidrólisis se detectaron por reacción de los azúcares reductores con ácido dinitrosalicílico (DNS) y por HPLC. La levadura antártica mostró adaptación al hidrolizado, produciendo hasta 1.9 ± 0.2 UI/mL de xilanasas a las 48 h. Se ensayó la purificación del crudo enzimático mediante precipitación en distintas condiciones con sulfato de amonio y acetona, y purificación por cromatografía hidrofóbica en la columna Hi Trap Phenyl Sepharose. El

mejor tratamiento de la enzima resultó ser la precipitación con un 70% de sulfato de amonio. La producción eficiente de xilanasas en hidrolizado de eucalipto sugiere el potencial uso de la levadura antártica para procesos de biorrefinería. Los resultados obtenidos demuestran la viabilidad de utilizar residuos lignocelulósicos para la producción sostenible de xilanasas contribuyendo así a la economía circular.

XILANASAS, CAZIMAS, LEVADURA PSICROTOLERANTE, PRECIPITACIÓN SALINA

24/B

OPTIMIZACIÓN DEL PROMOTOR T7LAC E INICIO DE TRADUCCIÓN EN VECTORES PET PARA INCREMENTAR LA PRODUCCIÓN RECOMBINANTE DE GLICEROL QUINASA

GARAY NOVILLO, JAVIER N.^A; JUAREZ, LAURA^A; BARRA, JOSÉ L.^A; GODINO, AGUSTINA^A

Departamento de Química Biológica Ranwel Caputto, CIQUIBIC-CONICET, FCQ, Universidad Nacional de Córdoba, X5000HUA Córdoba, Argentina

jgaraynovillo@unc.edu.ar

La glicerol quinasa (GK) (EC 2.7.1.30) es una enzima fosfotransferasa ampliamente utilizada en diagnósticos bioquímicos, especialmente en ensayos enzimáticos para la detección de niveles de triglicéridos en sangre; un marcador vinculado a diversas condiciones clínicas como enfermedades cardiovasculares, Alzheimer, pancreatitis y diabetes. En nuestro laboratorio, estamos desarrollando estrategias de ingeniería genética para optimizar la producción de GK de *Thermus thermophilus* en *Escherichia coli* BL21 (DE3). En un trabajo previo,

diseñamos un vector basado en pET-50b para la expresión de GK; sin embargo, las pruebas iniciales mostraron la coexpresión de una forma truncada de la proteína. Detectamos que esta forma se generaba debido a un sitio interno de unión a ribosomas dentro de la región codificante de la GK, lo que afectaba significativamente el rendimiento de producción. Mediante una mutación silenciosa en esta región (RBS2), logramos eliminar la proteína truncada y aumentar la productividad de GK por célula en 3,5 veces. Sobre esta versión optimizada (RBS2), en este trabajo evaluamos modificaciones dirigidas a mejorar aún más la expresión mediante la ingeniería de los módulos genéticos responsables de la transcripción (promotor T7lac) y de la iniciación de la traducción (TIR, región de inicio de la traducción). Por mutagénesis sitio dirigida, se introdujeron: (1) una versión optimizada del promotor (T7_{CONS}), (2) una variante mejorada de la región de inicio de traducción (TIR2), y (3) la combinación de ambas (T7_{CONS}+TIR2). La expresión de GK se indujo con IPTG (0,1 mM) a 20 °C, y se analizaron la cinética de crecimiento y los niveles de producción de GK hasta las 20 h post-inducción. Los resultados mostraron que todas las nuevas mutaciones mejoraron la producción de GK a lo largo del tiempo, destacándose la combinación T7_{CONS}+TIR2 como la de mayor expresión. Se observaron diferencias significativas entre las variantes, especialmente en los tiempos cortos de inducción. A tiempos más prolongados (8 h), cuando se acumula una mayor cantidad de proteína, la combinación T7_{CONS}+TIR2 alcanzó hasta un 65% más de proteína total respecto con la versión RBS2. Las curvas de crecimiento fueron similares entre todas las variantes, indicando que las modificaciones mejoran la productividad celular sin afectar el crecimiento. Se observó además que las variantes conteniendo la mutación T7_{CONS} presentan una expresión basal aumentada (de hasta 5 veces), un efecto no reportado previa y posiblemente asociado a la proximidad de la mutación con el operador lac. En cuanto

al análisis de solubilidad de GK, a 20 h no se observaron diferencias significativas en la proporción de proteína soluble e insoluble entre la variante RBS2 y las nuevas, aunque en T7_{CONS}+TIR2 se evidenció una acumulación más temprana de cuerpos de inclusión probablemente ligada a una mayor producción de proteína a todos los tiempos. En conjunto, nuestros resultados demuestran que la ingeniería racional de elementos reguladores transcripcionales y traduccionales en vectores de expresión permite mejorar significativamente la productividad de GK en E. coli, y aporta conocimiento útil para el diseño de sistemas más eficientes de producción de proteínas recombinantes.

PROTEÍNAS RECOMBINANTES, SISTEMAS DE EXPRESIÓN, INGENIERÍA DE VECTORES, MUTAGÉNESIS, DIAGNÓSTICO ENZIMÁTICO.

25/B

OBTENCIÓN DE COLÁGENO HIDROLIZADO A PARTIR DE UN RESIDUO INDUSTRIAL

GUGOU, MAIRAN^a; ANSELM, STEFANO^a; MARMISOLLE, CAROLINA^a; SAAVEDRA, FLORENCIA^a; GONZÁLEZ, LUCÍA^a; FERREIRA, EVELYN^a

a) Facultad de Ingeniería, Universidad de la República. Montevideo, Uruguay.

mguigou@fing.edu.uy

En estos últimos años, el cuero pelado ovino carece de interés por parte de los acopiadores uruguayos, debido a los altos costos de preparación del cuero para su almacenamiento y costos de fletes. A su vez, su desecho está complicando a la industria frigorífica ya que para poder ser enterrado deben tener la autorización y supervisión de la Dirección de Medio Ambiente. El objetivo global del presente trabajo fue utilizar ese cuero ovino para valo-

rizarlo produciendo colágeno hidrolizado. El colágeno es altamente demandado en la actualidad por la industria farmacéutica, alimenticia y cosmética. El colágeno constituye alrededor del 25% del total de proteínas de los mamíferos, siendo una proteína insoluble por su alto peso molecular. Tiene diferentes orígenes, siendo el componente principal de la piel, huesos y tendones de vacas, cerdos, conejos, y peces. El cuero ovino representa una fuente alternativa confiable y segura para la producción de colágeno hidrolizado, siendo posible la trazabilidad durante toda su producción. Este biopolímero consiste en tres cadenas peptídicas de unos 1000 aminoácidos cada una con forma helicoidal que se combinan para formar una hélice de triple hebra, estabilizada mediante puentes de hidrógeno. Para obtener el colágeno hidrolizado se realiza primero un pretratamiento con ácido diluido seguido de una hidrólisis enzimática. De esta manera resulta un colágeno hidrolizado con un tamaño de entre 500 y 2500 Da. En este trabajo se estudiaron las condiciones de optimización de la hidrólisis enzimática mediante un diseño experimental tipo Box Behnken con 5 puntos centrales con dos niveles, analizando pH, temperatura y dosis enzimática. Los ensayos de hidrólisis enzimática se realizaron en matraces de Erlenmeyer de 500 mL, utilizando una enzima comercial Sigma Aldrich, cuya actividad fue de 1310 ± 80 UI/mg. Se alcanzaron eficiencias de hidrólisis de hasta 85%. La mejor condición de hidrólisis obtenida fue para un pH de 2.2, temperatura de 52°C y dosis de enzima en el entorno de las 30000 UI/g sólido.

COLÁGENO HIDROLIZADO, CUERO, COLAGENASA, RESIDUO

26/B

IMPACTO DEL ACETATO EN LA FERMENTACIÓN DE GLUCOSA Y XILOSA POR LE-

VADURAS EMPLEADAS EN BIOETANOL 2G

LEONARDI, RODRIGO J.^a; MEDEOT, MATÍAS^b;
MORELLI, MATÍAS^{a,b}; COMELLI, RAÚL N.^a

a) Grupo de Procesos Biológicos en Ingeniería Ambiental (GPBIA), Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas (FICH), Universidad Nacional del Litoral (UNL), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Santa Fe, Argentina
b) Grupo de Ingeniería de Bioprocesos (GiiB), Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas (FBCB), Universidad Nacional del Litoral (UNL), Santa Fe, Argentina

rodrigoleonardi8950@gmail.com

La biomasa lignocelulósica (BLC) es el recurso renovable más abundante a nivel mundial y constituye una materia prima prometedora para la obtención de productos de valor agregado, como los biocombustibles líquidos de segunda generación (2G), destacándose el bioetanol. Sus principales componentes poliméricos (celulosa, hemicelulosa y lignina) se organizan en una matriz compleja que protege a la celulosa, dificultando su conversión en azúcares fermentables. Para liberar hexosas (mayoritariamente glucosa) y pentosas (como xilosa y arabinosa), se requiere un acondicionamiento previo de la biomasa, mediante métodos como hidrólisis ácida o alcalina, auto-hidrólisis o explosión por vapor. Durante este acondicionamiento, se liberan grupos acetilo presentes en la hemicelulosa, generando acetato, un inhibidor conocido de la fermentación alcohólica. Su concentración en los hidrolizados depende del tipo de tratamiento aplicado, así como de la composición y carga del material. En ensayos previos realizados por nuestro grupo con hidrolizados ácidos de cascarilla de soja, se observó un retardo o inhibición significativa de la fermentación de xilosa por cepas no convencionales, a pesar de las bajas concentraciones de furfural y HMF. En cambio, se detectó una liberación completa de los grupos acetilo, lo que motivó estudiar el rol específico

del acetato. Este trabajo evaluó el efecto de diferentes concentraciones iniciales de acetato (0 a 10 g/L, según la cepa) sobre la fermentación de glucosa, xilosa y sus mezclas, en medios sintéticos líquidos. Se analizaron tres levaduras: *Saccharomyces bayanus* (fermentadora de hexosas), *S. cerevisiae* TMB3400 (cepa recombinante capaz de fermentar xilosa) y *Spathaspora passalidarum* NRRL Y-27907 (no convencional, fermentadora de xilosa). Las cepas de *Saccharomyces* fueron seleccionadas por su reconocida mayor tolerancia a inhibidores, mediante mecanismos de detoxificación. Las fermentaciones se realizaron en forma batch empleando medios sintéticos líquidos, cuantificándose la evolución temporal de azúcares, etanol y biomasa. Se observó que en algunos casos el acetato afecta tanto la cinética como la estequiometría del proceso: retrasa el inicio del consumo de azúcares (fase lag prolongada), reduce los rendimientos de biomasa y de etanol, y sus efectos se intensifican con la concentración. La capacidad de remoción de acetato fue reducida o nula en todas las combinaciones de cepas y azúcares evaluadas. Comprender el impacto del acetato resulta crucial para optimizar la co-fermentación de hexosas y pentosas en la producción de etanol 2G, especialmente al emplear combinaciones de levaduras con distintas capacidades metabólicas y tolerancias inhibitorias.

BIOMASA LIGNOCELULÓSICA; BIOETANOL DE SEGUNDA GENERACIÓN; INHIBIDORES DE FERMENTACIÓN; ACETATO

27/B

CONTROL DE BACTERIAS LÁCTICAS EN LA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL CON MONENSINA Y EXTRACTO DE PROSOPIS RUSCIFOLIA

MALDONADO, GUILLERMO E.^a; KRISTOF, IRINA^b; SAMPIETRO, DIEGO^c; AREDES FERNANDEZ, PEDRO^b

a) Instituto de Biotecnología, Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

b) Centro Científico Tecnológico (CCT) NOA Sur, Tucumán-CONICET, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

c) Laboratorio de Biología de Agentes Bioactivos y Fitopatógenos (LABIFITO), Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

maldonadoguillermo@live.com

Tucumán desempeña un rol estratégico en la producción de bioetanol en Argentina. Sin embargo, la contaminación por bacterias ácido-lácticas, particularmente del género *Lactobacillus*, compromete la eficiencia del proceso fermentativo y reduce los rendimientos. Aunque el uso de antibióticos como la monensina ha sido una estrategia común para su control, su aplicación prolongada genera riesgos asociados a la generación de resistencias y al impacto ambiental. En estudios previos demostramos que es posible reducir la dosis de monensina potenciando su efecto con extractos etanólicos de vinal (*Prosopis ruscifolia*). En este trabajo evaluamos la eficacia de esta combinación para inhibir bacterias lácticas durante el proceso de producción de bioetanol. Se fermentó un mosto compuesto por jugo de caña y melaza (20 % de azúcares reductores totales, pH 5,5), inoculado con *Saccharomyces cerevisiae* CAT-1 (10 % de crema de levadura), sin agitación, a 30 °C durante 24 horas, simulando condiciones industriales. Se evaluaron tres condiciones experimentales: (i) control de fermentación (solo levadura), (ii) control contaminado (levadura + *Lactiplantibacillus plantarum* ETAC 72, $5,5 \times 10^5$ UFC/mL) y (iii) fermentaciones contaminadas tratadas con combinaciones de monensina (MO) y extracto etanólico de *Prosopis ruscifolia* (PR): 0,5× CIM de MO + 2× CIM de PR, y 0,5× CIM de

MO + 4× CIM de PR. Finalizada la fermentación, se analizaron los azúcares residuales, acidez del mosto, concentración de etanol, eficiencia fermentativa, viabilidad y porcentaje de brotación de levaduras, y viabilidad bacteriana. Los tratamientos combinados mostraron consumos de azúcares y niveles de etanol similares al control no contaminado, alcanzando una eficiencia fermentativa práctica del 82 %, frente al 61 % del control contaminado. La acidez del mosto fermentado también se redujo significativamente (de 4,3 a 2,3 g H₂SO₄/L), lo que sugiere una inhibición de la síntesis de ácido láctico. No obstante, la viabilidad bacteriana no se vio comprometida, indicando un efecto principalmente bacteriostático. En cuanto a la levadura, su viabilidad se redujo levemente, pero el porcentaje de brotación aumentó considerablemente (10 % en el control vs. 21 % en los tratamientos). Estos resultados sugieren que la combinación de monensina con extracto de *P. ruscifolia* ejerce una presión selectiva comparable a la del ácido sulfúrico utilizado en el pretratamiento industrial de la levadura, favoreciendo la selección de cepas más robustas. En conclusión, esta estrategia combinada mejora la eficiencia fermentativa y, en consecuencia, la producción de bioetanol, constituyendo una alternativa eficaz para el control de la contaminación bacteriana en procesos continuos con recirculación de levaduras, característicos de las destilerías de la región.

FERMENTACIÓN, BIOETANOL, CONTAMINACIÓN, EXTRACTOS VEGETALES

29/B

OPTIMIZACIÓN Y ESCALADO DEL PROCESO DE PRODUCCIÓN DE LA PROTEÍMA RECOMBINANTE RP26 DEL

KIT INCUINTA IDGA rP26 ANEMIA INFECCIOSA EQUINA

PEREYRA, CRISTIAN R.^{a,b}; OLIVERA, GERMÁN G.^{a,b}; CUATTRINI, AIRTON M.^a; FRANCO CONTRERA, VANESA V.^a; BOK, MARINA^a; MALITO, JUAN P.^a

a) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), InculNTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

b) Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

pereyra.cristianr@inta.gob.ar

La anemia infecciosa equina (AIE) es una enfermedad viral de notificación obligatoria que afecta significativamente la salud y el rendimiento de los equinos. En respuesta a la necesidad de diagnósticos accesibles y confiables, el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), a través de su plataforma INCUINTA, desarrolló el kit IDGA rP26, basado en la técnica de inmunodifusión en gel de agar (IDGA) y utilizando como antígeno la proteína recombinante rP26 del virus de la AIE. Este kit, validado y comercializado desde 2011, ha permitido sustituir importaciones asegurando el suministro continuo a laboratorios de diagnóstico en Argentina.

El presente trabajo describe la optimización y el escalado del proceso de producción de rP26 en *Escherichia coli* BL21. Inicialmente, se diseñó un experimento en cultivos en erlenmeyer, evaluando distintas condiciones de inducción (IPTG vs. lactosa), temperaturas y tiempos de incubación. La inducción con lactosa demostró ser efectiva y más económica, con rendimientos comparables a los obtenidos con IPTG y una adecuada reactividad en IDGA.

Basándose en los resultados obtenidos a escala laboratorio, se procedió al escalado del proceso en un Biorreactor Biostat D DCU (Sartorius). Se utilizó un volumen inicial de 24 litros de medio LB suplementado

con antibióticos, inoculado con 1 litro de cultivo en fase exponencial de crecimiento. La fase de inducción se realizó mediante la adición de 4 litros de solución de lactosa disuelta en medio TB con sales, alcanzando un volumen final de cultivo de 30 litros. La concentración final de lactosa durante la inducción fue de 27 g/L, aplicada mediante estrategia de alimentación continua. La ruptura celular se realizó mediante homogeneización a alta presión en el equipo Panda Plus 2000 (GEA), operando entre 1000–1200 bar durante 8 pasadas. La clarificación inicial del lisado se efectuó mediante filtración tangencial con el sistema SartoJet Pump (Sartorius), empleando un cassette de 0,2 µm. Posteriormente, la fracción fue concentrada por filtración tangencial en el sistema SartoFlow Smart (Sartorius) utilizando un cassette de 10 kDa de corte, lo que permitió la retención eficiente de la proteína recombinante rP26. Finalmente, la purificación se realizó mediante cromatografía de afinidad por IMAC en el sistema ÄKTA Pilot (Cytiva), utilizando una columna XK 26/40 cargada con resina Ni-Sepharose Fast Flow 6.

Las fracciones purificadas fueron caracterizadas por SDS-PAGE y evaluadas funcionalmente mediante IDGA, mostrando una pureza adecuada y una señal positiva consistente. El rendimiento total estimado superó los 50 mg de proteína purificada por fracción cromatográfica, cumpliendo con los estándares requeridos para su uso en kits diagnósticos.

Este proceso optimizado y escalado permite la producción eficiente y reproducible de la proteína rP26, asegurando el abastecimiento continuo del antígeno para los kits IDGA rP26. La implementación de este proceso contribuye significativamente al fortalecimiento de las capacidades nacionales en el diagnóstico de la AIE, reduciendo la dependencia de insumos importados y mejorando la respuesta ante brotes de la enfermedad.

ANEMIA INFECCIOSA EQUINA, IDGA, PROTEÍNA RECOMBINANTE RP26, KIT DIAGNÓSTICO, BIOPROCESOS.

AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS ACÉTICAS CON POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO A PARTIR DE VINOS Y VINAGRES ARTESANALES

STIVALA, MARÍA G.^{a,b}; BRITO, GASTÓN J.^a; APUD, GISELLE R.^a; AREDES FERNANDEZ, PEDRO^b

a) Facultad de Bioquímica, Química y Farmacia, Universidad Nacional de Tucumán (UNT), Tucumán, Argentina

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Centro Científico Tecnológico (CCT) NOA Sur, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

Las bacterias del ácido acético (BAA) son reconocidas por su capacidad para oxidar etanol a ácido acético, proceso clave en la elaboración de vinagre. Géneros como *Acetobacter*, *Gluconobacter* y *Komagataeibacter* se destacan por su tolerancia a condiciones extremas de acidez y etanol, lo que las convierte en candidatas promisorias para procesos fermentativos controlados. Este trabajo tuvo como objetivo aislar, seleccionar e identificar cepas autóctonas de BAA a partir de un vinagre artesanal y de un vino deteriorado, ambos elaborados en la región. Las muestras fueron inoculadas en tres caldos de enriquecimiento (I, II y III) e incubadas a 30 ± 1 °C durante 72 horas. Posteriormente, se sembraron en agar GEY-CaCO₃ y se incubaron durante 10 días. Las colonias con morfología característica fueron seleccionadas y caracterizadas fenotípicamente (morfología celular y prueba de catalasa). La identificación molecular se realizó mediante amplificación y secuenciación del gen 16S ARNr. La diversidad genética se evaluó por análisis RAPD-PCR y se seleccionaron cinco aislamientos representativos para su secuenciación e identificación específica.

El cribado funcional incluyó la evaluación de la producción de ácido acético (AA) y la velocidad de acetificación (VA), cultivando los aislados en caldo RAE con etanol (6 % v/v) y ácido acético (0,5 % p/v), incubados a 30 ± 1 °C durante 72 horas con agitación. La concentración de AA se determinó por titulación, y la VA se estimó en función del incremento de acidez total. También se midió la capacidad acidificante mediante el índice de potencia (PI), calculado a partir del halo de disolución del carbonato en medio GYC-CaCO₃. Se aislaron 20 cepas a partir del vinagre (BAA1) y 18 del vino deteriorado (BAA2). Mediante análisis RAPD-PCR se seleccionaron cinco aislamientos representativos para su secuenciación, identificándose tres especies en BAA1 (*K. rhaeticus*, *K. europaeus*, *G. oxydans*) y una en BAA2 (*G. frateurii*). Las concentraciones de AA obtenidas oscilaron entre 6 y 26 g/L para BAA1, y 9 g/L para BAA2, destacándose *G. oxydans* y *G. frateurii* por su mayor rendimiento y velocidad de acetificación. Estas cepas también presentaron mayores índices de potencia, lo que indica una elevada capacidad acidogénica. Este estudio constituye el primer reporte del aislamiento e identificación de bacterias acéticas autóctonas a partir de productos fermentados regionales. Las cepas seleccionadas, en especial *Gluconobacter oxydans* y *G. frateurii*, demostraron un alto rendimiento y velocidad de acetificación, lo que evidencia su adaptación al entorno local y su valor potencial como cultivos iniciadores en la producción de vinagres artesanales. La utilización de estas cepas nativas favorecería procesos fermentativos más eficientes, sostenibles y de mayor valor agregado a pequeña escala, fortaleciendo la identidad productiva regional y reduciendo la dependencia de cultivos comerciales exógenos.

VINAGRE, VINO, BACTERIAS DEL ÁCIDO ACÉTICO

OPTIMIZACIÓN DE LA EXPRESIÓN DE UNA PROTEÍNA QUIMÉRICA EN SALMONELLA DUBLIN PARA VACUNAS RECOMBINANTES CONTRA DIARREA NEONATAL BOVINA

PEREYRA, Cristian R.^{a,b}; RAMIREZ, Hernán^c; FERLETIC FERNANDEZ, María de los Ángeles^a; LARZABAL, Mariano^d; VILTE, Daniel A.^e; CATALDI, Ángel A.^d; MALITO, Juan P.^a

a) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), InculNTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

b) Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

c) Bioinnovo S.A., Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

d) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

e) Instituto de Patología Veterinaria (IPVET), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

pereyra.cristianr@inta.gob.ar

Las enfermedades entéricas como la diarrea neonatal bovina (NCD) y la colonización por *Escherichia coli* enterohemorrágica (EHEC) O157:H7 representan un desafío sanitario y económico para la producción ganadera. La vacunación bovina se postula como una estrategia efectiva para mitigar estas patologías y, en el caso de EHEC, también reducir su transmisión zoonótica (Matthews et al. 2013). Las proteínas EspB e Intimina de EHEC O157:H7 son capaces de generar una respuesta inmune capaz de reducir su excreción en terneros (Vilte et al. 2011; Martorelli et al. 2018). Sin embargo, el desarrollo y uso de

una vacuna a subunidades recombinantes exclusiva contra EHEC en bovinos resulta económicamente inviable para los productores, dado que la colonización por esta bacteria en los animales es asintomática y no genera pérdidas productivas directas. En este contexto, se desarrolló una proteína quimérica con potencial inmunógeno, conformada por EspB y la fracción C-terminal de Intimina (Int280y) del sistema de secreción tipo III de EHEC, anclada a la membrana externa de cepas recombinantes de *Salmonella* Dublin. Esta estrategia innovadora forma parte de una formulación vacunal multivalente que permite que un mismo biológico proteja al animal contra agentes que impactan su salud y desempeño y simultáneamente reduzca la excreción de EHEC al ambiente, alineándose con el enfoque de Una Salud sin modificar el costo del producto en relación con las vacunas convencionales actualmente disponibles (Ramírez et al., 2025).

Este trabajo describe la optimización del proceso de expresión de dicha proteína en *Salmonella* Dublin 98/67, mediante un diseño experimental en cultivos en erlenmeyer. Se evaluaron cinco condiciones de inducción variando el tipo de inductor (IPTG 0,5 mM vs. lactosa 12 g/L), el momento de inducción ($OD_{600} < 0,6$; $= 0,6$; $> 0,6$), y el tipo de recipiente (convencional vs. con deflectores). Se monitoreó la densidad óptica a 600 nm en distintos tiempos post-inoculación y se calcularon las unidades formadoras de colonias (UFC/mL) mediante estriados en placas, observando conteos del orden de 1010 UFC/mL en condiciones óptimas.

La expresión de la proteína quimérica fue confirmada mediante análisis de Western blot, empleando un anticuerpo dirigido contra la secuencia His-tag incorporada en el extremo C-terminal de la proteína. El resultado permitió seleccionar la condición más eficiente: inducción con lactosa 12 g/L a $OD_{600} = 0,6$, mediante alimentación continua durante 4 h. Esta condición fue propuesta para escalado futuro en fermentador de 30 L, manteniendo la viabilidad celular y la integridad antigénica.

Los resultados obtenidos constituyen una base robusta para el escalado controlado de esta cepa recombinante, en vistas a su incorporación en vacunas bacterianas inactivadas para bovinos. Este enfoque podría contribuir a mejorar la protección frente a NCD y reducir la carga zoonótica de EHEC en el ganado, con impacto positivo en la salud animal y pública.

DIARREA NEONATAL BOVINA, SALMONELLA DUBLIN, PROTEÍNA QUIMÉRICA, VACUNA RECOMBINANTE, BIOPROCESOS.

32/B

CELISE: UN PROYECTO PARA LA VALORIZACIÓN DE BIOMASAS A BASE DE CELULOSA PARA NUEVOS PROCESOS Y PRODUCTOS

COMELLI, RAÚL N.^a; LEONARDI, RODRIGO J.^a; KHAWAM, JORGE^a; PSOCHIA, ELENI^b; WRONKA, ANITA^c; KOWALUK, GRZEGORZ^c; LLANO, TAMARA^d; RUIZ, GEMA^d; FERRERAS, JOSEFA^d; COZ, ALBERTO^e

a) Grupo de Procesos Biológicos en Ingeniería Ambiental (GPBIA), Facultad de Ingeniería y Ciencias Hídricas (FICH), Universidad Nacional del Litoral (UNL), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Santa Fe, Argentina

b) Laboratory of Chemical and Environmental Technology, Department of Chemistry, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

c) Institute of Wood Sciences and Furniture, Warsaw University of Life Sciences, Warsaw, Poland

d) Green Engineering And Resources, Departamento de Química e Ingeniería de Procesos y Recursos, E.T.S. de Ingenieros Industriales y de Telecomunicación, Universidad de Cantabria, Santander, España

e) Green Engineering And Resources, Departamento de Química e Ingeniería de Procesos y Recursos, E.T.S. de Náutica, Universidad de Can-

tabria, Santander, España

rcomelli@fich.unl.edu.ar

El proyecto CELISE (Sustainable production of Cellulose-based products and additives to be used in SMEs and rural areas, <https://celise.unican.es/>) es financiado por el Programa de Investigación e Innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea (código UE-H2020-MSCA-RISE-2020), en el marco del acuerdo Marie Skłodowska-Curie (N.º 101007733). Sus objetivos principales son: (1) establecer un consorcio multinacional entre instituciones académicas europeas, la industria y equipos de investigación en países terceros, con el fin de intercambiar conocimientos y experiencias sobre materiales basados en celulosa; (2) diseñar y desarrollar, en pequeñas y medianas empresas (PyMEs) y en áreas rurales de Europa y Latinoamérica, nuevos productos y procesos a partir del aprovechamiento de residuos de biomasa y aditivos naturales; (3) incrementar el uso de bioenergías en dichos procesos; y (4) abordar el desarrollo de estos productos desde una perspectiva integral, considerando aspectos sociales, ambientales, tecnológicos y económicos. En una primera etapa del proyecto, se caracterizaron residuos lignocelulósicos de diversa procedencia, naturaleza y composición química estructural (contenido de celulosa, hemicelulosa y lignina), con el objetivo de evaluar su potencial para la producción de etanol de segunda generación (2G) mediante distintas estrategias de fermentación microbiana, empleando levaduras convencionales y no convencionales. Entre los residuos analizados se incluyen: cascarilla de soja (Argentina), bagazo de cervecía artesanal (España) e industrial (Argentina), residuos de poda de olivo y álamo (Grecia), materiales provenientes de paneles de madera con diferentes ciclos de reciclado (Polonia), y cola de zorro (Cortaderia selloana) de España y Argentina, entre otros. La metodología de acondicionamiento y caracterización estructural de las biomásas se basó en los protocolos estándares establecidos por el National Renewable Energy Labo-

ratory (NREL). En una segunda instancia, se evaluó el pretratamiento termoquímico de las biomásas mediante ácido sulfúrico diluido, analizando el impacto de distintas condiciones operativas (temperatura, concentración de ácido, carga de sólidos inicial y tiempo de reacción). Para ello, se emplearon herramientas de diseño experimental y ensayos cinéticos, cuantificando la solubilización de compuestos derivados de la biomasa a lo largo del tiempo. Se seleccionaron condiciones operativas que permitieran maximizar la solubilización de hemicelulosa, incrementar la velocidad de hidrólisis enzimática de la celulosa y minimizar la formación de inhibidores de la fermentación, tales como acetato, furfural y HMF. Finalmente, se evaluó la producción de etanol a partir de los hidrolizados ácidos, utilizando diversas cepas de levaduras y estrategias fermentativas. Entre las levaduras ensayadas se encuentran *Saccharomyces cerevisiae* var. *Ethanol Red*, *S. bayanus*, *S. cerevisiae* TMB3400 (cepa recombinante fermentadora de pentosas), *Kluyveromyces marxianus*, *Spathaspora passalidarum* y *Scheffersomyces stipitis*.

BIOMASAS LIGNOCELULÓSICAS, ECONOMÍA CIRCULAR, ETANOL DE SEGUNDA GENERACIÓN, PRETRATAMIENTO TERMOQUÍMICO, LEVADURAS NO CONVENCIONALES

33/B

ENZIMAS PARA LA PRODUCCIÓN DE FÁRMACOS: SÍNTESIS FOTO-QUIMIO-ENZIMÁTICA DE FENITOÍNA

POLITANO, FABRIZIO^a; ROSSI, NICOLÁS^a; LOPEZ VIDAL, MARTÍN G.^a; OKSDATH MANSILLA, GABRIELA^a; BISOGNO, FABRICIO R.^a

a) INFIQC-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

fpolitano@unc.edu.ar

Una de las maneras de facilitar el acceso a herramientas biocatalíticas para la industria farmacéutica y de química fina de cara a “la quinta ola de la biocatálisis” es, entre otras cosas, profundizar el estudio de sistemas quimio- y bio- catalíticos combinados. Poder compatibilizar estas herramientas le provee a la industria de herramientas robustas y sustentables para la producción de compuestos de alto valor agregado. La fenitoína (difenilhidantoína) es un fármaco anticonvulsivo ampliamente recetado y clasificado como medicamento esencial por la Organización Mundial de la Salud (OMS). La síntesis del mismo puede involucrar un paso de oxidación de hidrobenczoína para formar bencilo. En los métodos clásicos disponibles para la oxidación de hidrobenczoína, se utilizan sales de cromo (VI), contaminantes altamente tóxicos para el medio ambiente, o sales de permanganato, que son altamente oxidantes y poco selectivas. En cambio, el uso de reacciones biocatalíticas aplicadas a procesos oxidativos, es una gran herramienta sintética, especialmente debido a las condiciones suaves y amigables con el medio ambiente y las altas selectividades que presenta esta técnica. Las enzimas lacasas son oxidasas presentes en hongos, plantas y bacterias. Mientras que la mayoría de ellas trabajan en agua como medio natural, también son tolerantes a la presencia de co-solventes orgánicos. Estas enzimas pueden oxidar varios sustratos usando O_2 y liberando H_2O , convirtiéndolas en herramientas oxidativas muy interesantes desde una perspectiva de química verde. Dentro de estos sustratos, los radicales nitroxilos, como TEMPO y sus derivados, son mediadores muy interesantes para llevar a cabo oxidaciones quimioenzimáticas en condiciones de reacción suaves. En este sistema catalítico lacasa/TEMPO, la especie responsables de oxidar sustratos alcohólicos a carbonilos es el ion oxoamonio, que se origina de la oxidación de nitroxilo en las lacasas. Haciendo uso de esta valiosa herramienta, diseñamos una vía de síntesis y luego llevamos adelante la producción de fenitoína combinando tres

etapas: un acople pinacólico activado por luz para producir hidrogenoína, una oxidación quimioenzimática con lacasas para producir bencilo, y una condensación con urea para producir el producto final, fenitoína. Todas estas etapas se llevan a cabo en condiciones suaves y en solventes amigables con el medioambiente; se evita el uso de intermediarios y reactantes tóxicos, como sales de cromo o sales de cianuro; se parte de productos químicos básicos y económicos (commodities) tales como benzaldehído y urea; y muchas de las condiciones de reacción exploradas fueron llevadas a cabo empleando tecnología de flujo continuo y pensadas en la compatibilización de las etapas de reacción a fin de reducir etapas de purificación.

LACASAS, TEMPO, FENITOÍNA, OXIDACIONES, SÍNTESIS

34/B

VALORIZACIÓN INTEGRAL DE DESCARTES DE TUBÉRCULOS PARA LA OBTENCIÓN DE ACEITE DE MICROALGAS RICO EN OMEGA-3 EMPLEADO COMO ADITIVO ALIMENTICIO

RUSSO, MATEO L.^a; SANCHEZ, ESTEBAN A.^{a,b}; VALLEJO ORREGO, ALEJANDRO^{a,b}; STASSI, JULIETA P.^{a,b}; TORRESI, PABLO A.^{a,b}; MANUALE, DÉBORA L.^{a,b}

a) Programa de Valorización, Desarrollo y Escalado de Procesos Agroindustriales - PROVADE (FIQ-UNL), Ruta Nacional 168 Km 0 (S3000), Santa Fe, Argentina.

b) Instituto de Investigaciones en Catálisis y Petroquímica - INCAPE (FIQ-UNL, CONICET), Ruta Nacional 168 Km 0 (S3000), Santa Fe, Argentina

mateo.russo097@gmail.com

La actividad frutihortícola en las regiones productivas del país genera residuos orgánicos. Las plantas de lavado y empaquetado y mercados abastecedores generan más de 35% de descartes, por no cumplir estándares comerciales de tamaño, forma y calidad. El traslado y disposición final de descartes en rellenos sanitarios ocasiona grandes pérdidas económicas, y la falta de tecnologías para revalorizar los desechos agrava la problemática social y ambiental. El objetivo del trabajo fue estudiar descartes regionales de tubérculos para obtener productos de valor agregado, obteniendo mezclas de azúcares por hidrólisis de las féculas para formular medios de cultivo para crecimiento de una microalga productora de aceite rico en omega-3 (ω -3). Los tubérculos se procesaron separando jugo de bagazo. En jugos se analizó contenido de metales por ICP-OES, centrifugando a 3500 rpm para separar féculas, luego secadas en estufa a 60 °C. Se realizó ruptura de féculas por hidrólisis con enzimas comerciales para generar azúcares simples. Se estudió la influencia de la concentración enzima (C_{ENZ}) con parámetros optimizados (temperatura, pH y tiempo). Se determinaron azúcares reductores (AR) por ensayo colorimétrico a 60 °C con Reactivo de Fehling. Alícuotas de cada ensayo fueron ultracentrifugadas a 10000 rpm y filtradas a 0,2 μ m para HPLC. En cultivos de *Aurantiochytrium* sp. se utilizó un medio base AS100 modificado con NaCl₂ y peptona, preparando medios con glucosa (MG) y azúcares post-hidrólisis de batata (MB) como fuente de C. Los medios fueron ensayados a 150 rpm y 28±2 °C por 96 h. La concentración de biomasa se obtuvo por recuento en cámara de Neubauer. Las microalgas fueron lisadas a 25 °C y los lípidos extraídos con n-hexano por destilación con vacío a 55 °C. Los ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) se cuantificaron por Cromatografía Gaseosa. La calidad del aceite rico en ω -3 se analizó por índice de peróxidos (IP) y acidez (IA), y contenido de metales por ICP-OES. Los valores de macronutrientes y oligoelementos (ICP-OES) fueron inferiores a valores reportados en

normativas de Estados Unidos y Argentina, excepto para K (todos), P (papa) y Mn (batata). Los jugos presentan metales tóxicos por debajo del límite de detección (0,01 ppm). La concentración glucosa (C_{GLU}) fue menor a 7 g L^{-1} a las C_{ENZ} ensayadas, y apenas superior con batata, con moderada concentración de AR. Las mezclas de azúcares post-hidrólisis mostraron altos valores de monosacáridos (89 %p/p), menor de disacáridos (9 %p/p) y baja de trisacáridos, dextrinas y otros compuestos (adecuadas condiciones de hidrólisis). Las concentraciones celulares y velocidades específicas de crecimiento μ ($0,75 \text{ h}^{-1}$) fueron similares para MG y MB. Tras 24 h, los cultivos entran en fase estacionaria, generando aceite rico en ω -3. La biomasa (DCW) para ambos cultivos superó valores de bibliografía. La producción de ácidos grasos ω -3 con MB fue 1 g L^{-1} inferior que MG, indicando que *Aurantiochytrium* sp. emplea azúcares de batata, aumentando la producción de EPA, DPA y DHA. Las técnicas IP e IA mostraron que el aceite rico en ω -3 cumple los límites definidos por la Unión Europea para aceite de algas.

TUBÉRCULOS, HIDRÓLISIS ENZIMÁTICA, MEDIO DE CULTIVO, AURANTIOCHYTRIUM SP., ACEITE RICO EN OMEGA-3.

35/B

READAPTACIÓN DE PROTEÍNAS DE TRANSPORTE PARA LA PRODUCCIÓN DE FÁRMACOS DE VALOR AGREGADO: EL CASO DE LA ALBÚMINA SÉRICA HUMANA (HSA)

POLITANO, FABRIZIO^a; CAVALLERO, FLORENCIA L.^b; PEDANO, PABLO C.^c; BISOGNO, FABRIZIO R.^a; OKSDATH MANSILLA, GABRIELA^a

a) INFIQC-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional

de Córdoba, Córdoba, Argentina.
b) Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

c) Departamento de Procesos Cromatográficos, Área de Producción, Laboratorio de Hemoderivados, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

fpolitano@unc.edu.ar

La industria farmacéutica se encuentra en la constante búsqueda de metodologías de síntesis más seguras, económicas y sustentables. Una de las maneras de contribuir con estos objetivos es mediante la exploración de nuevas aplicaciones para proteínas naturalmente diseñadas con otras funciones. Tal es el caso de las albúminas, proteínas globulares con funciones principalmente de transporte. Particularmente, la albúmina sérica humana (HSA) compone aproximadamente el 50% del total de proteínas en el suero humano. En los últimos años, la HSA ha captado mucha atención debido a su biocompatibilidad, facilidad de purificación y solubilidad en agua, convirtiéndola en una excelente candidata para diversas aplicaciones biomédicas. Debido a su alta demanda, el mercado internacional de HSA fue valuado en 5395 millones de dólares en 2021 y se proyecta que alcance los 9192 millones para el 2030. Sin embargo, cuando no se cumplen las condiciones de almacenamiento o expira su fecha de caducidad, la HSA se convierte en un residuo biológico, cuyo tratamiento y disposición representa una problemática en términos económicos y no es trivial. Considerando resultados recientes reportados para otras albúminas, resulta atractivo explorar nuevas posibilidades de aplicación de la HSA para llevar a cabo reacciones químicas de interés.

En nuestra ciudad se encuentra el Laboratorio de Hemoderivados de la Universidad Nacional de Córdoba, que cuenta con la planta fraccionadora de plasma más grande y moderna de América Latina, donde se produce HSA desde 1974. Esta condición particular y todo lo anteriormente expues-

to, nos llevó a explorar la optimización de la reacción nitroaldólica (reacción de Henry) catalizada por HSA. La misma consiste en la condensación entre benzaldehídos y nitrometano, para formar mayoritariamente nitroalcoholes o nitroestirenos. Estos últimos, son intermediarios de compuestos de interés, tales como ciclobutanos (presente en numerosos compuestos naturales) o, más puntalmente, Sacubitrilo, un inhibidor de la neprilisina desarrollado por los laboratorios Novartis, que en conjunto con Valsartán se comercializan para el tratamiento de insuficiencias cardíacas. En este trabajo se presentan nuestros últimos avances en la exploración, desarrollo y optimización de la reacción de Henry catalizada por HSA utilizando únicamente agua como solvente. Además, se presentan los resultados más recientes de la utilización de los nitroestirenos obtenidos para la formación de ciclobutanos mediante la utilización de un equipo de dinámica de fluido en vórtice (VFD) fotoquímico, con el que contamos en nuestro laboratorio.

ALBÚMINA, SÍNTESIS, HSA, HENRY, NITROESTIRENOS

36/B

PRODUCCIÓN DE ESTATINAS POR FERMENTACIÓN EN SUSTRATO SÓLIDO (FSS) CON HONGOS DE LAS YUNGAS TUCUMANAS Y SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES

VEGA GORDILO, AELIA S.^a; FARIÑA, JULIA I.^a; DELGADO, OSVALDO D.^{b,c}

Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET, Av. Belgrano y Pje Caseros, T4001MVB, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.

Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca (FACEN-UNCa), Catamarca, Argentina

aeliavga@gmail.com

Las estatinas de tipo I, metabolitos secundarios fúngicos de reconocido interés biotecnológico, exhiben un potente efecto hipocolesterolémico y pleiotrópico. Si bien su eficacia en la reducción de lípidos séricos está ampliamente establecida, estudios clínicos recientes destacan su impacto terapéutico en diversas patologías, independientemente de su acción hipolipemiante. La creciente demanda de estos compuestos ha impulsado la optimización de procesos biotecnológicos para maximizar el rendimiento y la eficiencia de producción. Como ha sido ya fundamentado en diversos trabajos, la biosíntesis de estatinas es intrínsecamente dependiente de la cepa fúngica y está influenciada por factores nutricionales y condiciones de cultivo. Así, en este trabajo se investigó la viabilidad de su producción mediante fermentación en sustrato sólido (FSS) con hongos filamentosos nativos aislados de Las Yungas tucumanas, y empleando subproductos agroindustriales de bajo costo (suero de queso, SQ, y harina de soja desgrasada texturizada, HSDT) como sustratos. En ensayos precedentes (screening en placa con medio HSDP+LPop® extracción® TLC), se seleccionaron 33 aislamientos fúngicos promisorios. En este caso, los mismos fueron cultivados en medio líquido Czapek malta (a 30°C, 200 rpm, 7 días). Posteriormente, se realizó la FSS transfiriendo 1 mL de cada inóculo a un sustrato compuesto por HSDT/SQ en proporción (1:1, p/v), y dichos cultivos fueron incubados a 30°C durante 15 días, estáticos. La recuperación de estatinas se llevó a cabo mediante extracciones con acetato de etilo, seguido de evaporación, resuspensión en acetonitrilo, hidrólisis alcalina (c/NaOH

0.2 N), y neutralización (c/HCl 1 N), para pasar a la forma activa hidroxácido. La identificación preliminar de estatinas se realizó mediante cromatografía en capa fina (TLC), comparando los valores de R_f con estándares de lovastatina, mevastatina, simvastatina y pravastatina. De las 33 cepas analizadas, más de la mitad mostraron buena adaptación al crecimiento por FSS, con perfiles cromatográficos compatibles con la producción de estatinas y valores de R_f coincidentes con lovastatina, mevastatina y/o simvastatina. Estos resultados preliminares serán confirmados mediante bioensayos y HPLC-DAD, para acotar también la selección a aquellas cepas que resulten en perfiles destacados, ya sea como hiperproductoras o por la producción de más una estatina. Este enfoque biotecnológico apunta a la producción sostenible de estatinas utilizando recursos biológicos nativos y subproductos agroindustriales accesibles y de bajo costo. Ello podrá contribuir al desarrollo de bioactivos de alto valor agregado, con demanda creciente y monopolizados por algunas empresas, mediante estrategias de producción verde. Así también constituye un aporte bajo el concepto de OneHealth, promoviendo la producción de principios activos relevantes para salud humana mediante bioprocesos respetuosos con el ambiente, y revalorizando subproductos derivados de otros procesos productivos de alto impacto.

ESTATINAS, HONGOS DE YUNGAS, FERMENTACIÓN EN SUSTRATO SÓLIDO, SUBPRODUCTOS AGROINDUSTRIALES, REVALORIZACIÓN

37/B

EVALUACIÓN DEL ESCALADO EN LA PRODUCCIÓN DE BIOPOLÍMERO MEDIANTE MODELOS MATEMÁTICOS Y

REGRESIÓN NO LINEAL

DELGADO FARIÑA, MARTINA^a; LADETTO, MARÍA F.^b; DELGADO, OSVALDO D.^{cd}; FARIÑA, JULIA I.^e

a) Universidad Nacional de San Martín, Argentina

b) CINDEFI (CONICET-UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina

c) Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET, CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina

d) Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Catamarca (FACEN-UNCa), Catamarca, Argentina

e) Laboratorio de Micodiversidad & Micoprospección, Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos, PROIMI-CONICET, Av. Belgrano y Pje Caseros, T4001MVB, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

mdelgadofarina@estudiantes.unsam.edu.ar

En el presente trabajo se estudió el escalamiento de la producción en biorreactor de escleroglucano, un biopolímero producido por el hongo *Sclerotium rolfsii* ATCC 201126. Se utilizaron biorreactores con diferentes volúmenes de trabajo: 4, 80 y 1000 L, operados en discontinuo (batch), con medio semi-sintético y bajo condiciones controladas de temperatura (28°C), y pH (4,5), ajustando los valores de aireación y agitación acorde a cálculos de escalamiento geométrico, para cada una de las escalas ensayadas. El objetivo fue utilizar modelos matemáticos que predijeran las velocidades de crecimiento de biomasa, la evolución del contenido de biopolímero, y la relación entre este último y la viscosidad del fluido en el cultivo. El análisis de los datos experimentales de evolución temporal del crecimiento de biomasa se realizó siguiendo el modelo cinético propuesto por Verhulst.

Por otra parte, con el fin de comparar los resultados obtenidos entre los diferentes reactores, se calculó la productividad volumétrica utilizando los parámetros cinéticos obtenidos previamente del ajuste según el modelo de Verhulst.

Además, se llevó a cabo un proceso de

selección de modelos matemáticos, evaluando distintas funciones de ajuste, con el objetivo de determinar el modelo que mejor representa el comportamiento de los datos experimentales respecto a la relación entre la producción de biopolímero y el tiempo, la cantidad de biomasa y de biopolímero en el cultivo, y de cantidad de biopolímero y viscosidad en cada reactor. Para ello, empleó el método de mínimos cuadrados no lineales y el criterio de información de Aikake. El modelo cinético de Verhulst describió adecuadamente el crecimiento de biomasa en los tres sistemas, observándose una disminución de hasta un 47% en la biomasa máxima (X_m) al escalar el proceso, lo que se tradujo en una reducción del 34% en la productividad volumétrica de biomasa (PVD). El análisis de las relaciones entre las variables clave del proceso mostró que la producción de biopolímero sigue una tendencia exponencial en función del tiempo, dentro de la fase exponencial de crecimiento de biomasa. Y que, mientras que la relación entre biomasa y cantidad de biopolímero puede modelarse linealmente, la relación entre la concentración de biopolímero y la viscosidad del cultivo responde a un modelo de saturación exponencial con parámetros distintos según el tipo de biorreactor. La variación observada entre reactores refleja que el escalado no solo afecta la cantidad de producto, sino también su funcionalidad o comportamiento físico. Además, los resultados destacan la importancia de considerar las limitaciones asociadas al escalado en procesos biotecnológicos, así como la utilidad de los modelos matemáticos para obtener la máxima información sobre el sistema, permitiendo anticipar el comportamiento de este y optimizar la producción.

MODELADO, ESCALADO, BIOPOLÍMERO, PRODUCCIÓN, BIOMASA

PRODUCTOS BIOBASADOS Y METABOLITOS

PRODUCCIÓN DE XILANASAS Y LACASAS MEDIANTE EL MICOTRATAMIENTO DE EFLUENTES DE LA INDUSTRIA CITRÍCOLA

SOTO, MARCIA A.^a; BENITEZ, SILVANA F.^a; ZAPATA, PEDRO D.^{ab}; FONSECA, MARÍA I.^{ab}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (InBio-Mis), Laboratorio de Biotecnología Molecular (BIOTECMOL), Posadas, Misiones, Argentina
b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

fonsecamariaisabel@yahoo.com.ar

Una de las industrias más importantes del país es la industria citrícola, la cual procesa la fruta cítrica para la comercialización de jugos y aceites esenciales. Esta actividad genera grandes volúmenes de efluentes que pueden ser aprovechados para la obtención de productos de valor agregado. El objetivo de este trabajo fue evaluar al efluente citrícola como medio para la producción de enzimas lacasas y xilanasas mediante la micoaumentación con *Trametes sanguinea* BAFC 2126. Los ensayos se llevaron a cabo con 50 mL de efluente citrícola en Erlenmeyers de 250 mL los cuales se incubaron por 18 días en agitación (100 rpm), se tomaron muestras cada 3 días. Se evaluaron tres condiciones experimentales por quintuplicado: 1) efluente citrícola sin modificaciones (control); 2) efluente inoculado con el hongo y 3) efluente con el hongo y 1 g de esponja vegetal en cubos de 1 cm³. El inóculo fúngico consistió en 3 tacos de 7 mm de la cepa *T. sanguinea* BAFC 2126 previamente activada en medio MEA (extracto de malta 12,5 g/L, agar 15 g/L). La actividad lacasa se evaluó usando 5

mM de 2,6-dimetoxifenol como sustrato en buffer acetato de sodio 0,1 M (pH 3,6) a 30 ± 1 °C. El cambio de absorbancia se monitoreó 469 nm ($\epsilon_{469} = 27,5 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$). La actividad enzimática se expresó en Unidades Internacionales, definida como la cantidad de enzima necesaria para producir 1 $\mu\text{mol/min}$ de producto y se expresó en un 1 L de sobrenadante. Para determinar la actividad xilanasa se incubó el sustrato xilano de madera de haya (Sigma-Aldrich) al 1 % (p/v) en buffer acetato de sodio 50 mM pH 4,8 con el sobrenadante durante 5 min a 50 ± 1 °C. Los azúcares reductores liberados se cuantificaron por el método de DNS usando una curva de xilosa como estándar. Una unidad se definió como la cantidad de enzima necesaria para liberar 1 μmol de xilosa por min. La mayor actividad lacasa se detectó en los ensayos con el inóculo fúngico y la esponja vegetal, alcanzando $207,80 \pm 19,01$ U/L a los 18 días de incubación. Para las demás condiciones la actividad fue <7 U/L. En el caso de la actividad xilanasa, los mayores títulos se observaron al día 3 de incubación en el efluente con inóculo fúngico ($453,04 \pm 17,28$ U/L). En los casos del efluente sin modificar y el efluente con inóculo fúngico y esponja vegetal, la mayor actividad xilanasa se detectó a los 9 y 18 días de incubación respectivamente ($316,99 \pm 23,97$ y $353,84 \pm 32,20$ U/L). En comparación con resultados obtenidos previamente por el grupo de trabajo donde se utilizó el efluente estéril, los títulos de actividad enzimática en este caso fueron menores. En conjunto, estos resultados demuestran que estos residuos pueden ser revalorizados para la obtención de enzimas de interés biotecnológicos. Sin embargo, es necesario continuar evaluando diferentes parámetros que permitan optimizar las condiciones de producción

EFLUENTE CITRÍCOLA, ENZIMAS, BIOPRODUCTOS, TRAMETES SANGUINEA, ECONOMÍA CIRCULAR

VALORIZACIÓN SOSTENIBLE DE SUBPRODUCTOS CÍTRICOS MEDIANTE EXTRACCIÓN ENZIMÁTICA DE COMPUESTOS FENÓLICOS

CONIGLIO, ROMINA O.^{ab}; KRUSOSKI, ANALIA M.^a; ZAPATA, PEDRO D.^{ab}; ALBERTÓ, EDGARDO^c

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIO-MIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular (BIOTECMOL), Posadas, Misiones, Argentina
b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina
c) Laboratorio de Micología y Cultivo de Hongos Comestibles y Medicinales, Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM), Chascomús, Buenos Aires, Argentina

rominnaconiglio@hotmail.com

El sistema lineal de nuestra economía ha alcanzado sus límites. En su lugar, la economía circular propone un nuevo modelo de sociedad que optimiza el uso de los recursos. En este contexto, se impone la utilización de subproductos de las industrias alimentarias como fuente de componentes bioactivos, con el consiguiente impacto en el incremento de valor y reducción de la contaminación ambiental. Este estudio tuvo como objetivo aumentar la recuperación de compuestos fenólicos de biomásas provenientes de la industria citrícola local mediante extracción asistida por enzimas. Las biomásas empleadas fueron tres y consistieron en una mezcla de pulpa, cáscara y semillas de pomelo, naranja o cítricos (mezcla). Para todas las extracciones, se utilizaron 5 g de las biomásas secas y molidas. Para la extracción asistida por enzimas, se utilizó el volumen correspondiente a 10 U de β -glucosidasa de un cóctel enzi-

mático de *Auricularia fuscusuccinea* LBM 244, un hongo comestible local aislado por el grupo de trabajo. El pH se ajustó a 4,8 y se incubó la mezcla a 56 °C y 100 rpm por 11 h. Como controles, se realizaron extracciones con tampón acetato de sodio pH 4,8 en las mismas condiciones y extracciones convencionales macerando las biomásas dos veces con 50 ml de alcohol de cereal: agua bidestilada 80:20 a 25 °C y 180 rpm por 2 h. En todos los casos, las mezclas se filtraron y centrifugaron para obtener los sobrenadantes. Luego, se determinó el contenido de fenoles totales por el método de Folin-Ciocalteu y la actividad antioxidante mediante dos métodos: radical DPPH y radical ABTS. Los resultados se expresan como media $\pm$ desviación estándar ($n = 2$). En general, tanto la recuperación de compuestos fenólicos como la actividad antioxidante obtenida a partir de los tres tipos de biomasa se vio aumentada por la extracción asistida por las enzimas de *A. fuscusuccinea* LBM 244, en comparación con los controles con buffer y las extracciones convencionales. Entre las tres biomásas, se obtuvieron los mayores rendimientos en contenido de fenoles totales con la muestra cítricos, $511,20 \pm 19,51$ mg GAE 100 ml de muestra⁻¹ o $43,96 \pm 1,68$ mg GAE g muestra⁻¹. En relación a la actividad antioxidante, también la muestra cítricos mostró los mayores valores con el método del DPPH ($87,77 \pm 2,76$ % de inhibición, dilución 1:10 o $2.399,16 \pm 97,02$ mg GAE g muestra⁻¹) y ABTS ($90,53 \pm 0$ % de inhibición, dilución 1:40 o $9.984,19 \pm 0$ mg GAE g muestra⁻¹). En conclusión, la extracción asistida por enzimas demostró ser una estrategia eficaz para valorizar residuos de la industria citrícola, lo que resalta su potencial como fuente sostenible de componentes bioactivos. Estos resultados no solo promueven un uso más eficiente de los subproductos agroindustriales, además contribuyen al desarrollo de productos bioactivos y biobasados.

ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE, INDUSTRIA CITRÍCOLA, *AURICULARIA FUSCOSUCCINEA*,

PRODUCCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LA ENZIMA RECOMBINANTE COLESTEROL OXIDASA PARA APLICACIONES EN DIAGNÓSTICO CLÍNICO

GODINO, AGUSTINA^a; AMARANTO, MARILLA^a; RASSETTO, MAURICIO^b; VILA, MARÍA S.^b; ALTAMIRANO, GABRIELA^b; SORIA, MAGALÍ^a; BARRA, JOSÉ L.^a

a) Departamento de Química Biológica Ranwel Caputto, CIQUIBIC-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

b) Wiener Laboratorios SAIC, Riobamba 2944, Rosario, Santa Fe, Argentina

agustina.godino@unc.edu.ar

La colesterol-oxidasa (ChO, EC 1.1.3.6) es una enzima ampliamente utilizada en el diagnóstico clínico para la determinación enzimática de los niveles de colesterol en suero o plasma. Dada la estrecha relación entre niveles elevados de colesterol sérico y el desarrollo de enfermedades cardiovasculares, disponer de métodos confiables para su cuantificación reviste gran importancia clínica. Actualmente, los métodos enzimáticos basados en ChO son los más empleados, debido a su alta especificidad, sensibilidad y simplicidad operativa. Sin embargo, en nuestro país, la ChO utilizada en kits diagnósticos es de origen importado, lo que limita su disponibilidad y aumenta los costos. El objetivo de este trabajo fue desarrollar el proceso biotecnológico para la producción nacional de una colesterol-oxidasa recombinante de calidad comparable con las enzimas comerciales importadas. Para ello, se diseñaron y expresaron en *Escheri-*

chia coli dos variantes recombinantes de la ChO de *Brevibacterium sterolicum*, una con etiqueta HisTag en el extremo N-terminal (H-ChO) y otra en el extremo C-terminal (ChO-H). Se evaluó la expresión de ambas variantes a pequeña escala utilizando medio LB y un medio mínimo M9 modificado, este último como alternativa más adecuada para producciones a escala industrial. Ambas variantes mostraron una mejor productividad en el medio M9, siendo la ChO-H la más productiva (4.5 ± 0.4 KU/L frente a 3 ± 0.3 KU/L para H-ChO). A partir de estos resultados, se escaló la producción en un biorreactor de 2 L utilizando el medio mínimo M9 modificado. Se realizaron cultivos en modo batch y fed-batch. En este último, se alcanzaron densidades celulares superiores ($DO_{600} \approx 50$) y una productividad de 63 KU/L para H-ChO y 102 KU/L para ChO-H, superando ampliamente los rendimientos obtenidos en cultivos a escala menor. Ambas enzimas fueron purificadas mediante cromatografía de afinidad (IMAC) y caracterizadas. Presentaron actividades específicas comparables a enzimas comerciales utilizadas como control (48 ± 2 U/mg para H-ChO y 52 ± 4 U/mg para ChO-H, comerciales: 23 ± 1 U/mg y 70 ± 2 U/mg). La funcionalidad de las enzimas fue evaluada en un contexto de aplicación real, mediante su incorporación en un kit diagnóstico comercial (Colestat, Wiener Lab.) utilizado para la determinación de colesterol en muestras de sangre o suero. En colaboración con la empresa Wiener Lab. se desarrollaron versiones del kit utilizando las enzimas desarrolladas en este trabajo y se comparó con el del kit elaborado con la enzima importada. Los resultados obtenidos fueron equivalentes en términos de precisión, exactitud, linealidad, límite de cuantificación y cinética, cumpliendo con los criterios establecidos por la EFML (European Federation of Clinical Chemistry and laboratory medicine). La comparación de métodos (correlación lineal) confirmó una alta concordancia entre las formulaciones evaluadas. En conclusión, desarrollamos un proceso escalable para la producción nacional de

colecsterol oxidasa recombinante funcionalmente equivalente a la enzima comercial. Entre las variantes evaluadas, ChO-H se destacó por su mayor productividad, posicionándose como la mejor candidata para desarrollos futuros. Estos avances demuestran la factibilidad de producir enzimas a nivel nacional, para aplicaciones tanto académicas como industriales en el campo del diagnóstico clínico.

COLESTEROL OXIDASA, ENZIMAS, PROTEÍNAS RECOMBINANTES, DIAGNÓSTICO

4/PBM

EXTRACCIÓN ENZIMÁTICA DE COMPUESTOS BIOACTIVOS A PARTIR DE RESIDUOS DE JABUTICABA

DÍAZ, GABRIELA V.^{A,B}; KRUSOSKI, ANALÍA M.^A; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNAM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

fonsecamariaisabel@yahoo.com.ar

Los residuos agroalimentarios como los residuos de frutas suelen ser desechados como basura. Estos residuos son una fuente valiosa de compuestos bioactivos, particularmente fenólicos, que ofrecen soluciones sostenibles en la producción de alimentos con mayores propiedades nutricionales. El objetivo de este estudio fue optimizar las condiciones de extracción enzimática de compuestos fenólicos a partir de cáscaras de jabuticaba utilizando enzimas del hongo *Aspergillus niger* LBM 321. El cóctel enzimático se obtuvo del so-

brenadante producido por inoculación e incubación de una suspensión de esporas del hongo de 10^7 mL⁻¹ en medio mínimo Czapek suplementado con bagazo de caña de azúcar 15 g L⁻¹. La temperatura, pH y tiempo de extracción enzimática de las cáscaras de jabuticaba se optimizaron mediante un diseño compuesto central (DCC) de dieciocho corridas experimentales. Cada corrida experimental consistió en 0,3 g de cáscaras de jabuticaba y 15 mL de una mezcla de reacción (buffer acetato de sodio 0,05 M a pH según el punto experimental y 10 U de β -glucosidasa (BGL) del cóctel enzimático). Se incubó a cinco diferentes temperaturas, pH y tiempos según la matriz experimental del DCC. Las reacciones se pararon con NaOH 0,1 M hasta llegar a pH 8. Se determinó el contenido de fenoles totales de los extractos por el método de Folin-Ciocalteu y se expresó en mg equivalente de ácido gálico (GAE) 100 mL⁻¹. Los resultados se analizaron, graficaron y validaron con el programa Statgraphics Centurion XVI.I. El cóctel enzimático de *A. niger* LBM 321 presentó actividad sobre papel de filtro ($0,48 \pm 0,00$ FPU mL⁻¹) y BGL ($13,28 \pm 0,17$ UI mL⁻¹), siendo esta última clave en la liberación de los compuestos fenólicos de las paredes celulares vegetales. Por esta razón, se determinó la termoestabilidad de la BGL en el cóctel fúngico la cual fue estable bajo las condiciones de extracción ensayadas, presentó 70 % de actividad residual a 50 °C luego de 72 h. Los valores obtenidos en las corridas experimentales del DCC fueron amplios, desde 30 hasta 72 mg GAE 100 mL⁻¹, lo que resalta la importancia de estudiar las condiciones de extracción y optimizarlas. El modelo predijo un valor de 72,94 mg GAE 100 mL⁻¹ bajo las siguientes condiciones óptimas teóricas de extracción: 38,5 °C, pH 5,34 and 10 h. El valor predicho se validó con seis experiencias bajo las condiciones arrojadas por el modelo y se obtuvo un valor promedio de $72,18 \pm 8,14$ mg GAE 100 mL⁻¹, lo que concuerda con el valor predicho por el modelo y pone de manifiesto que las condiciones ensayadas en el DCC se encontraban dentro

de las óptimas. Los resultados obtenidos demuestran el potencial de estrategias biotecnológicas basadas en el aprovechamiento de residuos agroindustriales para la obtención de compuestos bioactivos con alto valor agregado. La extracción enzimática de compuestos fenólicos desde cáscaras de jabuticaba mediante un cóctel fúngico producido a partir de bagazo de caña de azúcar permite valorizar residuos habitualmente desechados y promueve procesos sostenibles para la industria alimentaria, aportando soluciones innovadoras que combinan eficiencia tecnológica con compromiso ambiental.

COMPUESTOS FENÓLICOS, CÁSCARAS DE JABUTICABA, B-GLUCOSIDASA, ASPERGILLUS NIGER

5/PBM

TIOGLICÓSIDOS ANÁLOGOS DE IPTG: MODIFICACIÓN ESTRUCTURAL MEDIANTE EL USO DE ENZIMAS HIDROLÍTICAS

URBAN, Lucía V.^a; COLOMER, JUAN P.^a; BISOGNO, FABRICIO R.^b

a) Instituto de Investigaciones en Fisicoquímica de Córdoba (INFIQC), Departamento de Química Orgánica, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina
b) INFIQC-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

lucia.urban@unc.edu.ar

Los tioglicósidos son glicomiméticos donde el oxígeno glicosídico es reemplazado por un átomo de azufre. Esta modificación confiere a los compuestos la capacidad de emular la actividad de los carbohidratos naturales, a la vez que puede alterar su afinidad y selectividad hacia diversos blan-

cos biológicos. Debido a su mayor estabilidad en comparación con sus contrapartes naturales, los tioglicósidos se han consolidado como excelentes inductores para la expresión de proteínas recombinantes. El tioglicósido isopropil- β -D-tiogalactósido (IPTG) se ha utilizado durante más de seis décadas para inducir la expresión de proteínas en *Escherichia coli*. Asimismo, existen otras moléculas que desempeñan esta función, tales como metil-1-tio- β -D-galactopiranosido (TMG) y β -D-galactopiranosil-1-tio- β -D-galactopiranosido (TDG). En este trabajo, sintetizamos tioglicósidos análogos al IPTG: metil-1-tio- β -D-galactopiranosido, metil-1-tio- β -D-glucopiranosido, metil-1-tio- α -D-manopiranosido y bencil-1-tio- β -D-glucopiranosido y modulamos la disponibilidad de sus hidroxilos libres mediante el uso de enzimas hidrolíticas. Las enzimas evaluadas fueron lipasas de germen de trigo, páncreas porcino, *Candida rugosa*, *Candida antarctica*, *Pseudomonas aeruginosa*, entre otras. Así, se obtuvo una familia de compuestos mono, di y tri-desacetilados, no reportados hasta el momento en bibliografía.

IPTG, TIOGLICÓSIDOS, LIPASAS

6/PBM

IMPACTO DE MALTOOLIGOSACÁRIDOS SOBRE LA VISCOSIDAD DE ESPESANTES COMERCIALES PARA DISFAGIA Y SU ESTABILIDAD EN EL CONGELAMIENTO Y DESCONGELAMIENTO

SILLON, MARÍA C.^a; NIEVA, SABRINA^a; COSTA, HERNÁN^{bc}; FARÍAS, MARÍA E.^a

a) Universidad Nacional de Luján, Departamento de Tecnología, Ruta 5 y 7, Luján, Buenos Aires, Argentina

b) Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, Ruta 5 y Avenida Constitución, Luján, Buenos Aires, Argentina
c) INEDES, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (CONICET–UNLu–CIC), Universidad Nacional de Luján, Ruta 5 y Avenida Constitución, Luján, Buenos Aires, Argentina

hcosta_1999@yahoo.com

La disfagia es un trastorno de la deglución, donde el control de la viscosidad de los alimentos es esencial. Su elevado costo impulsa la búsqueda de alternativas seguras que mantengan su funcionalidad tras procesos de congelación y descongelación. Se obtuvieron y purificaron maltooligosacáridos (MOS) compatible con los criterios GRAS. Los MOS, formados por 2 a 10 unidades de glucosa, unidas mediante enlaces glucosídicos α -1,4, se obtuvieron enzimáticamente con Ciclodextrina Glucosiltransferasa (CGTasa). El objetivo de este trabajo fue estudiar el impacto de la incorporación de MOS en la reología de flujo de cuatro espesantes para disfagia comercializados en Argentina: Espesan® (almidón modificado y goma guar, tara y xántica), Nutrex® y Thick&Easy® (almidón modificado) y EspesanClear® (maltodextrina, goma xántica y goma guar) y su estabilidad bajo almacenamiento congelado. Los sistemas se prepararon dispersando a los espesantes al 4% (m/v), con y sin la adición de 2% (m/v) de MOS, a temperatura ambiente. Inmediatamente después de preparar las muestras, se realizaron los barridos de flujo en un reómetro de estrés controlado Paar Physica MCR 301 (Anton Paar, Alemania). El gap fue de 1 mm y se utilizó la punta PP50S. Las curvas de flujo de las muestras se realizaron entre 0,01 y 300 s⁻¹ a temperatura de 25°C. Las muestras fueron almacenadas por duplicado a -18 °C durante 2 y 4 meses, y luego de descongeladas se realizaron los ensayos reológicos. Los resultados indicaron que todos los sistemas exhibieron un comportamiento pseudoplástico que se ajustó a la ley de la potencia. En muestras frescas de Espesan®, las viscosidades fueron mayor sin MOS. Tras

el almacenamiento congelado, dichos sistemas disminuyeron las viscosidades, evidenciado por el índice de consistencia, K, desde 2,75±0,05 a 1,93±0,05 Pa.sⁿ, el índice de flujo, n, aumentó desde 0,356±0,004 a 0,391±0,005. Sin embargo, la incorporación de MOS a las suspensiones incrementó a K desde 0,48±0,02 a 0,92±0,05 Pa.sⁿ y disminuyó n desde 0,579±0,007 a 0,518±0,011. Los sistemas con Nutrex® y Thick&Easy® aumentaron ligeramente la viscosidad a bajas tasas de cizalla tras los 4 meses de almacenamiento, quizás por reorganización del almidón. La incorporación de MOS provocó una disminución generalizada de las viscosidades en todo el rango estudiado, sin variaciones significativas durante el almacenamiento. Para las muestras con EspesanClear®, el almacenamiento no afectó a las viscosidades. La adición de MOS aumentó ligeramente la viscosidad en todo el rango de velocidades de cizalla, y se mantuvo durante todo el almacenamiento. Se concluye que el impacto de los maltooligosacáridos sobre la viscosidad depende críticamente de la formulación del espesante. En matrices basadas principalmente en almidón (Nutrex® y Thick&Easy®), actúan como agentes de “relleno”, incrementando la fase sólida, compitiendo por la hidratación con el almidón, por ello disminuyen drásticamente la viscosidad. En matrices formuladas con un sistema mixto almidón + goma (Espesan®), los MOS reducen la viscosidad también por competencia hídrica, pero mejorarían la estabilidad durante el almacenamiento evitando la formación de redes más rígidas con el tiempo. En sistemas formulados con gomas (EspesanClear®), el efecto de los MOS es limitado.

REOLOGÍA DE FLUJO, ESTABILIDAD AL DESCONGELAMIENTO, MOS, VISCOSIDAD

8/PBM

PRODUCCIÓN DE POLIHIDROXIBUTIRATO-VALERATO (PHBV) POR LA BACTERIA MARINA HALOMONAS TITANICAE KHS3

SOLDANO, ANABEL^a; GIORDANO, AGUSTINA^a; HERRERA SEITZ, MARÍA K.^b; RODRÍGUEZ, AILÉN N.^a; STUDDERT, CLAUDIA^a

a) Instituto de Agrobiotecnología del Litoral (CONICET–UNL), Santa Fe, Argentina

b) Instituto de Investigaciones Biológicas (CONICET–UNMdP), Mar del Plata, Argentina

asoldano@santafe-conicet.gov.ar

Halomonas titanicae KHS3, una cepa aislada del Mar Argentino, es capaz de acumular hasta el 70% de su peso seco en polihidroxibutirato (PHB), un biopolímero compuesto por unidades de 3-hidroxibutirato. Esta acumulación se induce en condiciones de limitación de nitrógeno con exceso de carbono (glucosa, glicerol o fenantreno).

En este trabajo se evaluó la capacidad de *H. titanicae* para sintetizar el copolímero polihidroxibutirato-valerato (PHBV) mediante la suplementación del medio con ácido propiónico. Inicialmente, el propionato mostró un efecto inhibitorio significativo sobre el crecimiento bacteriano y la acumulación de PHB. Sin embargo, análisis por espectroscopía de RMN del polímero extraído revelaron la incorporación de monómeros de valerato (<3%), lo que sugiere la presencia de rutas metabólicas activas para su biosíntesis.

Dado que la incorporación de unidades de hidroxivalerato mejora las propiedades termoplásticas del polímero al reducir su cristalinidad y aumentar su flexibilidad, se diseñaron estrategias para incrementar su proporción. Se implementó un esquema de cultivo en dos etapas: una primera etapa de crecimiento con 5 g/L de glicerol, seguida por una etapa de acumulación tras la depleción de nitrógeno y carbono, en la que se adicionaron 12 g/L de glicerol junto

con distintas concentraciones de propionato de sodio. Durante esta segunda etapa, se logró una acumulación de hasta el 75% de PHB con glicerol solo, y hasta un 55% de PHBV en cultivos suplementados con propionato, según un método rápido basado en hipoclorito de sodio. El análisis por RMN confirmó la presencia de PHB puro en cultivos con glicerol, y de PHBV con hasta un 15% de hidroxivalerato en presencia de propionato.

Con el objetivo de explorar la viabilidad de utilizar biomasa bacteriana completa como materia prima para bioplásticos —evitando la purificación del polímero, el uso de solventes y reduciendo los costos económicos y ambientales— se liofilizaron células sin polímero, con PHB o con PHBV. El material obtenido fue analizado mediante calorimetría diferencial de barrido (DSC), revelando que las propiedades térmicas del biomaterial están fuertemente determinadas por el tipo de polímero presente. Estos resultados abren nuevas perspectivas para el desarrollo de bioplásticos funcionales y sostenibles, con potencial para reemplazar plásticos convencionales derivados del petróleo.

BIOPLÁSTICO, HALOMONAS, PHBV, BIOCOMPUESTO

GENÓMICA

IMPLEMENTACIÓN DE UN PIPELINE BIOINFORMÁTICO PARA LA CARACTERIZACIÓN TAXONÓMICA DEL MICROBIOMA EDÁFICO A PARTIR DE DATOS METAGENÓMICOS

KUHN, EDUARDO V.^{A,B}; MARAFON LEANDRO, ROBERTO^A; KOLODZIEJ, JAVIER E.^B; DANZER, EMERSON W.^C; DA SILVA, GLACY J.^D

a) Programa de Pós-graduação em Tecnologias em Biociências, Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), Toledo, Paraná, Brasil

b) Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Oberá, Misiones, Argentina

c) Programa de Pós-graduação em Bioinformática, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

d) Programa de Pós-graduação em Biotecnologia aplicada à Agricultura, Universidade Paranaense (UNIPAR), Umuarama, Paraná, Brasil

javier.kolodziej@fio.unam.edu.ar

En las últimas décadas, diversos avances tecnológicos e incentivos destinados a la investigación científica han incrementado la producción agrícola de Brasil, y permitieron dar respuesta al aumento de la demanda global por alimentos. Sin embargo, aún se observa un significativo desconocimiento respecto a la importancia del microbioma edáfico, ya sea por la escasez de información o por la subestimación de su papel crucial en el reciclaje de nutrientes, lo que resulta en prácticas de manejo que no aprovechan plenamente el potencial productivo del suelo. Una estrategia prometedora para revertir este escenario implica el uso de técnicas avanzadas de biotecnología, como la secuenciación metagenómica del ADN extraído de muestras de suelo. El análisis de estos datos provenientes de la secuenciación

puede revelar información valiosa sobre las comunidades microbianas presentes, permitiendo así una gestión eficiente y sostenible de suelos agrícolas. En este contexto, el presente trabajo tiene por objetivo proponer un pipeline bioinformático para el análisis de datos metagenómicos obtenidos de muestras de suelo, con el objetivo de la caracterización del perfil taxonómico (abundancia y diversidad) de las comunidades microbianas edáficas. Para ello, se propone un pipeline bioinformática (<https://github.com/lablapse/metagenomics>), compuesto por las siguientes etapas: 1) control de calidad y limpieza de los datos brutos, utilizando el software fastp; 2) clasificación taxonómica de las secuencias filtradas, mediante el software Kraken2; 3) refinamiento de los resultados obtenidos a través del software Bracken; y 4) generación de gráficos ilustrativos con el software Krona y/o scripts personalizados en Python. Con el fin de evaluar el pipeline implementado, se utilizan lecturas brutas provenientes de secuenciación tipo shotgun (12 Gb/muestra), generadas en la plataforma Illumina NovaSeq 6000, a partir del ADN extraído de muestras de suelo correspondientes a 8 puntos localizados en el estado de São Paulo, Brasil. Cada uno de estos puntos presenta características distintas en cuanto a clasificación geológica, actividad antrópica y ubicación. Cabe destacar que dichas lecturas están depositadas en el Sequence Read Archive (SRA), mantenido por el National Center for Biotechnology Information (NCBI), bajo el número de BioProject PRJNA900430. La ejecución del pipeline de caracterización taxonómica sobre las muestras analizadas reveló un predominio relevante de microorganismos pertenecientes a los géneros bacterianos *Bradyrhizobium*, *Nocardioide*s, *Pseudomonas*, *Mycobacterium*, *Micromonospora*, *Streptomyces*, *Sphingomonas* y *Mycobacterium*, reconocidos por su papel en procesos de reciclaje de nutrientes, degradación de materia orgánica y promoción del crecimiento vegetal. Por tanto, los resultados obtenidos ratifican la viabilidad del pipeline propuesto

en términos de clasificación taxonómica, facilitando análisis más detallados sobre los microorganismos implicados en funciones asociadas a la salud y fertilidad del suelo, incluyendo procesos como la fijación biológica de nitrógeno, producción de antibióticos, descomposición de compuestos complejos y protección frente a fitopatógenos. Trabajos futuros se enfocarán en la implementación de un pipeline de análisis funcional, orientado a comprender de forma más integral el papel de los genes microbianos en procesos metabólicos relevantes.

2/G

DESARROLLO BIOINFORMÁTICO DE MARCADORES SSR EN JACARANDA MIMOSIFOLIA, COMO HERRAMIENTAS PARA LA CONSERVACIÓN Y MEJORA GENÉTICA DE LA ESPECIE

BORGIA, ENZO G.^a; SOLDATI, MARÍA C.^{ab}; VILLALBA, PAMELA V.^{cb}

a) Universidad Nacional de Moreno (UNM), Argentina

b) Instituto de Recursos Biológicos (IRB), Centro de Investigación en Recursos Naturales (CIRN), INTA, Argentina

c) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Argentina

villalba.pamela@inta.gob.ar

Jacaranda mimosifolia es una especie forestal y ornamental, con gran importancia ecológica, perteneciente a la familia Bignoniaceae. Es originaria del norte de Argentina, Bolivia y Brasil y actualmente se cultiva extensamente en regiones tropicales y subtropicales del mundo. Más allá

de su uso paisajístico y su importancia en el arbolado urbano de nuestro país, dado por el atractivo de sus flores color azul violáceo, *J. mimosifolia* ha demostrado un importante potencial ambiental, contribuyendo a la mejora de la calidad del suelo y actuando como biomonitor de metales pesados presentes tanto en el suelo como en la atmósfera. Al mismo tiempo, esta especie constituye una fuente valiosa de compuestos bioactivos que han sido asociadas con múltiples actividades biológicas, incluyendo propiedades antioxidantes, antimicrobianas e hipotensoras, lo que representa un gran potencial para aplicaciones medicinales.

A pesar de la popularidad de la especie y sus múltiples aplicaciones, al igual que ocurre con otras especies no domesticadas, el desarrollo de recursos genómicos específicos de *Jacaranda mimosifolia* sigue siendo limitado. Esto dificulta el avance de programas de conservación y mejoramiento genético, así como también el aprovechamiento sustentable de la especie. En este contexto, el desarrollo de marcadores del tipo SSR (Simple Sequence Repeats) representa una oportunidad estratégica para acelerar procesos de selección, caracterización genética y conservación de germoplasma.

El objetivo de este trabajo fue el desarrollo y caracterización de marcadores SSR específicos para *J. mimosifolia* a partir del genoma público de la especie en el NCBI (GCA_018894105.1). La búsqueda se llevó a cabo mediante el uso de MISA (MicroSatellite identification tool), una herramienta bioinformática ampliamente utilizada para la identificación y caracterización de microsatélites a partir de secuencias genómicas. Se realizó la detección de los motivos repetitivos del tipo mono-, di-, tri-, tetra-, penta- y hexanucleotídicos en los 707,4 millones de pares de bases (Mpb) de la secuencia, de las cuales se pudo identificar un total de 357.452 loci SSR que fueron utilizados para el desarrollo de iniciadores con el programa Primer3. Del total de marcadores desarrollados, 179.716 corresponden a SSR mononucleotídicos (50,27

%), 142.267 a dinucleotídicos (39,80 %), 27.654 a trinucleotídicos (7,74 %), 5.373 a tetranucleotídicos (1,50 %), 1.355 a pentanucleotídicos (0,38 %) y 1.087 a hexanucleotídicos (0,30 %), distribuidos a lo largo de todo el genoma.

Los marcadores desarrollados deberán ser validados experimentalmente. A partir de ellos se obtendrán marcadores útiles para futuros estudios de caracterización molecular, identificación de individuos y evaluación de diversidad genética que podrán ser utilizados en la especie. Además, su disponibilidad permitirá el diseño de estrategias más eficientes para la conservación y el mejoramiento genético de la especie, fortaleciendo las capacidades locales para su aprovechamiento sostenible.

JACARANDA MIMOSIFOLIA, SSR, MISA, PRIMER3

3/G

GENÓMICA COMPARATIVA DE AZOSPIRILLUM: CRÓMIDOS, SINTENIA Y PANGENOMA

DÍAZ HERRERA, SILVANA M.^A; ZAWOZNIK, MYRIAM^A; GOMEZ MANSUR, NABILA^{A,B}; BENAVIDES, MARÍA P.^{A,B}; GROPPA, MARIA D.^{A,B}

Departamento de Química Biológica, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad de Buenos Aires.

IQUIFIB-CONICET.

mpbenav02@gmail.com

Los crómidos son elementos genéticos que comparten características tanto con los plásmidos como con los cromosomas. Se parecen a los cromosomas por contener genes necesarios para la viabilidad celular. Sin embargo, al igual que los plásmidos, pueden replicarse independientemente del cromosoma principal. Esta

dualidad les confiere un papel crucial en la adaptación y evolución bacterianas, permitiendo a la célula adaptarse rápidamente a los cambios ambientales y adquirir nuevas capacidades metabólicas o de resistencia. En el último tiempo, se han desarrollado estudios más integrales a nivel clado, que comprenden la comparación de múltiples genomas de la misma familia, género, especie bacteriana para hallar un núcleo de genes presentes en todas las cepas comparadas y un conjunto de genes pertenecientes a cada cepa, desarrollándose el concepto de pangenoma. El objetivo de este trabajo fue analizar cepas del género *Azospirillum* mediante genómica comparativa, evaluando la composición de replicones, la identificación de crómidos, el grado de sintenia y la estructura del pangenoma para comprender los mecanismos genómicos que subyacen a su adaptabilidad ambiental. En el género *Azospirillum*, conocido por su capacidad para promover el crecimiento de las plantas, los crómidos desempeñan un papel fundamental. Por esta razón, se seleccionaron genomas de *Azospirillum* completamente secuenciados o secuenciados a nivel cromosómico (21 en total, 6-10 replicones por genoma). Para identificar los crómidos se analizó el número de genes esenciales (ARNm y ARNt) y el porcentaje de contenido en GC. Los datos de genes esenciales de cada replicón se recuperaron de la base de datos MicroScope, y los porcentajes de GC se calcularon con BioPython. La información sobre crómidos disponible en la literatura para 5 de los genomas analizados (*Azospirillum* argentinense Az39, *Azospirillum* baldaniorum Sp245 (7365), *Azospirillum* lipoferum 4B, *Azospirillum* sp. TSA2S, y *Azospirillum* sp. TSH100) se contrastó con los datos obtenidos en este estudio, y los resultados coincidieron. El análisis de la relación filogenética y del grado de sintenia entre estos genomas, junto con la identificación de los crómidos, reveló que, incluso en especies estrechamente relacionadas filogenéticamente, existe una gran disparidad en el número de replicones y sus características, así como un bajo

grado de sintenia. Estos resultados fueron coincidentes con el análisis de pangenoma que arrojó un conjunto de familias de genes centrales pequeño (genoma central) y un número grande de familias de genes que solo se encuentran presentes en unos pocos genomas (genoma periférico). Los resultados presentados permiten relacionar la ampliamente documentada adaptabilidad de *Azospirillum* a distintos ambientes con la característica de un genoma multipartito compuesto por crómidos que facilitan la transferencia horizontal de genes. Estas bacterias son de gran interés en la agricultura sostenible, y su estudio genómico puede revelar mecanismos genéticos subyacentes a estas interacciones beneficiosas con las plantas, ofreciendo aplicaciones potenciales en biotecnología agrícola.

AZOSPIRILLUM, CRÓMIDOS, SINTENIA, PANGENOMA

4/G

UNA PLATAFORMA BASADA EN MACHINE LEARNING PARA IDENTIFICAR VARIEDADES DE DURAZNERO CON MAYORES CHANCES DE ADAPTACIÓN A ESCENARIOS CLIMÁTICOS FUTUROS

ABALLAY, MAXIMILIANO^A; CHIRINO, JULIÁN^A; VALENTINI, GABRIEL^A; SÁNCHEZ, GERARDO^A

Estación Experimental Agropecuaria San Pedro.
INTA

aballay.maximiliano@inta.gob.ar

El mejoramiento genético del duraznero (*Prunus persica*) enfrenta desafíos crecientes frente al cambio climático, nuevas exigencias del mercado y la necesidad de adaptar variedades a diversas regiones

productivas. En donde caracteres claves como el requerimiento de horas de frío y el rendimiento, se encuentran influenciados por factores ambientales, lo cual dificulta su selección en etapas tempranas del mejoramiento. En este contexto, el uso de herramientas de inteligencia artificial, representa una oportunidad innovadora para integrar distintos tipos de datos y anticipar el comportamiento de los cultivos, acelerando así los procesos de selección. Entre este tipo de herramientas destacan los modelos de Random Forest, debido a su capacidad para manejar grandes volúmenes de datos con alta dimensionalidad, tolerar relaciones no lineales entre variables y reducir el riesgo de sobreajuste. Lo cual lo convierte en una herramienta robusta para aplicaciones en genética vegetal.

El objetivo de este trabajo es desarrollar y validar un modelo predictivo basado en Random Forest, que permita predecir caracteres agronómicos relevantes en duraznero, integrando datos genéticos, climáticos y fenotípicos recolectados durante múltiples campañas. Este modelo fue entrenado utilizando los datos provenientes de 237 genotipos pertenecientes a la colección de la Estación Experimental Agropecuaria San Pedro. Para cada genotipo se recopilaban datos fenotípicos correspondientes a la fecha de floración, fecha de cosecha, rendimiento y requerimientos de horas de frío. Estos datos se complementaron con registros climáticos (temperatura, humedad, radiación global, precipitaciones y horas de frío acumuladas), en conjunto con un set de más de 13.000 variantes genéticas previamente obtenidas mediante la plataforma ddRAD-seq. El desempeño de estos modelos fue evaluado mediante un proceso de validación cruzada, obteniéndose valores de R^2 mayores a 0.7 para los caracteres evaluados. Por otro lado, se realizó una evaluación del modelo final en un subconjunto independiente de muestras, obteniéndose valores de R^2 mayores a 0.65. En general, el modelo mostró un comportamiento estable frente a diferentes combinaciones de datos de entrada y fue capaz de capturar

patrones complejos asociados tanto al componente genético como a las variaciones ambientales, lo que permitió predecir adecuadamente una amplia gama de respuestas fenotípicas.

Como prueba de aplicabilidad, se utilizaron los modelos entrenados para realizar proyecciones en 8 escenarios climáticos futuros (CCSM4_rcp45, CCSM4_rcp85, CMCC_CM_rcp45, CMCC_CM_rcp85, MRI_CGCM3_rcp45, MRI_CGCM3_rcp85, NorESM1_M_rcp45, NorESM1_M_rcp85) para la región de San Pedro en la provincia de Buenos Aires. Para ello, se emplearon los datos de variantes genéticas de los 237 genotipos, junto con las proyecciones climáticas para los próximos 20 años. Esta prueba permitió identificar diferentes genotipos con potencial adaptativo a los diferentes escenarios climáticos, disminuyendo la incertidumbre a la hora de toma de decisiones. En conclusión, este trabajo demuestra que la integración de datos genéticos, fenotípicos y climáticos en modelos predictivos puede aumentar las chances de identificar variedades adaptadas a escenarios climáticos futuros.

DURAZNERO, CLIMA , APRENDIZAJE AUTOMÁTICO, MODELOS PREDICTIVOS

5/G

CARACTERIZACIÓN IN SILICO DE TIROSINASAS HIPOTÉTICAS DE PHLEBIA BREVISPORA: ANÁLISIS ESTRUCTURAL Y POTENCIAL BIOCATALÍTICO

SCHÖEDER, NOELIA M.^{A,B}; MOLINA, MELISA A.^{A,B}; RODRIGUEZ, MARÍA D.^{A,B}; FONSECA, MARIA I.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}

Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), La-

boratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

antonella.molina.lesiw@gmail.com

Las tirosinasas (E.C. 1.14.18.1) fúngicas son enzimas oxidoreductasas con aplicaciones emergentes en la producción biotecnológica de compuestos fenólicos de alto valor, como L-DOPA y melanina. En este estudio se presenta el análisis in silico de siete genes de tirosinasa detectados en un Agaricomycetes aislado en la provincia de Misiones (Argentina), con actividad tirosinasa reportada recientemente. Para ello, primero se identificaron en el genoma de *Phlebia brevispora*, secuencias proteicas hipotéticas de tirosinasas mediante comparación con secuencias aminoacídicas de *Agaricus bisporus* (AbPPOs) previamente descritas. La herramienta DeepLoc 2.1 se utilizó para predecir la localización subcelular y la posible asociación a membrana de las proteínas hipotéticas detectadas. Las secuencias seleccionadas mostraron un alto grado de conservación en las regiones que rodean el sitio activo, y cuatro de las siete secuencias identificadas (tyr2 -tyr5) presentan todos los elementos esenciales para una actividad tirosinasa funcional.

Estas secuencias aminoacídicas se emplearon como entrada en el servidor SWISS-MODEL para la construcción de modelos tridimensionales por homología utilizando cristales de referencia. Estos modelos fueron validados mediante análisis de Ramachandran y Verify3D. Se realizó, además, una simulación computacional de la interacción entre las tirosinasas y L-tirosina como sustrato, utilizando AutoDock. La energía de unión en el sitio activo y el RMSD de los complejos de acoplamiento seleccionados fueron analizados y las interacciones moleculares fueron representadas mediante el software UCSF Chimera. El Ramachandran plot generado mediante PROCHECK mostro que las cuatro secuencias analizadas presentan más del 82% de los residuos ubicados en

la región más favorable, además de una compatibilidad estructural aceptable entre el modelo atómico y su secuencia de aminoácidos, según lo evaluado por Verify3D. Finalmente tyr2 y tyr3 fueron los modelos de menor energía de unión (-4.36 y -3.77 Kcal/mol, respectivamente) y RMSD (1.82 y 1.66, respectivamente).

En conjunto, los resultados obtenidos sugieren que al menos cuatro de las tirosinasas hipotéticas de *P. brevispora* presentan características estructurales compatibles con una función biocatalítica activa, lo que las posiciona como candidatas promisorias para su futura aplicación en procesos biotecnológicos. El hallazgo de siete genes putativos de tirosinasa en un mismo genoma fúngico sugiere una expansión génica posiblemente asociada

MODELADO, HOMOLOGÍA, BIOCATÁLISIS, AGARICOMYCETES.

6/G

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *DIATRAEA SACCHARALIS* EN ARGENTINA ANTE EL SURGIMIENTO DE RESISTENCIAS AL MAÍZ BT

CORACH, ALEJANDRA^a; RIVAS, JUAN G.^b; FLORES, FERNANDO^a; ULRICH, NOELIA^a; ANDRADA, JESÚS^a; LOPEZ, SILVIA N.^a; TOSTO, DANIELA^{a,c}

a) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina

b) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Grupo de Genómica Aplicada al Mejoramiento de Especies Forestales y Frutales, Hurlingham, Argentina

c) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina

tosto.daniela@inta.gob.ar

El barrenador del tallo, *Diatraea saccharalis* (Lepidoptera: Crambidae), es considerado una de las plagas más dañinas del maíz. En Argentina, desde 1998, se han utilizado híbridos GM de maíz que expresan proteínas Cry de *Bacillus thuringiensis* (Bt) para el manejo de daños ocasionados por *D. saccharalis*. Al igual que en varios países, la adopción generalizada de esta tecnología facilitó la evolución de la resistencia en poblaciones de las plagas blanco debido a la fuerte presión selectiva que conlleva la siembra de cultivos Bt. En 2012/13, tras quince años de adopción de cultivos Bt, se detectó por primera y única vez en Argentina una población de *D. saccharalis* resistente al maíz Bt. A fin de monitorear la evolución de la resistencia en Argentina, se propuso estudiar si las condiciones de aislamiento geográfico y las prácticas agrícolas empleadas en dicha región promovieron la diferenciación genética, debido a la interrupción del flujo génico entre poblaciones aledañas. La estructura genética poblacional fue analizada mediante un conjunto de 100.322 marcadores de tipo SNP obtenidos mediante secuenciación masiva por ddRAD (Double digest restriction-site associated DNA) sobre 8 poblaciones: 3 de San Luis (contemplando los sitios donde se identificaron individuos resistentes al maíz Bt,) y 5 poblaciones a lo largo del país. Tanto con los análisis mediante *F_{st}*, distancia genética (Rogers) como a partir del cálculo de los coeficientes de mezcla a nivel individual (admixture), fue posible la detección de estructura poblacional entre todas las localidades analizadas, incluyendo las poblaciones de San Luis en las que fueron detectados daños inesperados en los cultivos de maíz Bt ocasionados por *D. saccharalis* entre sí, muy próximas geográficamente, por lo que no conformarían una unidad panmíctica ni con las analizadas de otras localidades del país, ni tampoco entre sí. Contando con esta información, las medidas a adoptar respecto al manejo de la resistencia deberían tomarse a una escala geográfica limitada, ya que el mismo ais-

lamiento de las poblaciones resistentes que habría propiciado el surgimiento de la resistencia en la especie, también contribuiría a que no se propaguen los alelos que confieren la resistencia al maíz transgénico al resto del país.

DIATRAEA SACCHARALIS, RESISTENCIA, OGM

ENZIMOLOGÍA

PROSPECCIÓN DE CELULAS BACTERIANAS DE AMBIENTES MARINOS PARA LA VALORIZACIÓN DE BIOMASA LIGNOCELULÓSICA

NAVAS, LAURA E.^a; CORONEL, CELESTE^a;
TOPALIAN, JULIANA^a; ONTAÑÓN, ORNELLA^a;
HRACEK, VICTORIA^a; CAMPOS, ELEONORA^a;
DIONISI, HEBE M.^b

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVyA, INTA-CONICET, Argentina

b) Laboratorio de Microbiología Ambiental, Centro para el Estudio de Sistemas Marinos (CESIMAR-CONICET), Puerto Madryn, Chubut, Argentina

navas.laura@inta.gob.ar

La biomasa lignocelulósica está compuesta mayoritariamente por celulosa, hemicelulosa y lignina y su deconstrucción controlada es clave para el desarrollo de biorrefinerías sostenibles. La hidrólisis de la celulosa requiere enzimas específicas que actúan sobre regiones amorfas y cristalinas, como endo- y exo-glucanasas, generando oligosacáridos, y β -glucosidasas, que los degradan a glucosa. En ambientes marinos, la celulosa proviene de macroalgas y/o de material vegetal terrestre. Los microorganismos marinos son capaces de degradarla mediante la producción de enzimas que, en muchos casos, resisten condiciones extremas, lo que convierte estos ambientes en una fuente prometedora de enzimas con potencialidad para aplicaciones industriales en la valorización de celulosa. La familia de glicosil hidrolasas 6 (GH6) comprende tanto endo-glucanasas (EC 3.2.1.4), que actúan en regiones internas de la celulosa, como celobiohidrolasas que actúan desde el extremo no reductor

(EC 3.2.1.91). Este trabajo se enfoca en la prospección de genes GH6 en metagenomas marinos disponibles en bases de datos, y su análisis bioinformático mediante redes de similitud de secuencia, con énfasis en identificar enzimas con posible actividad celobiohidrolasa (GH6 tipo exo) para su expresión recombinante. Se identificaron 41.969 secuencias con un dominio PF01341 (GH6) en 3925 genomas/metagenomas marinos de la base de datos IMG/M (<https://img.jgi.doe.gov>). Se analizaron mediante redes de similitud de secuencia 4956 secuencias únicas con longitudes mayores a 250 aminoácidos junto con 2839 secuencias GH6 (de otros ambientes) depositadas en la base de datos CAZy (<https://www.cazy.org>). El 14% de las secuencias analizadas conformaron un cluster conteniendo cuatro subclusters, en el que se encontraron todas las secuencias de enzimas GH6 celobiohidrolasas caracterizadas. Se evaluó la posible actividad celobiohidrolasa de secuencias metagenómicas de dichos subclusters a partir de modelos de estructura tridimensional generados con AlphaFold3, pudiendo evidenciarse en todos ellos los dos bucles característicos de enzimas GH6 con actividad de tipo exo. También se analizó su arquitectura de dominios (dbCAN, <https://bcb.unl.edu/dbCAN2/>; CUPP, <https://www.cupp.info/>), observándose que algunas de ellas podrían contener un módulo de unión a carbohidratos (CBM). Se seleccionaron secuencias completas representativas de los distintos subclusters para su caracterización experimental, en base a distancias en árboles filogenéticos con enzimas caracterizadas y a la ubicación del sitio de muestreo en áreas fuera de jurisdicciones nacionales. Todas presentan una identidad menor al 69% con respecto a la enzima homóloga caracterizada más cercana. En paralelo, se expresó de manera recombinante una GH6 predicha como exo, de la bacteria terrestre *Paenibacillus xylanivorans*, la cual se ubicó en uno de los subclusters. Se demostró la actividad celobiohidrolasa de PxCbh6A sobre celulosa hinchada con

ácido fosfórico y sobre celooligosacáridos purificados (grado de polimerización ≥ 4), liberando celobiosa como único producto. PxCbh6A actuó sinérgicamente con una endo- β -1,4-glucanasa GH8 y una β -glucosidasa GH1 de la misma cepa, degradando la celulosa para producir glucosa. En conjunto, este trabajo representa un avance significativo en la identificación y caracterización de celobiohidrolasas novedosas de tipo GH6, aportando herramientas clave para optimizar cócteles enzimáticos destinados a la valorización de residuos agrícolas y consolidando el desarrollo de biorrefinerías sostenibles basadas en biomasa lignocelulósica.

BACTERIAS, ENZIMAS, CELULOSA, GH6, BIOPRODUCTOS

2/E

BIOSENSOR ELECTROQUÍMICO PARA CUANTIFICAR POLIFENOLES TOTALES BASADO EN EXTRACTOS CRUDOS DE TRAMETES VILLOSA: APLICACIÓN EN ANÁLISIS DE RESIDUOS DE ALIMENTO

PICCOLI, MARÍA B.^a; SERBENT, MARÍA P.^{bcd}; VICO, RAQUEL V.^a; ROBLEDO, GERARDO L.^{ce}; FERREYRA, NANCY F.^a

a) Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Químicas, Instituto de Investigaciones en Fisicoquímica de Córdoba (INFIQC-UNC-CONICET), Córdoba, Argentina

b) Universidad Tecnológica Nacional, Facultad Regional Córdoba, Centro de Investigación y Tecnología Química (CI-TeQ-UTN-CONICET), Córdoba, Argentina

c) Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Centro de Transferencia de Bioinsumos (CETBIO), Córdoba, Argentina

d) Universidade do Estado de Santa Catarina, Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais (PPGCAMB), Lages, Brasil
e) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina

mariapilar.serbent@agro.unc.edu.ar

Los biosensores electroquímicos enzimáticos son de gran interés para aplicaciones analíticas por las ventajas que ofrecen: determinación rápida, sensible y selectiva sin requerir preparación de las muestras y empleando equipos de bajo costo relativo. Los de lacasa (Lac) se han empleado para cuantificar contaminantes ambientales, productos farmacéuticos, y compuestos fenólicos. En la industria alimentaria, se han usado para determinar polifenoles totales (PFT) en frutas, verduras o bebidas de origen vegetal. Debido al costo de las Lac comerciales, la producción fúngica de estas enzimas es una alternativa biotecnológica muy interesante para desarrollar biosensores. Las lacasas participan en la degradación de lignina y son producidas extracelularmente por hongos de pudrición blanca como *Trametes villosa*, de modo que su cultivo permite obtener extractos con actividad Lac de forma relativamente sencilla y económica. En este trabajo obtuvimos extractos con actividad Lac a partir del cultivo del hongo *Trametes villosa* CCC32 aislado en Rio Ceballos, provincia de Córdoba, empleando como medio sólido agar papa dextrosa, y como líquido, malta de cerveza comercial sin alcohol, extracto de maíz proveniente de residuos agrícolas y CuSO_4 . El medio de cultivo líquido, económico en comparación con los tradicionales, permitió obtener 4 extractos con 12 a 26 U de actividad de Lac por mg de proteínas totales (con ABTS como sustrato). A partir de las alícuotas fraccionadas a -20°C se determinó que los extractos mantienen el 100 % de su actividad inicial al menos hasta 84 días, a diferencia de Lac comercial de *Trametes versicolor* cuya actividad decae un 50 % a los 20 días, en condiciones equivalentes. La actividad enzimática de los extractos

fue máxima a temperaturas mayores o iguales a 50 °C. Los extractos crudos se emplearon en la construcción de biosensores electroquímicos utilizando electrodos modificados con nanotubos de carbono funcionalizados químicamente. Para optimizar la respuesta del biosensor se evaluaron el efecto del volumen de extracto, del tiempo de adsorción y del pH de trabajo. En las condiciones seleccionadas, se determinó la respuesta amperométrica frente a catecol (C), hidroquinona (HQ) y ácido gálico (AG). En todos los casos las mismas fueron rápidas y estables, permitiendo obtener sensibilidades de $(3,4 \pm 0,4) \mu\text{A mM}^{-1}$, $(10 \pm 1) \mu\text{A mM}^{-1}$ y $(3,2 \pm 0,1) \mu\text{A mM}^{-1}$ para C, HQ y AG, respectivamente. El biosensor conserva 100 % de la respuesta inicial luego de 10 usos consecutivos y $(88 \pm 4) \%$ luego de 20 días de almacenamiento a 4 °C. El biosensor se aplicó en la determinación de PFT en extractos de residuos industriales provenientes de la producción de dulce de membrillo, comparando la eficiencia del agua y del ácido cítrico como solventes de extracción. Los resultados obtenidos presentan muy buena correlación con biosensores preparados con Lac comercial. A partir de los resultados se puede afirmar que el biosensor es una alternativa selectiva y eficiente para la determinación de PFT que permite trabajar a bajos potenciales y no presenta las interferencias observadas con el conocido método Folin-Ciocalteu, constituyendo una herramienta biotecnológica potencialmente escalable y de costo competitivo.

TRAMETES VILLOSA, LACASA, BIOSENSOR ELECTROQUÍMICO, POLIFENOLES, NANOTUBOS DE CARBONO.

3/E

SELECCIÓN DE HONGOS DE MISIONES CON ACTIVIDAD FIBRINOLÍTICA Y CARACTE-

RIZACIÓN PRELIMINAR DE SUS PERFILES ENZIMÁTICOS

ACOSTA, GABRIELA A.^{A,B}; BAETKE, EUGENIO J.L.^A; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; FONSECA, MARIA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

gaby_acosta@hotmail.com

Los hongos representan una fuente importante de compuestos bioactivos, incluyendo enzimas capaces de degradar fibrina. En Misiones, gracias a su abundante biodiversidad, se pueden encontrar numerosas especies fúngicas por lo que resulta de interés estudiar su capacidad de producir compuestos de interés biológico. El objetivo de este trabajo fue seleccionar cepas de Agaricomycetes de la provincia de Misiones capaces de secretar enzimas con actividad fibrinolítica y realizar la caracterización preliminar de dichas enzimas. Para ello, se evaluó la actividad fibrinolítica de 11 aislamientos recolectados del Parque Provincial Profundidad (Misiones), autorizados por el Instituto Misionero de Biodiversidad (Disposición N° 01/2022) y respetando el Protocolo de Nagoya. Los aislamientos se activaron en medio sólido conteniendo (en g/L): extracto de malta, 12,7 y agar, 17, durante 7 días a 28 ± 1 °C. A partir de las placas activas se cortó un taco de 7 mm Ø cubierto de micelio de cada aislamiento y se inoculó en 20 mL de medio líquido conteniendo (en g/L): glucosa, 35; peptona de carne, 5; NaCl, 2; KH_2PO_4 , 0,5 y $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 0,5. Luego, fueron incubados 14 días a 28 ± 1 °C. El sobrenadante de cultivo se separó del micelio por centrifugación a 6.000 xg durante 10

min. La actividad fibrinolítica se determinó mediante el método de placa de fibrina de Astrup & Mullertz (1952) y se analizó por ANOVA simple para evaluar diferencias significativas entre los aislamientos. El estudio de los perfiles enzimáticos fibrinolíticos de los sobrenadantes de cultivo se realizó empleando electroforesis en gel de poliacrilamida no desnaturante al 12 % p/v (ND-PAGE). Con el objetivo de comparar los electromorfos con actividad fibrinolítica y el perfil proteico, se sembró por duplicado las muestras en el mismo gel, el cual se corrió a 120 V durante 120 minutos en buffer tris-glicina 1,5 M a pH 8,3. Una vez finalizada la corrida, el gel fue dividido en dos, una parte se incubó sobre una placa de fibrina a 37 ± 1 °C por 24 h, donde se visualizó la actividad fibrinolítica como una zona clara (zimograma de fibrina). Paralelamente, la otra mitad del gel se tiñó con una solución de AgNO_3 2 g/L, para observar el perfil proteico. De los 11 aislamientos analizados, 6 revelaron actividad fibrinolítica. Estos fueron *Trametes* sp. PF6, *Lentinus* sp. PF11, *Auricularia* sp. PF14, *Polyporus* sp. PF15, *Pycnoporus* sp. PF17 y *Trametes* sp. PF20, siendo PF20 el que presentó mayor actividad fibrinolítica ($2,26 \pm 0,05$ U/ml; $p < 0,05$). Por otro lado, los sobrenadantes de cultivo con actividad fibrinolítica analizados mediante ND-PAGE mostraron perfiles proteicos diferentes entre sí, mientras que el zimograma de fibrina reveló en cada caso una única banda con actividad fibrinolítica, cuya movilidad electroforética varió entre los distintos aislamientos. La diversidad en las características de las enzimas fibrinolíticas observada entre los diferentes aislamientos resalta la importancia de continuar explorando nuevos aislamientos fúngicos capaces de secretar de enzimas fibrinolíticas, con el fin de identificar variantes enzimáticas con potencial aplicación terapéutica.

HONGOS, ENZIMAS FIBRINOLÍTICAS, ZIMOGRAMA, MISIONES, BIODIVERSIDAD

ESTABILIDAD Y DEPENDENCIA METÁLICA DE ENZIMAS FIBRINOLÍTICAS SECRETADAS POR *AURICULARIA* SP. PF14 Y *TRAMETES* SP. PF20

ACOSTA, GABRIELA A.^{A,B}; BAETKE, EUGENIO J.L.^A; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; FONSECA, MARIA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

gaby_acosta@hotmail.com

Los hongos representan una fuente importante de enzimas fibrinolíticas, cuya caracterización resulta fundamental para evaluar su estabilidad y funcionalidad bajo condiciones fisiológicas, con miras a su potencial aplicación biotecnológica y biomédica. El objetivo de este trabajo fue evaluar la estabilidad térmica, la estabilidad a diferentes pH y la inhibición por un agente quelante de las enzimas fibrinolíticas producidas por los aislamientos *Auricularia* sp. PF14 y *Trametes* sp. PF20. Para la obtención de los sobrenadantes enzimáticos, cada aislamiento fue inoculado en 20 mL de medio líquido previamente optimizado para la producción de enzimas fibrinolíticas y se incubaron durante 14 días a 28 ± 1 °C en condiciones estáticas. El sobrenadante de cultivo se separó del micelio mediante centrifugación a $6.000 \times g$ durante 10 min. La estabilidad térmica se evaluó luego de incubar los sobrenadantes de cultivo a diferentes temperaturas (20–60 °C) en buffer tris-HCl

50 mM pH 7,4 durante 1 h. Mientras que la estabilidad a diferentes pH se evaluó incubando los sobrenadantes de cultivo a diferentes pH (3,6–9,0) a 37 ± 1 °C durante 1 h. Para determinar si las enzimas fibrinolíticas corresponden a metaloproteasas, se incubaron los sobrenadantes de cultivo con EDTA (10 mM) en un buffer tris-HCl 50 mM, pH 7,4, a 37 ± 1 °C durante 1 h. La actividad fibrinolítica en todos los casos se determinó mediante el método de placa de fibrina de Astrup & Mullertz (1952) y se expresó como actividad fibrinolítica residual. Las enzimas fibrinolíticas producidas por ambos hongos mostraron gran estabilidad entre 30–37 °C (aproximadamente el 83 % para PF14 y entre 80–75 % para PF20). Al aumentar la temperatura a 45 °C, se observó una disminución en la actividad enzimática en ambos aislamientos (58 ± 4 % para PF14 y 48 ± 10 % para PF20). A 50 °C, la pérdida de actividad fue más pronunciada (26 ± 1 % para PF14 y 33 ± 4 % para PF20). Finalmente, ambas enzimas fueron completamente inactivadas a 60 °C. Por otro lado, ambas enzimas mostraron alta estabilidad en condiciones de pH cercanos al neutro, manteniendo entre 79–83 % (PF14) y 73–75 % (PF20) de actividad residual en el rango de pH 6,7–7,4. A valores más ácidos, la actividad fue disminuyendo progresivamente ($63–49$ % para PF14 y $53–38$ % para PF20 entre pH 5,6–4,8), con una caída marcada a pH 3,6 (19 ± 1 % para PF14 y 11 ± 1 % para PF20) perdiendo completamente su actividad a pH 9. Finalmente, la enzima de PF14 mostró escasa sensibilidad al EDTA con una actividad residual de 88 ± 1 %, sugiriendo que no requiere iones metálicos para su función. En cambio, la enzima de PF20 fue fuertemente inhibida con una actividad residual de 17 ± 6 %, lo que indica una posible naturaleza metaloproteasa. Las enzimas evaluadas demostraron una notable estabilidad en condiciones fisiológicas de pH y temperatura, lo que respalda su potencial para aplicaciones biotecnológicas y biomédicas. Además, los resultados sugieren que, mientras

la enzima de PF14 no depende de iones metálicos para su actividad, la de PF20 podría corresponder a una metaloproteasa, dada su sensibilidad a la quelación, aspecto relevante para su aplicación.

HONGOS, ENZIMAS FIBRINOLÍTICAS, ESTABILIDAD, METALOPROTEASAS

5/E

EXPRESIÓN Y CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE UNA ALFA-ALACTOSIDASA GH27 RECOMBINANTE DE CELLULOMONAS SP. B6 PARA LA DEGRADACIÓN DE GALACTO-OLIGOSACÁRIDOS

HRACEK, VICTORIA^a; TOPALIAN, JULIANA^a; ONTAÑÓN, ORNELLA^a; NAVAS, LAURA E.^a; WIRTH, SONIA^b; CAMPOS, ELEONORA^a

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVyA, INTA-CONICET, Argentina.

b) Laboratorio de Agrobiotecnología, Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Argentina

eleonoracampos@gmail.com

Cellulomonas es un género bacteriano reconocido por codificar un amplio repertorio de enzimas activas sobre carbohidratos (CAZymas). En particular, en la cepa Cellulomonas sp. B6, se han identificado y caracterizado numerosas enzimas activas sobre polisacáridos y oligosacáridos vegetales, tanto extracelulares como intracelulares. Este trabajo se enfoca en el estudio de enzimas con actividad predicha α -galactosidasa (α -gal; EC 3.2.1.22),

responsables de hidrolizar residuos terminales α -1,6 de D-galactosa. Dichos enlaces son característicos de los galacto-oligosacáridos de la familia rafinosa (RFOs, por sus siglas en inglés), como rafinosa, estaquiosa y verbascosa, que son abundantes en semillas de leguminosas como soja y arvejas. Aunque los RFOs poseen potencial prebiótico, su presencia en concentrados proteicos o harinas destinados al consumo humano o animal puede generar efectos adversos, particularmente en animales monogástricos, ya que carecen de las enzimas necesarias para su degradación, lo cual produce malestar intestinal y reduce la absorción de nutrientes. El objetivo de este trabajo es analizar las secuencias codificantes para enzimas con actividad predicha α -galactosidasa a partir del genoma de *Cellulomonas* sp. B6 y expresarlas de manera recombinante, para evaluar su actividad en la degradación de RFOs. Se identificaron cuatro secuencias codificantes para posibles α -galactosidasas: dos pertenecientes a la familia de glicosil- hidrolasas 36 (GH36) y dos a la familia GH27, según la clasificación CAZy (www.cazy.org). De estas secuencias, solo una GH27 es predicha como extracelular, con un péptido señal amino (N)-terminal y una estructura multimodular, que incluye un dominio catalítico GH27 y un dominio de unión a carbohidratos CBM13. Esta enzima presenta 80 % de identidad con secuencias depositadas del género *Cellulomonas*, lo que indica una alta conservación dentro del género, aunque ninguna ha sido caracterizada hasta la fecha. Para su caracterización funcional, se expresaron de manera recombinante tanto la enzima madura completa (sin péptido señal), como su dominio catalítico (excluyendo también el CBM13) como fusión N-terminal a una etiqueta 6xHis (vector pET28a), en la cepa *Escherichia coli* Arctic Express. Solo la variante sin el CBM13 se obtuvo de forma soluble, lo que permitió su purificación mediante cromatografía de afinidad (Ni-NTA), con un rendimiento de 4,2 mg/L de cultivo. Las

otras tres α -galactosidasas candidatas fueron también clonadas y expresadas en diversas cepas huéspedes, aunque resultaron insolubles bajo todas las condiciones evaluadas, acumulándose como cuerpos de inclusión. La proteína recombinante purificada, denominada Cs-Gal27A-cd, tiene un tamaño molecular de 46 KDa. Presentó actividad frente al sustrato p-nitrofenil- α -D-galactopiranosido (pNP- α Gal) (0.5 UI/mL, en buffer citrato-fosfato, pH 6, 40°C), validando su actividad α -galactosidasa (EC 3.2.1.22). Los resultados obtenidos representan un paso inicial hacia el ensayo de α -galactosidasas recombinantes para la reducción de RFOs en matrices vegetales, con el potencial de mejorar la calidad nutricional de alimentos destinados al consumo humano y animal.

ALFA-GALACTOSIDASA, GH27, CELLULOMONAS, GALACTO-OLIGOSACÁRIDOS, RECOMBINANTE

6/E

SÍNTESIS ENZIMÁTICA DE GALACTOCONJUGADOS FENÓLICOS POR UNA α -GALACTOSIDASA COMERCIAL DE BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM

RAMIREZ GUTIERREZ, ANDREA C.^A; ROSALES, Jesús^B; FEMAT CASTAÑEDA, CÉSAR^B; TORRES TOLENTINO, JOSÉ G.^B; ORTIZ, GASTÓN E.^{A,C}; CAVALITTO, SEBASTIÁN F.^A; ARRIZON GAVIÑO, JAVIER P.^B

a) Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales, UNLP-CONICET, Argentina.

b) Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. (CIATEJ), Camino Arenero 1227, El Bajío, Zapopan, Jalisco, México.

c) Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Hurlingham, Argentina.

Los compuestos fenólicos, como la florizina, destacan por su actividad antioxidante, sin embargo, su baja solubilidad en agua y limitada estabilidad restringen su biodisponibilidad y aplicaciones farmacéuticas o alimentarias. La glicosilación enzimática surge como una estrategia efectiva para mejorar sus propiedades fisicoquímicas. En este estudio se evaluó la capacidad de una β -galactosidasa comercial de *Bifidobacterium bifidum* (Bb- β gal), para catalizar la galactosilación de compuestos fenólicos, generando derivados más solubles y potencialmente bioactivos. Como resultado relevante destacaron los productos galactoconjugados de florizina. Las reacciones se llevaron a cabo en condiciones controladas utilizando lactosa como donador de galactosa (400 g/L) y florizina como aceptor fenólico (10 mM) en buffer fosfato 100 mM pH 6.0. Se empleó una concentración enzimática de 15 U/mL a 45 °C por tiempos de reacción de 0, 12 y 24 h. La detención de la reacción se realizó mediante inactivación térmica, y las muestras fueron analizadas por TLC y HPLC. Posteriormente, se optimizaron las condiciones de reacción modificando un factor a la vez: concentración del aceptor (5, 10 y 15 mM), concentración de lactosa (100 y 200 g/L), concentración enzimática (5 y 25 U/mL) y la cinética de aparición de los compuestos galactoconjugados. El criterio de selección fue el mayor porcentaje de conversión, calculado a partir de la disminución de la concentración de florizina libre medida por HPLC. La caracterización estructural de los productos se realizó mediante ultra performance liquid chromatography acoplada a espectrometría de masas (UPLC-MS). El cromatograma mostró un pico correspondiente a florizina nativa (R_t = 6.45 min), y cinco nuevos picos entre 5.4 y 6.30 min atribuibles a productos galactosilados. El análisis de espectros de masas reveló: Un derivado monogalactosilado con m/z = 597.222 [C₂₇H₃₄O₁₅-H]⁻ (R_t = 5.4 min); un derivado

digalactosilado con m/z = 759.321 [C₃₃H₄₄O₂₀-H]⁻ (R_t = 5.54 min); otros derivados con m/z = 643.222, también atribuibles a florizina monogalactosilada (R_t = 5.81 y 6.30 min); un segundo isómero digalactosilado con m/z = 805.262 [C₃₅H₅₀O₂₂-H]⁻ (R_t = 6.23 min). Estos resultados demuestran que Bb- β gal tiene capacidad de transferir uno o más residuos de galactosa a la florizina, generando múltiples derivados galactosilados. La reacción es eficiente, regioselectiva y se lleva a cabo bajo condiciones suaves y sostenibles, lo cual representa una alternativa viable a la síntesis química convencional. Los productos generados podrían tener aplicaciones como antioxidantes solubles en formulaciones alimentarias y nutraceuticas.

B-GALACTOSIDASA, BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM, COMPUESTOS FENÓLICOS, FLORIZINA, GALACTOCONJUGADO

7/E

PRIMERA APROXIMACIÓN A LA PRODUCCIÓN DE SOBRENADANTES ENRIQUECIDOS EN PEROXIGENASAS INESPECÍFICAS

MAJUL, LEONARDO M.^{A,B,*}; CAREAGA, VALERIA P.^C; LEVIN, LAURA N.^B

a) Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Buenos Aires, Argentina.

b) CONICET – Universidad de Buenos Aires. Instituto de Micología y Botánica (INMIBO), Buenos Aires, Argentina.

c) Universidad de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Unidad de Microanálisis y Métodos Físicos en Química Orgánica (UMYMFOR), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Pabellón 2, Ciudad

leonardomajul@gmail.com

Las "peroxigenasas inespecíficas" (EC 1.11.2.1, unspecific peroxygenase, UPO) son un grupo de enzimas extracelulares exclusiva de hongos que están cobrando importancia a nivel industrial. Las UPO pertenecen a la superfamilia de las hemotiolato peroxigenasas y se combinan las capacidades de las citocromo P450 monooxigenasas y de las clásicas peroxidases fúngicas. Las UPO catalizan un repertorio amplio de reacciones de oxifuncionalización de interés biotecnológico como la brominación, epoxidación e hidroxilación de compuestos aromáticos. Recientemente se reportó que las UPO realizan la hidroxilación de ácidos grasos en las posiciones terminales y subterminales, las cuales resultan de gran dificultad de realizar por agentes químicos debido a la alta energía de disociación de sus enlaces C-H. A su vez, dependiendo de la isoforma de UPO utilizada (p.e.: AeUPO, MroUPO), es posible obtener productos epoxidados y hasta alcanzar el acortamiento de la cadena alifática desde su extremo terminal. Este acortamiento suele producirse de manera multienzimática sin embargo, las UPO catalizan estas reacciones de forma autosuficiente en presencia de H_2O_2 . Con el fin de encontrar organismos productores de UPO se realizó una prospección de 40 hongos mediante su cultivo erlenmeyer de 125 ml con medio basal y harina de soja 20 g/L, en agitación a 120 RPM y 28 °C durante 21 días. Se separó el sobrenadante de los cultivos por filtración con papel de filtro whatman nº1, luego se centrifugaron 10 min a 10000 g y conservaron a -20 °C. Se determinó la actividad UPO utilizando como sustrato veratril alcohol (VA) 2 mM y H_2O_2 0,4mM en buffer citrato fosfato 50 mM a pH 7, 5 y 3. Se cuantificó la actividad UPO por espectrofotometría como el incremento de absorbancia a 310 nm. En los sobrenadantes de mayor actividad UPO se evaluó la actividad en función de la concentración de H_2O_2 (0;

0,1; 0,5; 1; 2; 4 mM) y de enzima (5, 10 y 20 μ L en 1,2mL), se cuantificó además la actividad peroxigenasa utilizando como sustrato naftaleno (NF) 1 mM en buffer citrato fosfato pH7 y H_2O_2 0,5 mM. Del total solo 6 cepas mostraron actividad UPO, todas ellas del género *Cyclocybe*, siendo las de mayor actividad *C. aegerita* BAFC 151 y *C. cylindracea* BAFC 4295. La concentración mas adecuada de H_2O_2 respecto a la actividad UPO fue 0,5 mM, obteniendo 0,11 y 0,18 UE.mL⁻¹ (mM.cm.min⁻¹) para los cócteles. Por otro lado, no se encontraron diferencias en la actividad enzimática en función de la concentración del sobrenadante siendo correcta su medición. Se verificó que independientemente de la concentración de H_2O_2 la actividad UPO disminuye luego de 10 min de incubación, posiblemente debido a su inestabilidad. Adicionalmente evaluó la peroxidación de NF siendo reportada solo por los cocteles de CM39, BAFC 151 y 4295 en valores de 0,11; 0,12 y 0,12 UE. Los resultados obtenidos permiten avanzar en la exploración de las modificaciones sustratos complejos como ácidos grasos.

PEROXIGENASAS INESPECÍFICAS, PROSPECCIÓN, HONGOS, ÁCIDOS GRASOS, CYCLOCYBE

8/E

PRODUCCIÓN DE ENZIMA LACASA PARA BIORREMEDIACIÓN

VERON, BRIAN A.^A; SALCEDO, LUCILA A.^{A,B}; ACOSTA, GABRIELA A.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; RODRIGUEZ, MARÍA D.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científi-

cas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

danielarodriguez@fceqyn.unam.edu.ar

La lacasa es una enzima muy eficaz en el tratamiento de efluentes industriales como la degradación de compuestos fenólicos, microcontaminantes farmacéuticos y otros contaminantes orgánicos. La lacasa puede ser inmovilizada en soportes de nanocelulosa para aplicaciones de biorremediación, por lo que resulta ventajoso contar con extractos enzimáticos con baja actividad celulasa que eviten la degradación del soporte. El objetivo del presente trabajo fue determinar entre dos cepas fúngicas, *Lentinus* sp. PF1 y *Trametes* sp. PF11, cuál presenta una mayor producción de lacasa y baja actividad de celulasas. En primer lugar, se activaron los hongos en dos placas de Petri de 90 mm de diámetro, conteniendo medio MEA (agar 2%, extracto de malta 1,7%) durante 8 días a 28 °C, luego se llevó a cabo el cultivo en 24 Erlenmeyer de 100 mL conteniendo 20 mL de medio cada uno, 12 Erlenmeyer se inocularon con un taco de 5 mm de PF1, cada uno, y fueron llevados a agitación a 120 rpm por 9 días a 28 °C, mientras que los 12 restantes se inocularon con un taco de 5 mm de PF11, cada uno, y se llevaron a una estufa durante 18 días también a 28 °C. El medio de cultivo que se utilizó estuvo compuesto por 0,6 g de cereal, 20 mL de buffer acetato de sodio (60 mM y pH 6) y 0,02 mL de una solución concentrada de sulfato de cobre (500 mM). La determinación de la actividad enzimática lacasa (U/L) se llevó a cabo por espectrofotometría a 469 nm utilizando DMP (2,4-dimetoxifenol) 5 mM preparado en buffer acetato de sodio pH 3,6 1M como sustrato; y luego se determinó la actividad por triplicado, para ello se preparó una solución enzimática diluida y se agregaron 100 mL de ésta a 2 mL de DMP (ambas templadas de 30 °C). Para determinar la actividad enzimática celulasa primero se siguió el protocolo de ensayo de papel de filtro y luego se obtuvo la actividad por espectrofotometría a 540 nm. Para

la enzima lacasa se obtuvo una actividad de 1104 ± 34 U/L para PF1 mientras que para PF11 se obtuvieron 32666 ± 3199 U/L. Mientras que para la enzima celulasa se obtuvo una actividad de 535 ± 9 U/L para PF1 mientras que para PF11 se obtuvieron 490 ± 60 U/L. Como resultado de este ensayo, puede destacarse una alta proporción de actividad lacasa respecto de celulasa en PF11, lo que hace a su extracto enzimático ideal para aplicaciones en las cuales las lacasas estén inmovilizadas en soportes biodegradables, como lo es la celulosa

LACASA, CELULASA, HONGOS, BIORREMEDIACIÓN

9/E

ANÁLISIS ESTRUCTURAL Y FUNCIONAL DEL DOMINIO AAMYC Y CONSTRUCCIÓN DE UNA ALFA-AMILASA QUIMÉRICA TERMOESTABLE DE *SACCHAROPHAGUS DEGRADANS*

WAYLLACE, NATAEL M.^A; BUSI, MARÍA V.^A; GOMEZ CASATI, DIEGO^A

a) Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI-CONICET) - Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas (FCByF) - Universidad Nacional de Rosario (UNR).

gomezcasati@cefobi-conicet.gov.ar

Saccharophagus degradans es una bacteria marina gramnegativa con una gran capacidad para degradar una amplia variedad de polisacáridos complejos. Entre sus enzimas activas sobre carbohidratos, previamente identificamos y caracterizamos una alfa-amilasa (SdAmy) compuesta por un dominio catalítico N-terminal (CD), un dominio central AmyC y un módulo

de unión a carbohidratos de la familia 20 (CBM20) en el extremo C-terminal. En este trabajo, investigamos las propiedades estructurales y funcionales del dominio AamyC, cuya función en alfa-amilasas sigue siendo desconocida. Nuestro análisis mostró que AamyC contiene un sitio de unión a maltosa putativo, que involucra los residuos Y364, W365, D366, R393 y T394. El dominio adopta una estructura de β -sandwich, formado por siete cadenas β antiparalelas, y posee un peso molecular aproximado de 11 kDa, características típicas de los módulos de unión a carbohidratos. Estas observaciones sugieren un posible rol en el reconocimiento o estabilización del sustrato, particularmente en la unión al almidón. La caracterización bioquímica mostró que SdAmy tiene una actividad óptima a 40 °C y pH 5.0. Sin embargo, su baja termoestabilidad restringe su aplicación en la industria. La principal aplicación de las alfa-amilasas se da en la industria alimentaria, especialmente en la licuefacción de almidón para la producción de maltodextrinas, utilizadas en la elaboración de alimentos y en diversos procesos de fermentación. Estos procesos suelen realizarse a temperaturas cercanas a 100 °C, donde se requieren alfa-amilasas termoestables. Una de las enzimas más empleadas para este fin es la alfa-amilasa US100 de *Bacillus stearothermophilus*, con una temperatura óptima de 80 °C y alta estabilidad a 90 °C. Con el objetivo de mejorar la estabilidad térmica de SdAmy, diseñamos una enzima quimérica (SdAmyUS100) combinando su dominio catalítico con el dominio C-terminal de US100. La enzima quimérica se expresó satisfactoriamente en células de *Escherichia coli* BL21(DE3). Nuestros resultados demostraron que SdAmyUS100 presenta una temperatura óptima más alta y una termoestabilidad mejorada en comparación con SdAmy, lo que sugiere que el dominio C-terminal de US100 contribuye a estabilizar la enzima en condiciones de alta temperatura. Estos resultados destacan el potencial de SdAmyUS100 para su aplicación en bioprocesos industriales a

alta temperatura, como la licuefacción de almidón en la industria alimentaria. Por otro lado, podemos inferir que el dominio AamyC estaría implicado en la estabilidad de SdAmy.

ALFA-AMILASAS, TERMOESTABILIDAD, ENZIMA QUIMÉRICA. INGENIERÍA DE PROTEÍNAS. BIOCATÁLISIS INDUSTRIAL

10/E

CARACTERIZACIÓN Y ANÁLISIS IN SILICO DE LA INTERACCIÓN CON ATRAZINA Y DE SITIOS OFF-TARGET EN LA LACASA DE *PHLEBIA BREVISPORA* BAFC 633

AYALA SCHIMPF, ALAN R.^{A,B}; ORTELLADO, LAURA E.^{A,B}; NESTERUK, EMILCE M.^A; GARRAMARRA, MARCELO D.^C; FUENTES, MARÍA S.^D; FONSECA, MARÍA I.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS). Laboratorio de Biotecnología Molecular (BIOTECMOL). Misiones, Argentina.
b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

c) Instituto de Genética Humana. Parque de la Salud de la provincia de Misiones.

d) Planta Piloto de Procesos Industriales Microbiológicos (PROIMI), CONICET. CCT NOA Sur. Tucumán, Argentina

schimpfalan92@gmail.com

Las lacasas fúngicas son enzimas oxidativas multicobre con capacidad para catalizar la transformación de una amplia variedad de sustratos aromáticos, lo que las convierte en herramientas clave en procesos de biorremediación. *Phlebia brevispora* BAFC 633 se destaca por producir

una lacasa activa frente a diversos contaminantes, entre ellos la atrazina (ATZ), herbicida clorado de alta persistencia y uso extensivo en sistemas agrícolas. Aunque se ha demostrado su actividad frente a contaminantes, los mecanismos moleculares involucrados en su interacción con atrazina no han sido caracterizados hasta el momento. Diversos estudios han sugerido que estas enzimas poseen cavidades estructurales adicionales con posible relevancia funcional, incluyendo sitios alostéricos o alternativos de unión que podrían modular su comportamiento catalítico. El objetivo de este trabajo fue caracterizar *in silico* la interacción entre la lacasa de *P. brevispora* BAFC 633 y ATZ, e identificar potenciales sitios off-target o alostéricos con implicancia funcional. Para ello, se utilizó un modelo estructural previamente validado y reportado. El docking molecular se realizó con AutoDock 4.2. Los sitios estructurales relevantes se identificaron mediante Allosite y FTMap. Se analizó la conservación evolutiva con Jalview utilizando la base de datos UniRef50 y la estabilidad ante mutaciones mediante FoldX, estimando los valores de $\Delta\Delta G$. El acoplamiento molecular entre la lacasa de *P. brevispora* BAFC 633 y ATZ reveló una energía de unión de -7.91 kcal/mol, lo que indica una afinidad significativa hacia este herbicida. Esta interacción se vio favorecida por la presencia de un grupo amida terciaria cíclica en ATZ, capaz de formar enlaces por puente de hidrógeno con residuos clave del sitio catalítico T1, particularmente con Asn208. El análisis estructural con Allosite permitió identificar un único sitio potencialmente alostérico, ubicado en una región opuesta al sitio T1. Este presentó propiedades aromáticas y apolares, así como capacidad para establecer enlaces de hidrógeno con residuos como Gln33, Thr150 y Asn174. Su conservación promedio fue del 36%, con un $\Delta\Delta G$ medio de 2.1 kcal/mol, lo que indica una moderada sensibilidad estructural ante mutaciones puntuales. Adicionalmente, FTMap reveló la existencia de cinco sitios potenciales de unión. Uno

fue coincidente con el sitio alostérico identificado previamente, mientras que otro se superpuso con el sitio T₁. Los otros tres se localizaron en cavidades adicionales de la estructura, con niveles variables de conservación (20–47%) y estabilidad estructural ($\Delta\Delta G$ promedio 0.8 – 1.6 kcal/mol), sugiriendo una posible participación en procesos de unión alternativos. El análisis de sensibilidad a mutaciones evidenció que ciertos residuos en estos sitios presentan alta tolerancia estructural ($\Delta\Delta G$ bajo) y baja conservación evolutiva, lo que los posiciona como candidatos para futuras modificaciones dirigidas. Por otro lado, otros aminoácidos mostraron altos niveles de conservación y sensibilidad, sugiriendo un rol estructural clave. Estos resultados refuerzan la hipótesis de que la lacasa de *P. brevispora* BAFC 633 posee múltiples cavidades con capacidad de unión a ligandos, algunas con comportamiento potencial como sitios off-target o alostéricos. Su caracterización funcional es clave para orientar estrategias de ingeniería racional que optimicen la especificidad o versatilidad en la interacción con contaminantes emergentes como la atrazina.

PHLEBIA BREVISPORA, ATRAZINA, LACASA, SITIOS OFF-TARGET

11/E

EVALUACIÓN DE ESCALADO DE XYL10E Y VALORIZACIÓN DE XILO-OLIGOSACÁRIDOS DE BAGAZO DE SORGHUM BICOLOR OBTENIDOS MEDIANTE PRETRATAMIENTO Y SACARIFICACIÓN

BRUNO BARON, CAMILA A.^A; MON, MARÍA L.^B; ALEGRE, MARIANA^C; NEGRI, MARÍA E.^C; PEREYRA, CRISTIAN R.^{D,E}; MALITO, JUAN P.^D;

TALIA, PAOLA^{A,B}

a) Departamento de Biodiversidad y Biología Experimental, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

b) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

c) Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

d) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), InculINTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

e) Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

brunobaron.camila@inta.gob.ar

En trabajos previos del grupo, se produjo y purificó de manera recombinante la xilansa bifuncional Xyl10E, de la familia glicosil hidrolasa 10, mediante expresión heteróloga en *Escherichia coli*. El gen codificante fue identificado por secuenciación metagenómica del microbioma intestinal de termitas, amplificado por PCR a partir de ADN metagenómico y clonado en un vector bacteriano. Xyl10E mostró actividad óptima entre 40°C–50 °C y pH 6–10, liberando principalmente xilobiosa al hidrolizar bagazo de *Sorghum bicolor* pretratado con KOH (BS-KOH) (10.1038/s41598-020-60850-5 ; 10.1007/s00253-025-13484-4). En el presente trabajo, se evaluó la producción de Xyl10E, aumentando el volumen de cultivo de 200 mL a 600 mL, y se aplicó en BS-KOH, con el objetivo de analizar la capacidad antioxidante de los xilo-oligosacáridos (XOs) generados. Se evaluó la producción de Xyl10E a mayor volumen, incrementando el volumen de cultivo de 200 mL a 600 mL. Se probaron dos medios de cultivo Luria-Bertani y Terrific Broth, en matraces Erlenmeyer de 2 L con y sin deflectores. La inducción se realizó con lactosa comercial. La enzima, con etiqueta His en

el extremo N-terminal, fue purificada por cromatografía de afinidad con resina de agarosa. Las fracciones eluidas se cuantificaron con Nanodrop y se analizaron por electroforesis en gel de poliacrilamida con SDS 0,1% y tinción Coomassie R-250. La condición más eficiente fue el cultivo en medio TB en Erlenmeyer con deflectores, con un rendimiento de 99,71 mg y una concentración de 135,66 mg/L. En comparación con el cultivo de 200 mL producido de rendimiento 7,5 mg, con concentración de 37,5 mg/L. La actividad específica de Xyl10E purificada fue 43 U/mg sobre BS-KOH (10.1007/s00253-025-13484-4). Para los ensayos de hidrólisis se utilizaron 60 U Xyl10E (1,40 mg), incubadas con 10% (p/v) de BS-KOH en un volumen de 10 mL a 40 °C durante 6 horas. El hidrolizado fue centrifugado y el sobrenadante concentrado mediante filtración centrífuga a 3700 g (Sartorius, corte 5 kDa). El percolado con XOs, fue cuantificado por el método del ácido 3,5-dinitrosalicílico, con curva estándar de xilosa. Mediante cromatografía en capa delgada se identificaron xilobiosa, xilotriosa, xilotetraosa y xilopentaosa, con un rendimiento total de 30 mg/mL. La capacidad antioxidante de los XOs purificados fue evaluada mediante ensayos con radicales 2,2-difenil-1-picrilhidrazil (DPPH) y 2,2'-azino-bis (3-etilbenzotiazolina-6-sulfónico ácido) (ABTS), usando Trolox como control positivo. Se determinó el porcentaje de inhibición de radicales por espectrofotometría a 515 nm (DPPH) y 734 nm (ABTS). A concentraciones de 3 mg/mL y 1,5 mg/mL, los XOs mostraron una inhibición del $30,25 \pm 3,3\%$ y $25,02 \pm 2,1\%$ (DPPH), y del $48,58 \pm 1,1\%$ y $30,50 \pm 2,2\%$ (ABTS), respectivamente. En ambos ensayos se observó que la capacidad antioxidante aumenta con la concentración. Actualmente, se están realizando estudios adicionales con un rango más amplio de XOs (0,5–30 mg/mL). En conclusión, la producción a mayor escala de Xyl10E fue viable. Los XOs generados a partir del bagazo de *Sorghum bicolor* pretratado con KOH evidenciaron una capacidad antioxidante promisorio. Estos resultados respaldan la utilidad de

Xyl10E para producir compuestos químicos de valor agregado, a partir de residuos agroindustriales, promoviendo su aprovechamiento sostenible.

XILANASA, XILO-OLIGOSACÁRIDOS, CAPACIDAD ANTIOXIDANTE.

13/E

OPTIMIZACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE ENDO-1,4-BETA-GLUCANASA DE *TRAMETES SP.* PF20 MEDIANTE FERMENTACIÓN EN SUSTRATO SÓLIDO UTILIZANDO CASCARILLA DE ARROZ

ACOSTA, GABRIELA A.^{A,B}; MARTINEZ BIALI, JOSEFINA^A; TATARIN, ANA S.^{A,B}; ZAPATA, PEDRO D.^{A,B}; FONSECA, MARIA I.^{A,B}

a) Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN), Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. Maria Ebe Reca" (INBIOMIS), Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina.

b) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina.

gaby_acosta@hotmail.com

Los hongos filamentosos se caracterizan por una extraordinaria capacidad de secretar cantidades significativas de enzimas hidrolíticas, como la endo-1,4-beta-glucanasa (CMCasa), al medio de cultivo, lo cual los hace atractivos para la biotecnología industrial. La fermentación en sustrato sólido (FSS) se ha consolidado como una técnica eficiente y sustentable para su producción, aprovechando residuos agroindustriales como fuente de carbono. El objetivo del trabajo fue optimizar la producción de CMCasa secretada por *Trametes sp.*

PF20 mediante FSS utilizando cascarilla de arroz como sustrato lignocelulósico. Se aplicó un Diseño Central Compuesto (CCD) del tipo blocked cube-star con cinco puntos centrales, evaluando cuatro factores: tamaño de partícula del sustrato (0,50, 0,75 y 1,00 mm), porcentaje de humedad (70 %, 80 % y 90 %), tiempo de incubación (3, 6, 9 y 12 días) y cantidad de sustrato (5, 7 y 10 g). La humedad se ajustó utilizando medio Czapek (en g/L: 2 NaNO₃, 1 K₂HPO₄, 0,5 MgSO₄·7H₂O, 0,01 FeSO₄·H₂O y 30 sacarosa). Los ensayos se realizaron en matraces Erlenmeyer de 250 mL y se incubaron a 28 ± 1 °C en condiciones estáticas. La extracción de los sobrenadantes enzimáticos (SE) se realizó agregando 50 mL de agua destilada estéril a cada matraz, seguida de maceración y agitación durante 60 min a 100 rpm. La actividad CMCasa se evaluó utilizando carboximetilcelulosa (CMC) al 1 % en buffer acetato de sodio 0,05 M (pH 4,8) como sustrato, incubando con el SE durante 5 min a 50 ± 1 °C. La liberación de azúcares reductores se cuantificó mediante el método del ácido 3,5-dinitrosalicílico (DNS), y la actividad se expresó en U/g de sustrato. La mayor actividad enzimática observada experimentalmente (165,00 U/g) se alcanzó en el ensayo con 0,75 mm de tamaño de partícula, 80 % de humedad y 2,5 g de sustrato al 6^{to} día de incubación. El modelo predijo un punto óptimo con 0,75 mm de tamaño de partícula, 79,5 % de humedad, 2,55 g de sustrato y 6 días de fermentación, estimando una actividad de 165,12 U/g y un índice de deseabilidad de 1, lo que indica alta confiabilidad del modelo. El análisis de varianza (ANOVA) basado en un modelo cuadrático resultó significativo (p = 0,0023) con un R² de 90,38 %, indicando un buen ajuste del modelo. Se identificaron como factores más influyentes la cantidad de sustrato (p = 0,0001), así como las interacciones tamaño de partícula × humedad (p = 0,0021), tamaño de partícula × tiempo (p = 0,0293), humedad × cantidad de sustrato (p = 0,0370), y el término cuadrático de la cantidad de sustrato (p = 0,0008).

La aplicación del diseño experimental permitió optimizar de manera significativa la producción de CMCasa, alcanzando un incremento de más del 9000 % respecto a la condición inicial (1,80 U/g). Los resultados obtenidos demuestran la robustez del modelo experimental aplicado y resaltan el valor de optimizar la producción enzimática CMCasa a partir de residuos lignocelulósicos como la cascarilla de arroz, promoviendo procesos más eficientes y sustentables con potencial aplicación en procesos biotecnológicos.

TRAMETES, FERMENTACIÓN EN SUSTRATO SÓLIDO, OPTIMIZACIÓN, CMCasa

14/E

DISEÑO DE XILANOSOMAS PARA MEJORAR LA ACTIVIDAD XILANOLÍTICA MEDIANTE COLOCALIZACIÓN MULTIENZIMÁTICA

CANALE, SOL^A; MOMOLI, JULIÁN^A; CAMPOS, ELEONORA^B; CRAIG, PATRICIO^A

a) Departamento de Química Biológica - IQUIBICEN, FCEN, UBA, Argentina.

b) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), CICVyA, INTA-CONICET.

eleonoracampos@gmail.com

Las xilanasas son enzimas de gran interés industrial debido a su capacidad para hidrolizar el xilano, un componente principal de la hemicelulosa en la biomasa vegetal. Su aplicación es especialmente relevante en la producción de biocombustibles, el procesamiento de papel y la industria alimentaria. A pesar de su potencial, una de las principales limitaciones de las xilanasas es su inestabilidad térmica. Estas enzimas suelen perder actividad rápidamente a temperaturas elevadas. Para abordar esta limitación, aplicamos un enfoque de

mutagénesis racional e identificamos un conjunto de mutaciones prometedoras que se prevé que mejoren la estabilidad térmica de una xilanasas modelo, ampliando potencialmente su ventana de actividad a temperaturas más altas. Paralelamente, y con el objetivo de aumentar aún más la eficiencia enzimática, estamos desarrollando ensamblajes multienzimáticos artificiales inspirados en los celulosomas naturales presentes en organismos como *Clostridium thermocellum*. Estos complejos multienzimáticos son muy eficaces para la degradación de lignocelulosa gracias a su modularidad y organización espacial, aunque su complejidad limita su uso directo en entornos industriales. Como alternativa, empleamos un andamiaje proteico decaimérico sintético como plataforma estructural para ensamblar xilanasas. Este andamio presenta una estructura cuaternaria altamente estable y flexible, con una temperatura de fusión de 88 °C. Está organizado como dímeros de pentámeros, lo que proporciona hasta diez sitios para el acoplamiento enzimático. Sin embargo, una limitación de este andamio es su disociación en condiciones ácidas (pH < 6), probablemente debido a la protonación de cuatro residuos de histidina ubicados en la interfaz pentámero-pentámero. Esto es particularmente desventajoso porque muchas xilanasas exhiben su máxima actividad catalítica a pH ácido. La disociación del andamio a estos niveles de pH resulta en una pérdida de la proximidad espacial entre enzimas y, por lo tanto, una reducción de los beneficios funcionales de la colocación. Para superar este problema, utilizamos FoldX, una herramienta computacional para la predicción de la estabilidad, para diseñar una versión mutante del andamio que se espera que conserve su estructura cuaternaria a pH más bajo. Actualmente, estamos realizando ensayos de actividad que comparan el rendimiento de los xilanosomas con las enzimas libres correspondientes. Estos experimentos buscan evaluar si la colocación de enzimas dentro del andamio confiere una ganancia funcional, como se espera según

los principios de canalización del sustrato y efectos de proximidad. Además, esperamos observar un aumento adicional en la ganancia funcional al utilizar la variante mutante del andamio, que permite la operación en el pH ácido óptimo de las enzimas.

XILANASAS, XILANOSOMAS, MUTAGENESIS,

15/E

ENZIMAS PROMISCUAS PARA LA SÍNTESIS IN VITRO DE GLICANOS AMINO-MODIFICADOS

IGLESIAS, MARÍA J.^A; DEL PREDO, SOFÍA^A; ASENCION DIEZ, MATÍAS D.^A

a) Lab. de Enzimología Molecular, Inst. de Agrobiotecnología del Litoral, Santa Fe.

matias.asencion@gmail.com

El estudio de enzimas asociadas al metabolismo de carbohidratos y, particularmente, su promiscuidad de sustratos, representa una estrategia prometedora para el diseño de herramientas biocatalíticas aplicadas a la biología sintética. En este campo emergente, la glicobiología cell-free aparece como una alternativa eficaz para la producción controlada de glicanos. Este enfoque se basa en la combinación de enzimas purificadas, sustratos definidos y condiciones de reacción optimizadas y ofrece ventajas como el monitoreo en tiempo real, la ausencia de restricciones impuestas por la viabilidad celular o las membranas biológicas, y la posibilidad de automatizar los procesos. Nuestro grupo ha trabajado en los últimos años en la elucidación del metabolismo de carbohidratos en microorganismos Gram-positivos, con énfasis en las rutas involucradas en la biosíntesis de glucógeno y trehalosa. A partir de estos estudios, identificamos enzimas capaces de utilizar

monosacáridos alternativos a sus sustratos canónicos derivados de la glucosa. A partir de estos hallazgos, diseñamos un sistema enzimático in vitro capaz de incorporar glucosamina (GlcN) en distintas moléculas del tipo α -glucanos, generando glicanos amino-modificados que no son conocidos en fuentes naturales. El sistema consiste de una ADP-glucosa pirofosforilasa de *Geobacillus stearothermophilus* (GstGlgCD), una maltosil-1P sintasa de *Rhodococcus jostii* (RjoGlgM), y una maltosil transferasa de *Streptomyces coelicolor* (ScoGlgE). RjoGlgM demostró aceptar GlcN-1P como sustrato alternativo con una actividad significativa (70 U/mg), produciendo in situ un disacárido heterogéneo (Glc- α -1,4-GlcN-1P) que es utilizado eficientemente por ScoGlgE para elongar glucógeno. La actividad de ScoGlgE con este sustrato alternativo fue comparable a la obtenida con el sustrato canónico maltosa-1P (~5 U/mg con ambos). Por su parte, GstGlgCD tiene una notable eficiencia catalítica con GlcN-1P, la mayor registrada entre enzimas homólogas analizadas. Al combinar GstGlgCD y RjoGlgM en presencia de ATP y GlcN-1P, observamos la formación de un homodisacárido-P (GlcN- α -1,4-GlcN-1P), inferida a partir de la liberación de ADP. Posteriormente, ensayamos el sistema completo que incluye a las tres enzimas y utiliza GlcN-1P, ATP y glucógeno como aceptor final, viendo una elevada actividad enzimática en la etapa final. Alternativamente, reemplazando ScoGlgE por su homólogo de *Rhodococcus* (RjoGlgE), observamos la incorporación eficiente de GlcN en distintos α -glucanos, desde maltosa hasta almidón. Según la combinación enzimática empleada, fue posible incorporar bloques de hetero- o homo-GlcN, ampliando así la diversidad estructural de los productos. Los glicanos modificados fueron purificados y caracterizados mediante HPLC con derivatización OPA/MPA y ensayos de condensación con genipina, confirmando la presencia de grupos amino en las moléculas elongadas. Actualmente, nos encontramos en la etapa de escalado del pro-

ceso mediante el diseño de biorreactores enzimáticos, con el objetivo de optimizar la producción de glicanos amino-modificados para su aplicación en estudios funcionales dentro del campo disciplinar.

GLUCOGENO, MALTOSA, GLUCOSAMINA, ALMIDON, GLUCOSA

COMUNICACIÓN Y ENSEÑANZA

INNOVACIÓN EDUCATIVA ITINERANTE: LA EXPERIENCIA DE BIOFÁBRICA MISIONES EN LAS AULAS TALLERES MÓVILES EN BIOTECNOLOGÍA VEGETAL

RODRÍGUEZ, VERÓNICA M.^A; LOPEZ HERMANN, FATIMA A.^A; ESCALANTE, EVANGELINA M.^A; MOREIRA KUBIAK, DANIELA^A; IMBROGNO, LUCIANA P.^A

a) Biofábrica Misiones S.A.

biofabrica.laboratorio1@gmail.com

En Argentina se ha empezado a incorporar la alfabetización en biotecnología en diferentes niveles educativos. Con el objetivo de fortalecer las capacidades profesionales de los rubros involucrados en la producción vegetal tanto del sector educativo como profesionales, Biofábrica Misiones inició en el 2019 una Diplomatura en Biotecnología Vegetal orientada a la micropropagación, poniendo en valor el conocimiento de su capital humano especializado. Esta diplomatura se consolidó en el 2021 y al año siguiente, ante la necesidad de asegurar espacios de formación a personas que residen alejadas de los centros urbanos (y que, de otra manera, no hubieran podido acceder); la Biofábrica en un trabajo articulado con el Instituto Nacional de Educación Técnica a través del Ministerio de Educación de la provincia de Misiones, inicia el dictado de la Diplomatura Superior en Biotecnología Vegetal en un Aula Taller Móvil, que consiste en una estructura transportable y desplazable, que reproduce las características un laboratorio de cultivo in vitro adaptadas para el desarrollo de las actividades de capacitación, con todas las comodidades y equipamientos requeridos, contando con un área de preparación de medios de cultivo con balanzas, agitadores, probetas,

etc., área de esterilización con estufas y autoclave, mesadas con espacio para dar clases, área de producción conteniendo una cabina de flujo laminar, estantes con luz destinados a frascos y Biorreactores de inmersión temporal, y una cámara de germinación con control de fotoperíodo y temperatura para ambos equipamientos; velando así por el aseguramiento de una educación inclusiva y de calidad en toda la provincia de Misiones. El dictado de la diplomatura incluye actividades tanto en formato presencial como asincrónicas, sumando 600 horas totales, donde se trabaja en la incorporación de habilidades en el laboratorio, pensamiento crítico, resolución de problemas, experimentación, análisis de datos, trabajo en equipo, comunicación y colaboración. Para su aprobación los alumnos presentan un trabajo final aplicado a la temática. Desde su primera cohorte hasta el 2024 han concluido más de 100 alumnos.

BIOFABRICA MISIONES, BIOTECNOLOGIA VEGETAL, AULA TALLER MÓVIL.

BIOECONOMÍA Y ASUNTOS REGULATORIOS

COMPROBACIÓN DE ENSAYOS DE DETERMINACIÓN DE OGM POR Q-PCR EN DIFERENTES MATRICES EN UN LABORATORIO ACREDITADO BAJO ALCANCE FLEXIBLE

GRANATA, BARBARA X.^a, MEDINA, MARCELA^b, FRETES, VANESA^b, MARTÍNEZ, MARÍA C.^b, TOSTO, DANIELA^c, PEDROARIAS, VIVIANA^b

a) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

b) Instituto de Biotecnología - Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, IABIMO UEDD INTA-CONICET, CICVyA, CNIA

c) INTA-CONICET

granata.xoana@inta.gob.ar

El laboratorio de Detección de Organismos Genéticamente Modificados del Instituto de Biotecnología IABIMO UEDD INTA-CONICET realiza ensayos para la determinación de Organismos Genéticamente Modificados (OGM) empleando la metodología de q-PCR en diferentes tipos de muestras (tejidos vegetales, productos industrializados como alimentos, piensos, etc.).

Este es un Laboratorio de ensayo acreditado bajo la norma ISO17025 por el Organismo Argentino de Acreditación (OAA) con acreditación N° LE 113 desde el año 2007. La acreditación es imprescindible para asegurar la confianza y comparabilidad de los resultados que se emiten, tanto a nivel nacional como internacional. En el Alcance de la acreditación se define la lista de ensayos para los cuales el laboratorio ha sido evaluado cumpliendo con los más altos estándares internacionales. Cualquier extensión o modificación del alcance de acreditación requiere la evaluación previa del OAA. El 28 de febrero de 2025 el Comité de Acreditación de Laboratorios de Ensayo (CALE) del OAA le ha otorgado al

Laboratorio la acreditación bajo Alcance Flexible. Esto significa que, a partir de los procesos estandarizados implementados y por demostrar su competencia técnica en las sucesivas evaluaciones a lo largo del tiempo, el laboratorio es lo suficientemente confiable para poder ampliar los ensayos y matrices incluidos dentro del alcance acreditado sin recibir una evaluación previa por parte del OAA.

En este contexto, este trabajo presenta la estrategia desarrollada para comprobar que los métodos implementados son capaces de otorgar resultados de calidad adecuada en nuevas matrices que no fueron evaluadas en la experiencia original de validación de cada ensayo, para luego incluirlas en el alcance de la acreditación. En particular, esta comprobación consiste en demostrar que el método de extracción de ADN implementado sobre un nuevo producto o matriz permite obtener ADN en cantidad y calidad adecuadas para realizar el ensayo de q-PCR validado. Para el caso de productos industrializados en donde el ADN de los ingredientes puede haber sido removido (por ejemplo en aceites) o degradado (por ejemplo productos sometidos a cocción), el método de extracción se aplica sobre el producto o matriz al que se le adiciona ADN purificado de una especie conocida en cantidad suficiente como para que el método implementado rinda potencialmente 20 ng/μl de ADN. Se verifica la cantidad, calidad y ausencia de inhibidores de la PCR en el ADN recuperado por espectrofotometría, fluorometría y evaluación de curvas de inhibición por amplificación por PCR de un gen endógeno. Aplicando esta estrategia se obtuvieron hasta el momento resultados adecuados para las siguientes matrices: expeler de soja, aceites, texturizados y germen. Se continúan evaluando otras matrices de interés para la producción.

ISO17025, OVGM, ACREDITACIÓN, PCR EN TIEMPO REAL, ALCANCE FLEXIBLE

PROPUESTAS DE TERMINOLOGÍA PARA LOS PRODUCTOS Y PROCESOS QUE SE CONTEMPLAN EN EL ÁMBITO REGULATORIO DE LA BIOTECNOLOGÍA

LEWI, DALIA M.^a, GODOY, PERLA^b

Dirección Nacional Asistente de Vinculación Tecnológica (INTA).

b) Coordinación de Innovación y Biotecnología, SAGYP

lewi.daliamarcela@inta.gob.ar

La experiencia generada en los distintos ámbitos de actuación de la Argentina (foros internacionales, diálogos bilaterales, encuentros regionales y hemisféricos) nos muestra que, si bien hay heterogeneidad en los avances y maduración de los sistemas regulatorios en los países, se puede observar que es posible acercar posiciones y encontrar un idioma regulatorio en común, que promueva el uso de criterios compartidos. Cuando los criterios regulatorios son compartidos, las conclusiones a las que se arriba, también. Esto muestra que, aunque los países puedan tener normativas no idénticas o que estén en proceso de generarlas, los criterios científicos y los razonamientos a partir de definiciones similares globalmente adoptadas son fundamentales. Asimismo, se ha podido observar que, al compartir criterios en los análisis de casos para la edición génica y discutir en diversos ámbitos los desafíos que se presentan, surgen terminologías que, si bien se refieren a las mismas tecnologías, tienen nombres diferentes. En este sentido, sugerimos diferenciar los términos utilizados para los procesos y productos que son Organismos Genéticamente Modificados (OGM) respecto a los que se utilizan para la edición génica. Por ejemplo, cuando se debe mencionar el pro-

ducto obtenido se propone que a los OGM se los nombre como GM o cultivos biotecnológicos o transgénicos y a los derivados de las Nuevas Técnicas de Mejoramiento (NBT por sus siglas en inglés) que no se consideran GM se los nombre como no GM o líneas o nuevos productos o variantes. Respecto al procedimiento técnico se propone, por un lado (OGM), llamarlo modificación genética o transgénesis y por el otro (producto NBT) utilizar el término "intervención genética". La metodología con que se establece el paso final en cada caso también es diferente ya que, para el caso de OGM se realiza una evaluación de riesgo que conlleva a una autorización o aprobación, en cambio para los productos NBT lo que se realiza es una evaluación técnica para la determinación del estatus regulatorio que conlleva a una conclusión o dictamen técnico.

También es importante subrayar que todos los productos son regulados hasta que obtienen su autorización comercial: para el caso de cultivos, esto sucede al realizar el registro correspondiente de la variedad que en el caso de Argentina se realiza en el Instituto Nacional de Semilla (INASE). Es decir que los GM son regulados por la normativa correspondiente a OGM para obtener la autorización comercial y luego se registran; y los productos derivados de la aplicación de NBT también se regulan, ya que luego de obtener el estatus regulatorio correspondiente, requieren del registro de la variedad. El compartir criterios enriquece el diálogo y promueve el acercamiento hacia un lenguaje común. La propuesta que se presenta aquí tiene por finalidad lograr una terminología en común para ayudar a diferenciar los productos y procesos respecto de sus estatus regulatorios.

TERMINOLOGÍA, IDIOMA REGULATORIO, CRITERIOS REGULATORIOS, OGM, NBT

DE ALÉRGENOS ENDÓGENOS EN EL TRIGO HB4® COMO PARTE DE SU EVALUACIÓN DE SEGURIDAD

BADIA, MARIANA^a, FERELA, ANTONELLA^b, AYALA, FRANCISCO^a, MIRANDA, PATRICIA^c

a) Bioceres Crop Solutions, Rosario, Santa Fe, Argentina.

b) Department of Agronomy, Iowa State University, Ames, IA, US

c) Bioceres, Rosario, Santa Fe, Argentina

mbadia@biocerescrops.com

La aprobación de cultivos genéticamente modificados para consumo humano y animal requiere de una evaluación integral de su inocuidad, conforme a los marcos regulatorios establecidos en los diferentes países. Un componente clave de esta evaluación es asegurar que la modificación genética no haya producido cambios no intencionales que representen un riesgo para la salud humana o animal. Además de un análisis composicional del evento transgénico para asegurar la equivalencia con su contraparte convencional, algunas agencias regulatorias recomiendan la comparación de los niveles de alérgenos endógenos como parte del proceso de evaluación de inocuidad. Así, se asegura que la modificación genética no aumente el nivel de alérgenos que están naturalmente presentes en el organismo consumido como alimento. El trigo contiene varios grupos de proteínas con potencial alergénico. Entre ellas, los inhibidores de amilasa/tripsina (ATI, por sus siglas en inglés) constituyen uno de los principales asociados con el asma del panadero y otras alergias respiratorias. Como parte de la caracterización llevada a cabo para la aprobación regulatoria del trigo con tecnología HB4® tolerante al estrés (trigo HB4®), se realizó un análisis comparativo de los niveles de ATIs en muestras de grano. En este estudio, se cuantificaron siete ATIs: 0.28, 0.19+0.53, CM2, CM3, CM16 y

CM17, mediante cromatografía líquida de alta resolución acoplada a espectrometría de masas (HPLC-MS). Los materiales analizados incluyeron el evento de trigo HB4® en dos diferentes fondos genéticos, sus respectivos controles convencionales, y cinco variedades comerciales adicionales provenientes de ensayos a campo realizados en seis localidades diferentes de Argentina. Los resultados mostraron que los niveles de ATIs en el trigo HB4® se encuentran dentro del rango de variabilidad natural observado en las variedades no modificadas. Además, en concordancia con estudios previos sobre otros alérgenos del trigo, se observó que los niveles de ATIs están principalmente determinados por la variedad y las condiciones ambientales, y no afectados por la modificación genética en sí. Estos hallazgos aportan evidencia relevante que confirma la inocuidad del trigo HB4®.

BIOSEGURIDAD, TRIGO HB4, TRIGO TRANSGÉNICO, ALÉRGENOS

BIOTECNOLOGÍA ANIMAL

EVALUACIÓN DE LA PLATAFORMA COATED BACTERIAL VACCINE COMO HERRAMIENTA PARA LA INMUNOCASTRACIÓN

HARGUINDEGUY, INÉS^a, ASSANDRI, M. H.^{b,c},
DAZA MILLONE, A. M.^d, SERRADELL, M. DE
LOS A.^{b,c}, CAVALITTO, S. F.^a, ELGUERO, M. E.^e,
ORTIZ, G. E.^{a,f}

a) Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales, CONICET-UNLP, Argentina

b) Laboratorio de Microbiología, Departamento de Cs. Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas, UNLP, Argentina

c) Instituto de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional Arturo Jauretche, Argentina

d) Instituto de Investigaciones Fisicoquímicas Teóricas y Aplicadas, CONICET-UNLP, Argentina

e) Biogénesis Bagó S.A., Garín, Argentina

f) Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional de Hurlingham, Argentina

cavalitto@gmail.com

La inmunocastración representa una alternativa segura y eficaz frente a la castración quirúrgica en cerdos. Esta estrategia se basa en la generación de anticuerpos contra la hormona liberadora de gonadotropina (GnRH), la cual desempeña un papel central en la regulación de los niveles de androstenona y escatol, compuestos responsables de alterar las propiedades organolépticas de la carne. Si bien esta herramienta resulta útil y evita los efectos negativos del procedimiento tradicional, el desarrollo de vacunas contra la GnRH enfrenta limitaciones, principalmente debido a la baja inmunogenicidad del antígeno, y a la necesidad de utilizar proteínas portadoras y adyuvantes que estimulen una respuesta inmune efectiva. En este contexto, nuestro grupo desarrolló un sistema de presentación antigénica denominado Coated Bacterial Vaccines (CBVs). En esta plataforma, el antígeno de interés (GnRH)

se fusiona en su extremo C-terminal con un dominio que denominamos FastAG[®], que presenta una alta afinidad por los ácidos teicoicos de la pared de bacterias Gram positivas. El antígeno quimérico GnRH-FastAG[®] se produce de forma heteróloga, y luego se utiliza para recubrir la superficie de bacterias Gram positivas inactivadas químicamente (CBVs), que actúan como vehículos presentadores de antígenos. Sobre la base de lo expuesto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la funcionalidad de la plataforma CBVs para desarrollar una vacuna para la inmunocastración basada en la GnRH. Para obtener las GnRH-CBVs, el antígeno GnRH-FastAG[®] fue producido en *E. coli* y presentado en la superficie de *B. subtilis* inactivado químicamente. La interacción entre el antígeno y la bacteria se evaluó mediante microscopía de inmunofluorescencia y resonancia de plasmones superficiales. Como resultado, se obtuvieron bacterias recubiertas con GnRH-FastAG[®] de forma específica y homogénea. Luego, se inmunizaron ratones BALB/c con tres dosis de GnRH-CBVs (20 µg GnRH/ds), y se evaluaron los niveles de anticuerpos IgG específicos y de sus isotipos IgG1/IgG2a mediante ELISA. Los niveles de anticuerpos IgG anti-GnRH alcanzaron un título de 2,6 log₁₀, resultado comparable al obtenido con el control positivo, una formulación con quitosano como adyuvante previamente validada por su eficacia inmunogénica. Asimismo, se observó una distribución mayoritaria de anticuerpos IgG1 respecto de IgG2a. Adicionalmente, evaluamos el perfil de citoquinas en macrófagos estimulados con GnRH-CBVs por RT-qPCR, observándose una sobreexpresión de IL-6, IL-10 e IL-1β. Estos resultados, sumados a los obtenidos para la distribución de isotipos de IgG, sugieren que GnRH-CBVs podría favorecer una respuesta polarizada del tipo Th2. Posteriormente, se realizó el análisis histológico de los testículos, el cual reveló una atrofia de los túbulos seminíferos, evidenciada por una disminución en el diámetro de los túbulos y un engrosamiento en el espesor de la túnica

albugínea, y una reducción en el número de espermátidas. Finalmente, se evaluaron los niveles de testosterona plasmática, detectándose una disminución de 12 veces en los niveles del grupo inmunizado con GnRH-CBVs respecto del control negativo. Estos resultados demuestran que la formulación GnRH-CBVs fue capaz de neutralizar a la GnRH, logrando la reducción de la esteroidogénesis y espermatogénesis, resultando una alternativa para el desarrollo de una vacuna segura y eficaz para la inmunocastración

SISTEMA DE PRESENTACIÓN DE ANTÍGENOS, BACILLUS SUBTILIS, VACUNAS BACTERIANAS RECUBIERTAS, HORMONA LIBERADORA DE GONADOTROPINA, INMUNOCASTRACIÓN

2/BA

COMPARACIÓN DEL PERFIL PROTEICO DE VENENOS DE ESCORPIONES CON RELEVANCIA SANITARIA DE TRES MUNICIPIOS DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

HOMSE, M. S.^a, RODRIGUEZ GIL, S.^b, MICELI, A. P.^b, NICOLAI, N. E.^c, ABRAHAMOVICH, P.^c, ALARCON, V. M. A.^c, CAVALITTO, S. F.^d, CAVELLO, I. A.^a

a) Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales - CINDEFI (CONICET-UNLP), Argentina

b) Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores - CEPAVE (CONICET - UNLP, Asoc. CICPBA), Argentina

c) Instituto Biológico "Dr. Tomás Perón", Departamento Sueros Hiperinmunes, Argentina

d) Centro de Investigación y Desarrollo en Fermentaciones Industriales, UNLP-CONICET, Argentina

melisa.homse@gmail.com

Se denomina escorpionismo al accidente

producido por la ponzoña de un ejemplar de escorpión, con inoculación de veneno. Éste es un problema de importancia en la salud pública. El veneno de los escorpiones del género *Tityus* es una secreción rica en péptidos neurotóxicos, especialmente aquellos que modulan los canales de Na⁺ o bloquean los canales de K⁺, y que, por lo tanto, pueden alterar la funcionalidad de la transmisión del impulso nervioso, siendo estas las alteraciones más evidentes observadas en el sistema nervioso autónomo. Hasta el 2003, la única especie comunicada causante de envenenamiento humano grave en la Argentina era *Tityus carrilloi* (ex- *trivittatus*), pero se han descrito accidentes fatales secundarios asociados a una nueva especie: *T. confluens*. Esta última, junto con *T. carrilloi*, están presentes en zonas diferentes y bien definidas en la ciudad de La Plata. Las primeras consultas de *Tityus* registradas en el CEPAVE, datan del año 2005. Hasta hoy, no hay estudios específicos sobre la composición proteica del veneno de *T. confluens* ni de *T. carrilloi*, de la región. En el presente trabajo, se realizó una comparación del perfil proteico de los venenos obtenidos de ejemplares de *T. confluens* (de La Plata) y *T. carrilloi* (un lote de La Plata y Quilmes, y otro lote de Chacabuco), provincia de Buenos Aires. Los venenos fueron extraídos de los ejemplares por electroestimulación, se colectaron en portaobjetos, se secaron al vacío, y se procedió a realizar una corrida electroforética en gel SDS-PAGE al 12 y 15%. Los resultados obtenidos se compararon con estudios previos, que reportan el perfil proteico del veneno de otros escorpiones del género *Tityus*: *T. trivittatus* (pertenecientes a poblaciones de Paraguay y Argentina), *T. discrepans* (Venezuela) y *T. serrulatus* (Brasil). El perfil proteico obtenido a partir del gel SDS-PAGE al 15%, mostró la presencia de proteínas con masas que varían entre 50 y 10 kDa, mientras que en el gel SDS-PAGE al 12%, se observaron bandas entre 66 y 30 kDa. Se registraron bandas de 25 y 18 kDa que eran características de las especies de poblaciones de Argentina, y no así de

las especies provenientes de los otros países; no se observó la banda de 50 kDa en *T. carrilloi*; las bandas menores a 14, 15, 30 y 45 kDa, estaban presentes en todas las especies, siendo las bandas de 14 kDa de especial importancia, ya que son características de las neurotoxinas que afectan a los canales de Na⁺ y K⁺. A partir de estos resultados, y con el propósito de avanzar en la caracterización integral de la toxicidad de los venenos de *T. confluent* y *T. carrilloi*, se prevé la incorporación de estrategias metodológicas complementarias en etapas subsiguientes del estudio

TITYUS CARRILLOI, TITYUS CONFLUENS, VENENO, PROTEÍNA, SDS-PAGE

3/BA

EVALUACIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE, EN HUEVOS DE GALLINAS, FRENTE A DISTINTAS FRACCIONES ANTIGÉNICAS DE UN EXTRACTO ACUOSO DE *LARREA DIVARICATA*

ASTUDILLO ESCUDERO, MARTIN E.^A; ACCORNERO, MARIA L.^A; PELLARIN, NICOLÁS W.^A; BOK, MARINA^B; DEL VALLE DÁVILA, SILVIA^A; MATTAR DOMÍNGUEZ, MARÍA A.^A

a) Facultad de Química, Bioquímica y Farmacia. Universidad Nacional de San Luis

b) INCUINTA, Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas, CICVyA, INTA

12023astudillomar@gmail.com

Se ha demostrado que las proteínas de *Larrea divaricata* (jarilla) son inmunogénicas en ratones. Los anticuerpos generados no solo reconocen las proteínas de la planta, sino que también presentan reactividad cruzada con proteínas de *Pseudomonas aeruginosa*. Este hallazgo sugiere

el potencial uso de estas proteínas en el desarrollo de vacunas o terapias inmunológicas contra infecciones bacterianas. Dado que la obtención de anticuerpos en ratones es un procedimiento invasivo, se propuso reemplazar este modelo animal por gallinas, ya que es posible aislar inmunoglobulina Y (IgY) a partir de la yema del huevo, promoviendo así el bienestar animal. Esto hace atractivo estudiar la respuesta inmunitaria de las gallinas frente a proteínas específicas. Trabajos previos demostraron la respuesta inmunogénica en gallinas inoculadas con proteínas mayores a 10 kDa de un extracto acuoso parcialmente purificado de jarilla (JP10). El objetivo del presente trabajo fue evaluar si un fraccionamiento adicional del extracto podía mejorar la inmunogenicidad. Para ello, se obtuvieron proteínas mayores a 10 kDa (JP10) y mayores a 30 kDa (JP30) mediante concentradores Millipore con membranas de corte de 10 y 30 kDa, respectivamente. Tres gallinas Hy Line Brown (Cabaña Avícola Feller, Entre Ríos, Argentina) fueron inmunizadas por vía intramuscular con 0,5 mL de una emulsión conteniendo 75 µg de JP10 o JP30 1:1 adyuvante Montanide™ ISA 71 VG. Se administraron tres dosis a intervalos de 15 días, alternando entre músculos pectorales izquierdo y derecho. Los huevos fueron recolectados antes, durante y hasta 15 días después de la última inmunización. Para evaluar la respuesta inmune, se realizó un ELISA cualitativo empleando JP10 como antígeno sensibilizante. Las yemas se diluyeron 1:64 en PBS, y se utilizó un anticuerpo secundario anti-IgY de conejo conjugado con peroxidasa (Abcam). Yemas preinmunes fueron utilizadas como controles negativos. Los resultados mostraron que ambas fracciones, JP10 y JP30, inducen una respuesta inmunogénica en gallinas, significativa, en comparación con los controles ($p < 0.05$). Por otra parte, cuando se compararon los resultados de ambas muestras, se observó que JP30 generó una respuesta significativamente mayor, sugiriendo que las proteínas de mayor peso molecular constituyen un mejor candidato inmunogénico, ya sea

por la calidad (ausencia de proteínas menores de 30 kDa) o cantidad (aumento de la concentración de proteínas mayores de 30 kDa). Como trabajo futuro, se propone evaluar la respuesta inmunitaria utilizando mayores concentraciones de JP30 y JP10, como así también la evaluación de otras fracciones proteicas de mayor peso molecular para determinar si se logran mejores niveles de IgY anti-jarilla. Asimismo, para explorar la reactividad cruzada frente a *P. aeruginosa*, se plantea realizar ensayos preliminares (ELISA) utilizando proteínas de esta bacteria como diana a fin de encontrar el mejor candidato biotecnológico frente a las infecciones producidas por esta bacteria

LARREA DIVARICATA, IGY, REACTIVIDAD CRUZADA, GALLINAS PONEDORAS, PSEUDOMONAS AERUGINOSA

