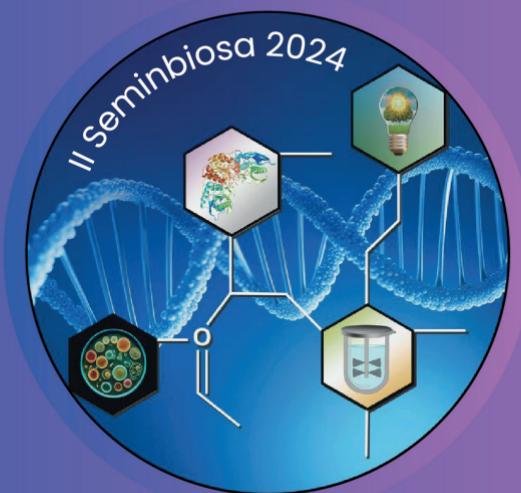


Libro de resúmenes

II SEMINARIO INTERNACIONAL EN BIOTECNOLOGÍA PARA LA SALUD



Amparo Iris Zavaleta (Editora)



Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Medicina



II SEMINARIO INTERNACIONAL EN BIOTECNOLOGÍA PARA
LA SALUD
LIBRO DE RESÚMENES

AMPARO IRIS ZAVALET
EDITORIA

**II Seminario
Internacional en
Biotecnología para la
Salud
Libro de resúmenes**



Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Medicina

Zavaleta, Amparo Iris (ed.)

II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud. Libro de resúmenes / Amparo Iris Zavaleta. 1.^a ed. digital. Lima: Fondo Editorial de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, 2025.

178 pp.; 13.5 x 21 cm

Microorganismos / inteligencia artificial / bioeconomía / bioprocessos / microencapsulación

ISBN 978-9972-46-787-5

Depósito legal n.^o 2025-09105

Primera edición digital

Lima, diciembre de 2025

© Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Fondo Editorial

Av. Germán Amézaga n.^o 375, Ciudad Universitaria, Lima, Perú

(01) 619 7000, anexos 7529 y 7530

fondoedit@unmsm.edu.pe

© Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Facultad de Medicina

Av. Grau n.^o 755, Lima, Perú

(01) 619 7000, anexo 4601 / (01) 328 1154

© Amparo Iris Zavaleta, editora

Dirección General de Bibliotecas y Publicaciones

Pablo Sandoval López, director general

Dirección del Fondo Editorial y Librería

Luis Alberto Suárez Rojas, director

Cuidado de edición

Luis Eduardo Zúñiga Morales

Diseño de cubierta

Angello Chirinos Villanueva

Queda prohibida la reproducción total o parcial de la presente edición, bajo cualquier modalidad, sin la autorización expresa de la titular de los derechos.

**Autoridades de la
Universidad Nacional Mayor de San Marcos**

Dra. Jeri Gloria Ramón Ruffner de Vega
Rectora

Dr. Carlos Francisco Cabrera Carranza
Vicerrector Académico

Dr. José Segundo Niño Montero
Vicerrector de Investigación y Posgrado

**Grupo de Investigación en Biotecnología Microbiana y
Salud (Biomías)**
Facultad de Farmacia y Bioquímica

Coordinadora
Dra. Amparo Iris Zavaleta Pesantes

Integrantes

Dr. Eduardo Flores Juárez
Dr. Víctor Luis Izaguirre Pasquel
Dra. Karim Lizeth Jiménez Aliaga
Dra. Carmen Gladys Peña Suasnabar
Mg. Pamela Elizabeth Canales Mormontoy
Mg. Adrián Arturo Intiquilla Quispe
Mg. Cynthia Giovanna Esquerre Huallpa
Mg. Elizabeth Liz Chávez Hidalgo

II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud

Organizadores

Presidenta

Dra. Amparo Zavaleta Pesantes

Miembros

Dra. Karim Jiménez Aliaga

Mg. Pamela Canales Mormontoy

Mg. Arturo Intiquilla Quispe

Comité Científico

Dra. Maritza Puray Chávez

Mg. Inés Arnao Salas

Colaboradores

Susana Calderón Toledo

Lucero Belén Mostacero Arango

Keyla Sofía Llontop Bernabé

Carlos Daniel Ramírez Veliz

Astrid Gwyneth Ayzanoa Huillcahuaman

Francesca Isabel Egocheaga Maguiña

Jorge Johnny Huayllacayan Mallqui

Gina Acuña Ramírez

II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud

Áreas temáticas

Biotecnología médica

Biotecnología farmacéutica

Biotecnología cosmética

Biotecnología de enzimas y procesos

Biotecnología agroalimentaria

Biotecnología ambiental

Nanobiotecnología

Índice

Presentación	17
Homenaje al 25 aniversario del Laboratorio de Biología Molecular	19
 Resúmenes de conferencias / 21	
Impacto de los microorganismos halófilos en la salud: perspectivas actuales y futuras	23
<i>Dra. Amparo Zavaleta</i>	
Aplicación de la inteligencia artificial en el uso de microorganismos para alimentación humana y animal	26
<i>Ing. Catalina Garrido</i>	
Innovación verde: descubriendo el poder de los inhibidores de proteasas vegetales en biomedicina	29
<i>Dra. Mónica Parisi</i>	
Bioeconomía circular: uso de residuos orgánicos y proteínas alternativas para la acuicultura	32
<i>Dra. Natalia Bullon</i>	
Bioprocessos para la producción y escalamiento de proteínas recombinantes	35
<i>Dra. Carol Flores</i>	

Procesos biotecnológicos aplicados en el aprovechamiento de proteínas vegetales <i>Dra. Karim Jiménez</i>	38
Síntesis enzimática de azúcares raros derivados de lactosa <i>Dr. Andrés Illanes</i>	43
Post-bióticos en cosmética: innovación biotecnológica para el cuidado de la piel <i>Dra. Beatriz Valenzuela</i>	47
Proteínas vegetales: más allá de su valor nutricional <i>Dra. Blanca Hernández</i>	50
Ciencias ómicas aplicadas a los probióticos <i>Dr. Adriano Brandelli</i>	53
Producción y aplicaciones de polímeros bacterianos <i>Dr. Alvaro Díaz Barrera</i>	57
Nanoencapsulación de bioactivos con enfoque terapéutico <i>Dr. Alexander Gamboa</i>	60
Microencapsulación como estrategia para mejorar la viabilidad de probióticos en alimentos termoprocесados <i>Dra. Miriam Memenza Zegarra</i>	63
Actividad anti-sars-cov-2 de violaceína encapsulada en transportadores de lípidos híbridos nanoestructurados <i>Dr. Guillermo Castro</i>	66

Resúmenes de presentaciones orales / 69

N-truncamiento del gen <i>ansZ</i> para la expresión heteróloga de L-asparaginasa II	71
<i>Annsy Arredondo-Nuñez, Amparo Iris Zavaleta</i>	
Evaluación de la diafiltración/ultrafiltración tangencial y ultrafiltración tangencial directa como métodos escalables para la obtención de la fracción albúmina <i>Erythrina edulis</i>	74
<i>Astrid Ayzanaoa Huilcahuaman, Francesca Egocheaga Maguiña, Karim Jiménez Aliaga, Arturo Intiquilla Quispe, Cristian Tapia Villanueva, Amparo Iris Zavaleta</i>	
Sobreexpresión de NAD(P)+ transhidrogenasa en <i>Azotobacter vinelandii</i> OP	77
<i>Susana Calderón-Toledo, Danilo Pérez Pantoja, Álvaro Díaz Barrera</i>	
Estrategias para la construcción de plásmidos mediante clonación <i>in vivo</i> en <i>Saccharomyces cerevisiae</i> para la obtención de oligopéptidos con reportada actividad quelante de hierro	80
<i>Pamela E. Canales, Ana A. Kitazono</i>	
<i>Multiproduct sugar beet pulp biorefinery using thermophilic enzymes</i>	84
<i>Max Cardenas-Fernandez, Luca Ferrarotto, Tavion Smith, Nathali Flores-Fernandez, Gary J Lye, John M. Ward</i>	

Ultrafiltración de flujo cruzado como un sistema escalable para la obtención de la fracción albúmina de semillas de <i>Erythrina edulis</i>	87
<i>Francesca Egocheaga, Astrid Ayzanoa, Karim Jimenez-Aliaga, Arturo Intiquilla, Amparo Iris Zavaleta, Cristian Tapia</i>	
Microalgas como indicadores biológicos de ecotoxicidad de quinolonas	91
<i>Ana M. Gagneten, Natalí Romero, Silvia Hernández, Silvina V. Kergaravat</i>	
Levaduras etanol tolerantes aisladas de la fermentación del café del distrito de Perené-Chanchamayo	95
<i>Mishell Hinostroza Pérez, Nathali Flores Fernández</i>	
Evaluación de remoción de cromo (VI) de efluentes de curtiembre empleando nanopartículas de jarosita residual sintetizadas con extracto de cáscara de pecana (<i>Carya illinoiensis</i>)	98
<i>Anggeli Solansh Huacasi Bellido, Susan Flores Calla, Naysha Meza Elguera, Stephanie Sosa Pulcha, Antonio Erick Linares Flores Castro, Hugo Jiménez Pacheco</i>	
Búsqueda de nuevos péptidos bioactivos de la fracción albúmina de <i>Lupinus mutabilis</i> mediante análisis proteómico y bioinformático	101
<i>Jorge Huayllacayan Mallqui, Arturo Intiquilla, Karim Jiménez Aliaga, Amparo Iris Zavaleta, Samuel Paterson, Blanca Hernández Ledesma</i>	

Compuestos volátiles y actividad antimicrobiana del aceite esencial de <i>Tanacetum vulgare</i> L. sobre <i>Escherichia coli</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> y <i>Candida albicans</i> multidrogoresistentes <i>Juan Huarachi, Fanny Flores</i>	105
Actividad antioxidante y antihipertensiva de hidrolizados proteicos de leguminosas andinas obtenida con una proteasa neutra de <i>Micrococcus</i> sp. PC7 <i>Arturo Intiquilla Quispe, César Bautista, Camila Arredondo, Adriano Brandelli, Karim Jiménez Aliaga, Amparo Iris Zavaleta</i>	108
Evaluación de actividad promotora de crecimiento vegetal en bacterias asociadas a rizósfera de plantas de café (<i>Coffea arabica</i>) <i>Sofía M. Jiménez-Ruiz, Licia Y. Salvatierra-Capcha, Mayumi J. Davila-Quispe, Omar S. Pillaca-Pullo</i>	112
Efecto del tiempo de deslupinización de semillas de <i>Lupinus mutabilis</i> «tarwi» en la actividad antioxidante <i>Keyla Sofía Llontop-Bernabé, Carlos Daniel Ramírez Véliz, Abraham Quispe, Arturo Intiquilla, Karim Jiménez-Aliaga, Amparo Iris Zavaleta</i>	116
Frecuencia de los polimorfismos del gen NRAMP1 en pacientes con tuberculosis pulmonar de un centro de salud de Chiclayo-Perú, 2023 <i>José Núñez, César Nique-Carabajal</i>	119

Efecto inhibitorio de un recubrimiento comestible a base de celulosa microbiana y aceite esencial de muña contra microorganismos patógenos con potencial aplicación para la preservación de frutas	123
<i>Lisbeth Contreras-Enciso y Miriam Memenza-Zegarra</i>	
Péptidos antimicrobianos e hidrolizados de kañihua (<i>Chenopodium pallidicaule aellem</i>) variedad ramis y cupi-sayhua	126
<i>Gladys Moscoso-Mujica, Ángel Mujica, Inés Arnao, Carlos Moscoso-Neira</i>	
Ensayos de seguridad de <i>Lactiplantibacillus</i> sp. LM18 aislado de <i>Vigna radiata</i> «frejol chino» germinado y fermentado espontáneamente	130
<i>Lucero Mostacero-Arango, César Salcedo-Okuma, Amparo Iris Zavaleta</i>	
Caracterización molecular del síndrome de Lynch en el Perú	133
<i>César Níque Carbajal</i>	
Producción del exopolisacárido pululano en un biorreactor de tanque agitado	138
<i>Nayeli Ortiz Silos, Julio C. dos Santos, Ruly Terán Hilares</i>	
Digestibilidad de proteínas vegetales mediante fermentaciones lácticas	142
<i>Daniel Pariona-Velarde, Maciela Puñez Yance, Lizet Bandan Cortez</i>	
Características bioactivas de extractos a partir de hidrolizado de cáscara de café variedad catimor	145
<i>Maciela Puñez Yance, Daniel Pariona-Velarde</i>	

Clonación, expresión y caracterización bioquímica de una pululanasa termófila de <i>Geobacillus</i> sp. G4 <i>Alonso R. Poma Ticona, Roberto Castellanos Cabrera, Heber E. Ramirez-Arua, Jéssica Pinheiro Silva, Pedro R. Vieira Hamann, Igor Polikarpov</i>	148
Actividad antioxidante de la fracción albúmina de semillas de <i>Lupinus mutabilis</i> luego de una digestión gastrointestinal simulada y alcalasa <i>Carlos Ramírez-Véliz, Adrián Intiquilla, Karim Jiménez-Aliaga, Abraham Quispe, Amparo Iris Zavaleta</i>	153
Efecto de la electropolimerización de fenotiazinas sobre electrodos de carbono dentro de las tecnologías electroquímicas microbianas <i>Silvia Sato Soto, Seiya Tsujimura</i>	156
Caracterización microbiológica de cepas de <i>Candida tropicalis</i> aisladas de hemocultivos en un centro de referencia oncológico <i>Lady J Serna, Daniel Aguilar, Juan Torres, Samuel Matos</i>	159
Conclusiones / 163	
Conclusiones del evento	165
Anexos / 167	
Normas para la publicación de resúmenes de conferencias	169
Normas para la publicación de resúmenes de pósteres	173
Programa	176
Publicidad del evento	178

Presentación

La biotecnología permite la interrelación de diversas disciplinas en beneficio de la sociedad, así como afrontar los desafíos globales del desarrollo tecnológico y el cambio climático. Por ello, el II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud (II Seminbiosa) reúne a investigadores nacionales e internacionales para compartir sus saberes, experiencias y perspectivas en áreas relacionadas.

Este evento tiene por objetivo difundir los avances científico-tecnológicos en el uso de microorganismos, enzimas, biopolímeros y otros metabolitos, bioprocessos y tecnologías con potencial uso directo o indirecto en salud. Con este Seminario Internacional, el Grupo de Investigación en Biotecnología Microbiana y Salud promueve la valorización de la biodiversidad, el desarrollo de nuevas estrategias y tecnologías que favorezcan el desarrollo socioeconómico y afronten los desafíos del cambio climático, la formación de redes de investigación y la vinculación de la academia con los sectores productivos y la comunidad.

EL COMITÉ ORGANIZADOR

Veinticinco años del Laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Farmacia y Bioquímica (1999-2024)

Desde el 10 de agosto de 1999, el Laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos ha promovido la investigación básica y aplicada en biotecnología microbiana de ambientes extremos y, actualmente, ha incorporado las áreas temáticas de enzimas, bioprocessos y evaluación *in vitro* de bioactivos. En 2017, el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado reorganizó el sistema de investigación de la Universidad; en este marco, los integrantes del Laboratorio formaron el grupo de investigación denominado: «Biotecnología Microbiana y Salud (Biomias)».

Durante sus 25 años (1999-2024) de actividades ininterrumpidas, se han generado conocimientos relacionados con biotecnología para la salud y difundido sus resultados en numerosos eventos y revistas científicas nacionales e internacionales de alto impacto. De igual forma, se ha apoyado al fortalecimiento de capacidades de los profesionales del sector productivo mediante cursos especializados en el ámbito biotecnológico.

Por otro lado, como parte de su orientación hacia la internacionalización, el Laboratorio colabora y recibe asistencia científico-tecnológica permanente de docentes e investigadores especializados de universidades y centros de investigación internacionales (Australia, Brasil, Chile, España, Finlandia, Inglaterra, México). Asimismo, los miembros del grupo de investigación participan en docencia y actividades organizadas por las instituciones colaboradoras internacionales. En este aspecto, se fomenta la movilidad bidireccional tanto de investigadores como de tesistas.

En relación con su futuro, la presencia de profesores jóvenes, altamente capacitados, con estudios de doctorado en universidades de prestigio nacionales y del extranjero, augura al grupo de investigación Biomias un rol relevante y sostenido en el ámbito académico y en la generación de ciencia, tecnología e innovación en biotecnología para la salud en un contexto global que implica la sociedad y el ambiente.

Es destacable el trabajo de elevado nivel y compromiso que realizan los docentes miembros del grupo de investigación Biomias por viabilizar las actividades permanentes mediante la búsqueda de financiamiento de fuentes internas y externas. Es de reconocer el alto grado de desprendimiento y la colaboración permanente de los exestudiantes del Laboratorio en aras del fortalecimiento del grupo de investigación y en el proceso de formación de futuros investigadores.

Como coordinadora del grupo de investigación Biomias y responsable del laboratorio, expreso un agradecimiento especial a las personas y organizaciones que han hecho posible la celebración del II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud en el marco de estos 25 años de fructífera labor, de igual forma deseo que sean muchos más con la participación de los docentes jóvenes y tesistas, de quienes espero grandes contribuciones para el desarrollo socioeconómico, tecnológico y la innovación del país.

AMPARO IRIS ZAVALET
Laboratorio de Biología Molecular
Facultad de Farmacia y Bioquímica,
Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Referencia

Biotecnología Microbiana y Salud (6 de diciembre 2024).
<https://siis.unmsm.edu.pe/es/organisations/biotecnologia-microbiana-y-salud>



II SEMINARIO INTERNACIONAL
EN BIOTECNOLOGÍA PARA LA SALUD

**Resúmenes
de conferencias**

Impacto de los microorganismos halófilos en la salud: perspectivas actuales y futuras

DRA. AMPARO IRIS ZAVAleta

Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica,
Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú.
azavaletap@unmsm.edu.pe

Los microorganismos que habitan ecosistemas salinos poseen varias adaptaciones fisiológicas y moleculares para afrontar condiciones adversas y desafiantes de temperatura, pH, salinidad, presión, entre otros. En este contexto tanto las arqueas como las bacterias producen diversos compuestos, tales como carotenoides, enzimas, polisacáridos, polihidroxialcanoatos, péptidos, aminoácidos secundarios, polioles. De ambientes salinos peruanos se han descrito los géneros *Bacillus*, *Halomonas*, *Marinobacter*, *Salinicoccus*, *Idiomarina*, *Oceanobacillus*, *Virgibacillus*, *Pseudomonas*, *Pseudoalteromonas*, *Barrienteosiimonas*, *Micrococcus*, *Psychrobacter*, *Haloarcula*, *Haloferax*, *Halorubrum*. Las investigaciones sobre microorganismos halófilos y sus potenciales enzimas se incrementan como resultado de la secuenciación de genomas, la biología sintética, el diseño racional y la recombinación de genes, que favorecen nuevas aplicaciones de estas en las industrias. Asimismo, se explora su aplicación en reacciones a escala industrial para reemplazar el uso de productos químicos agresivos y disminuir el impacto ambiental, debido a que los biocatalizadores proporcionan un enfoque más sostenible que los procesos químicos tradicionales que usan reacciones de alta energía o pH, factores que contribuyen al calentamiento global. Las enzimas

de microorganismos de ambientes extremos son herramientas clave para la generación de nuevos productos, procesos y servicios en el sector biotecnológico, en vista de su capacidad para soportar condiciones exigentes de reacción en términos de estabilidad y reactividad en amplios rangos de temperatura y pH. Así, por ejemplo, las proteasas termoestables son beneficiosas para la generación de péptidos bioactivos y síntesis de nuevos compuestos. Su uso en la industria abarca desde insumos alimentarios, farmacéuticos, médicos, cosméticos, detergentes de uso doméstico, clínico y ambiental, entre otros. Por ello, en esta presentación se analizan las características y el impacto de enzimas aisladas de microorganismos halófilos, en especial de las proteasas para su uso prospectivo en diversas industrias biotecnológicas.

PALABRAS CLAVE: Ambientes salinos, insumos biotecnológicos, proteasas bacterianas.

Referencias

1. Brandelli, A., & Daroit, D. J. (2024). Unconventional microbial proteases as promising tools for the production of bioactive protein hydrolysates. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 64(14), 4714-4745.
2. Bawane, P., Deshpande, S., & Yele, S. (2024). Industrial and pharmaceutical applications of microbial diversity of hypersaline ecology from lonar soda crater. *Current Pharmaceutical Biotechnology*, 25(12), 1564-1584.
3. Flores-Santos, J. C., Zavaleta, A. I., Flores-Fernández, C. N., Chávez-Hidalgo, E., Izaguirre, V., & Brandelli, A. (2020). Production and characterization of extremophilic proteinases from a new enzyme source, Barrientosiimonas sp. V9. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 190, 1060-1073.

4. Rawat, M., Chauhan, M., & Pandey, A. (2024). Extremophiles and their expanding biotechnological applications. *Archives of Microbiology*, 206(6), 247.

CV de la conferencista

Químico Farmacéutica, Magíster en Ciencias y Doctora en Medicina (Programa de Biotecnología, Universidad de Alicante, España). Miembro de la Sociedad Americana de Microbiología desde 1990. Coordinadora del Grupo de Investigación en Biotecnología Microbiana y Salud (Biomias) y Coordinadora del Programa de Maestría en Biotecnología de la Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (desde 2017-presente). Investigadora RENACYT-Nivel II. Su actividad de investigación se centra en valoración de moléculas de interés biotecnológico producido por microorganismos de ambientes extremos. Es autora de más de 39 publicaciones científicas y presentaciones en congresos nacionales e internacionales. Ha asesorado a tesis de pregrado y posgrado; y participado en proyectos nacionales e internacionales.

Aplicación de la inteligencia artificial en el uso de microorganismos en alimentación humana y animal

ING. CATALINA CONSTANZA GARRIDO ROJAS

Liva Company - Chile

catalina@livacompany.com

La aplicación de la inteligencia artificial (IA) en la formulación de probióticos para suplementar la alimentación del futuro representa una revolución en la industria de alimentación tanto humana como animal, permitiendo el diseño de formulaciones personalizadas según necesidades individuales y su uso en la predicción de efectividad de diferentes formulaciones. Esto se logra a través de la integración de tecnologías emergentes como la metagenómica bacteriana, la tecnología de fermentación de precisión y tecnologías de microencapsulamiento de probióticos, para poder diseñar fórmulas con IA y luego aplicarlas en diferentes matrices alimentarias.

Actualmente con IA podemos analizar datos de salud, hábitos alimenticios y lo más interesante que podemos estudiar de forma personalizada la composición de las microbiotas de individuos para identificar necesidades específicas de bienestar y salud y con ello seleccionar las cepas de probióticos más adecuadas para restablecer el equilibrio de la microbiota. También con IA se puede llegar en el futuro a optimizar la dosis y la combinación de nutrientes para maximizar la eficacia de cada fórmula. Además, la IA puede simular interacciones entre probióticos y otros ingredientes funcionales, predecir

resultados y ajustar formulaciones en consecuencia. La aplicación de la IA en la alimentación del futuro también implica el desarrollo de nuevos productos innovadores, como alimentos funcionales y suplementos personalizados y optimizados. Esto puede tener un impacto significativo en la salud y bienestar, especialmente en áreas como la salud intestinal, la inmunidad y la prevención de enfermedades crónicas.

Sin embargo, la aplicación de la IA en la formulación de probióticos también plantea desafíos relacionados con la calidad de datos, regulación y privacidad. Es fundamental asegurar la precisión y confiabilidad de los datos utilizados para entrenar los modelos de IA y garantizar la seguridad y eficacia de los productos desarrollados.

En general, la IA tiene el potencial de revolucionar la industria alimentaria y mejorar significativamente la salud y bienestar de los consumidores. Su aplicación en la formulación de probióticos y la alimentación es emocionante y prometedora, y requiere una colaboración interdisciplinaria entre expertos en IA, nutrición, microbiología, biotecnología y regulación para asegurar su éxito.

PALABRAS CLAVE: Nutrición probiótica, alimentación del futuro, inteligencia artificial, microbiota y salud, probióticos para control de patógenos.

Referencias

1. Álvarez, J., Real, J. M. F., Guarner, F., Gueimonde, M., Rodríguez, J. M., de Pipaon, M. S., & Sanz, Y. (2021). Microbiota intestinal y salud. *Gastroenterología y Hepatología*, 44(7), 519-535.
2. Almonacid DE, Kraal L, Ossandon FJ, Budovskaya YV, Cardenas JP, Bik EM, et al. (2017) 16S rRNA gene sequencing and healthy

- reference ranges for 28 clinically relevant microbial taxa from the human gut microbiome. PLoS ONE 12(5): e0176555. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0176555> pmid:28467461
3. Das, A., Behera, R. N., Kapoor, A., & Ambatipudi, K. (2023). The potential of meta-proteomics and artificial intelligence to establish the next generation of probiotics for personalized healthcare. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 71(46), 17528-17542.
 4. D'Urso, F., & Broccolo, F. (2024). Applications of artificial intelligence in microbiome analysis and probiotic interventions— An overview and perspective based on the current state of the art. *Applied Sciences*, 14(19), 8627.
 5. McCoubrey, L. E., Seegobin, N., Elbadawi, M., Hu, Y., Orlu, M., Gaisford, S., & Basit, A. W. (2022). Active machine learning for formulation of precision probiotics. *International Journal of Pharmaceutics*, 616, 121568.

CV de la conferencista

Catalina Garrido, Ingeniera en Biotecnología y licenciada en ciencias de la ingeniería. Cuenta con 8 años de experiencia en investigación, desarrollo de productos y creación de empresas. Ha fundado 5 empresas y liderado 10 proyectos I+D+i apoyada por APTA, Sercotec, Corfo, Start-Up Chile, Innova Chile, Innovo Usach, Austral Incuba, Microsoft IA, ANID. El 2020 funda la startup Liva Company, primera en Chile en desarrollar tecnologías para la producción de probióticos para humanos y animales. Hoy Liva está internacionalizada en LATAM y crece por bootstrapping. Catalina es un actor activo en el ecosistema tecnológico latinoamericano, por ello participa como directora en Corporación Científica Chilena, y como Líder en infraestructura en el Gremio FoodTech Chile y como docente universitaria en cursos de innovación y emprendimiento. Premiada por Mujeres Empresarias como Emprendedora STEM, por la USACH con Premios íconos, y reconocida por la red de Gestores de Transferencia Tecnológica por su empresa en categoría EBCT.

Innovación verde: descubriendo el poder de los inhibidores de proteasas vegetales en biomedicina

DRA. MÓNICA GRACIELA PARISI

Departamento de Ciencias Básicas e Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES, CONICET-UNLU). Universidad Nacional de Luján, Argentina
monicaparisiunlu@gmail.com

Los inhibidores de proteasas son moléculas que regulan la actividad de las proteasas, enzimas cruciales en procesos celulares como la degradación de proteínas y la transducción de señales. Un desbalance en la actividad de las proteasas puede conducir a desórdenes fisiopatológicos, por lo que los inhibidores peptídicos de proteasas (IPPs), tanto naturales como sintéticos, emergen como herramientas terapéuticas en medicina y agentes de control biológico en agricultura, ofreciendo soluciones sostenibles y de bajo impacto ambiental^{1,2}.

La biodiversidad vegetal es una fuente significativa de IPPs. Muchos de estos contienen alto contenido de residuos de cisteína formando puentes disulfuro, confiriéndoles resistencia al tratamiento térmico y estabilidad frente a cambios de pH, agentes desnaturalizantes, fuerza iónica y proteólisis. Se expresan principalmente en tejidos de almacenamiento y partes aéreas de las plantas regulando funciones vitales como el crecimiento celular y la apoptosis, así como en respuesta a una lesión o frente al ataque de insectos o patógenos ya que interfieren con su proceso digestivo. En medicina, se utilizan para inactivar proteasas implicadas en enfermedades como artritis, pancreatitis, hepatitis, cáncer, sida, trombosis, enfisema, hipertensión y distrofia muscular, entre otras³.

Esta presentación proporciona una visión comparativa de los IPPs vegetales, clasificándolos según su estabilidad térmica y de pH, resaltando sus características fisicoquímicas y analizando las actividades biológicas más relevantes para posibles aplicaciones en biomedicina, industria alimentaria y agricultura^{4,5}.

Nuestro grupo de trabajo investiga los IPPs termoestables de origen vegetal para evaluar su potencial aplicación biomédica. Hemos estudiado los IPPs de tubérculos de papas andinas (*Solanum tuberosum* subsp. *andigenum*), semillas de berenjena (*Solanum melongena*), morrón amarillo (*Capsicum annuum*), chañar (*Geoffroea decorticans*) y moringa (*Moringa oleifera*), evaluando su potencial bioactividad como alternativa ecológica para la síntesis de fármacos debido a su baja toxicidad y fácil biodegradabilidad. Los IPPs vegetales con sus propiedades únicas de estabilidad y regulación de la actividad proteolítica, se destacan como biomoléculas innovadoras para la investigación y el desarrollo biotecnológico, ofreciendo soluciones sostenibles en salud y control de plagas, y constituyendo una potencial herramienta en la agricultura y la biomedicina moderna.

PALABRAS CLAVE: Inhibidores peptídicos de proteasas, péptidos vegetales, proteínas reguladoras, moléculas termoestables, aplicaciones biomédicas.

Referencias

1. Singh, S., Singh, A., Kumar, S., Mittal, P., & Singh, I. K. (2020). Protease inhibitors: recent advancement in its usage as a potential biocontrol agent for insect pest management. *Insect Science*, 27(2), 186-201.
2. Sojka, D., Šnebergerová, P., & Robbertse, L. (2021). Protease inhibition— an established strategy to combat infectious

- diseases. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(11), 5762.
3. Marathe, K. R., Patil, R. H., Vishwakarma, K. S., Chaudhari, A. B., & Maheshwari, V. L. (2019). Protease inhibitors and their applications: An overview. *Studies in Natural Products Chemistry*, 62, 211-242.
 4. Cobabarren, J., Lufrano, D., Parisi, M. G., & Obregón, W. D. (2020). Biotechnological, biomedical, and agronomical applications of plant protease inhibitors with high stability: A systematic review. *Plant Science*, 292, 110398.
 5. Parisi, M. G., Ozón, B., Vera González, S. M., García-Pardo, J., & Obregón, W. D. (2024). Plant protease inhibitors as emerging antimicrobial peptide agents: A comprehensive review. *Pharmaceutics*, 16(5), 582.

CV de la conferencista

Mónica Parisi es Licenciada en Química y Doctora en Ciencias Aplicadas de la Universidad Nacional de Luján. Es investigadora del Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET/UNLu) y Profesora Asociada responsable del área Química Biológica del Departamento de Ciencias Básicas de la Universidad Nacional de Luján, donde ha desarrollado su carrera académica. Su actividad en investigación se inició con el aislamiento y caracterización de proteasas e inhibidores de proteasas de origen vegetal, y actualmente se centra en la aplicación de estas enzimas para la producción de péptidos bioactivos a partir de residuos agroindustriales. Es autora de más de 30 publicaciones científicas y numerosas presentaciones en congresos nacionales e internacionales. Ha dirigido estudiantes de grado y posgrado, ha participado en proyectos nacionales e internacionales, como miembro de tribunales de concursos, tesis doctorales, en la evaluación de proyectos de I+D+I y como miembro de comités editoriales de revistas y libros. Ha desarrollado también actividades de gestión en la Universidad Nacional de Luján.

Bioeconomía circular: uso de residuos orgánicos y proteínas alternativas para la acuicultura

NATALIA BULLON, PhD

Auckland University of Technology, New Zealand
natalia.bullon@aut.ac.nz

A nivel mundial, la industria de la acuicultura ha enfrentando críticas por el uso excesivo de harina de pescado (FM) en alimentos formulados, debido a la sobreexplotación de peces silvestres para alimentar especies acuáticas. La acuicultura terrestre depende principalmente de alimentos formulados comerciales (CF) que utilizan la harina de pescado como fuente principal de proteína. Ingredientes alternativos, como la harina de insectos (IM) y el orujo de uva (GM), son candidatos potenciales para reemplazar la FM debido a sus perfiles nutricionales comparables y métodos de producción sostenibles. Sin embargo, la información sobre las características de IM y FM y su interacción en animales acuáticos es escasa. El objetivo de este estudio fue caracterizar las propiedades físicas y químicas de dietas formuladas que contienen IM y GM, utilizando el abulón de Nueva Zelanda como modelo animal. Los resultados mostraron diferencias significativas entre las dietas experimentales y la CF en términos de tiempo de hundimiento del alimento, peso de las partículas y análisis microscópico. La inclusión de IM y GM comprometió la estabilidad de las cápsulas de alginato en comparación con los gránulos extruidos de la CF. Sin embargo, las dietas experimentales demostraron una mayor estabilidad en el agua que la CF, lo que

podría facilitar la limpieza de los tanques y reducir las pérdidas de sólidos. Además, la inclusión de IM y GM no afectó significativamente la biodisponibilidad de los nutrientes, ya que el aumento de peso de los animales fue similar entre los grupos. No obstante, la longitud de la cáscara y el índice de conversión alimenticia (FCR) fueron significativamente diferentes entre las dietas. En conclusión, las cápsulas de alginato son un método de administración más estable para la alimentación del *Haliotis iris*. La harina de insectos y el orujo de uva son sustitutos efectivos de las proteínas en las formulaciones de piensos para abulón, favoreciendo el crecimiento y presentando características fisicoquímicas favorables.

PALABRAS CLAVE: Acuicultura, economía circular, harina de insecto, orujo de uva, abalon.

Referencias

1. Bullon, N., Seyfoddin, A., & Alfaro, A. C. (2023). The role of aquafeeds in abalone nutrition and health: A comprehensive review. *Journal of the World Aquaculture Society*, 54(1), 7-31.
2. Bullon, N., Seyfoddin, A., Hamid, N., Manivannan, M., & Alfaro, A. C. (2024). Effects of insect meal and grape marc in the nutritional profile, growth, and digestibility of juvenile New Zealand farmed abalone. *Aquaculture International*, 32(2), 1507-1536.
3. Bullon, N., Seyfoddin, A., Dezfooli, S. M., Young, T., & Alfaro, A. C. (2023). Nutritional and metabolomic changes of juvenile farmed abalone (*Haliotis iris*) in New Zealand. *Aquaculture Research*, 2023(1), 3297576.
4. Bullon, N., Alfaro, A. C., Hamid, N., Masoomi Dezfooli, S., & Seyfoddin, A. (2023). Effect of dietary insect meal and grape marc inclusion on flavor volatile compounds and shell color of

- juvenile abalone *Haliotis iris*. *Aquaculture Nutrition*, 2023(1), 6628232.
5. Bullon, N., Alfaro, A. C., Guo, J., Copedo, J., Nguyen, T. V., & Seyfoddin, A. (2023). Expanding the menu for New Zealand farmed abalone: dietary inclusion of insect meal and grape marc (effects on gastrointestinal microbiome, digestive morphology, and muscle metabolome). *New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research*, 1-30.

CV de la conferencista

Natalia Bullon es docente en la Escuela de Ciencias de la Universidad Tecnológica de Auckland, Nueva Zelanda. Su investigación se centra en la nutrición acuática, piensos acuícolas sostenibles, diseño de sistemas de administración de piensos, ingredientes alternativos con potencial para la alimentación acuícola y la ciencia de los alimentos para la nutrición en acuicultura. Además, siente una gran pasión por los proyectos multidisciplinarios, incluyendo áreas novedosas en micro-electrobioquímica, digestión anaerobia y producción de proteína sostenibles a partir de residuos orgánicos. Natalia es también líder de proyectos de investigación para Vertus Energy, una start-up que busca revolucionar el campo de la energía sostenible a través de tratamientos catalizados por bacterias.

Bioprocessos para la producción y aplicación de proteínas recombinantes

DRA. CAROL NATHALI FLORES FERNÁNDEZ

Wellcome Trust Centre for Human Genetics, Nuffield Department of Medicine, University of Oxford, Roosevelt Drive, Oxford, OX3 7BN, UK.
nathali.flores@well.ox.ac.uk

Las proteínas recombinantes tienen una amplia gama de aplicaciones que van desde su uso como enzimas industriales hasta complejos proteicos biofarmacéuticos. En este sentido, mediante técnicas bioingeniería, se han desarrollado diferentes sistemas de expresión incluyendo bacterias, levaduras, algas y células de mamíferos que permitan mejorar la eficiencia de su producción. La producción de estas moléculas involucra una serie de bioprocessos que tienen entre sus principales objetivos optimizar los rendimientos y calidad del producto final. Dentro del desarrollo del proceso de producción tenemos los llamados *upstream processes* y *downstream processes*. Los *upstream processes* incluyen la selección del sistema de expresión adecuado, así como la optimización del medio, tipo de fermentador, condiciones y cultivo, y la elección adecuada de las operaciones unitarias para la recuperación celular del medio de cultivo. En tanto los *downstream processes* incluyen las operaciones unitarias de ruptura celular (proteínas intracelulares), purificación y concentración de la proteína objetivo. Entre ellas están principalmente la sonicación, centrifugación, filtración y las diversas técnicas cromatográficas. Las operaciones que se realicen dependerán del tipo de proteína y su posterior aplicación. La producción de proteínas

recombinantes es un proceso multidisciplinario cuyo costo varía dependiendo de la aplicación de las mismas. Es así que las proteínas recombinantes usadas en campos industriales como detergentes, alimentos y bebidas, textil, cueros, biorremediación, agricultura y biorrefinerías requieren bioprocessos más simplificados y menos costosos. Esto debido a sus estructuras más sencillas, las grandes cantidades en las que se producen, y el menor grado de purificación requerido. En tanto, el costo de los bioprocessos es mayor en proteínas recombinantes terapéuticas con aplicación humana. Ello debido a la complejidad de su estructura y el alto grado de pureza solicitado por las normas regulatorias. El campo de los bioprocessos en las proteínas recombinantes está en constante evolución. Este campo se enfoca en el desarrollo de estrategias costo efectivas y que demanden poco tiempo, permitiendo así incrementar la eficiencia de producción de estas moléculas.

PALABRAS CLAVE: Enzimas, biocatálisis, producción, purificación, industria.

Referencias

1. Clapp, K. P., Castan, A., & Lindskog, E. K. (2018). Upstream processing equipment. In *Biopharmaceutical processing: Development, design, and implementation of manufacturing processes*. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100623-8.00024-4>
2. Gupta, S. K., Dangi, A. K., Smita, M., Dwivedi, S., & Shukla, P. (2019). Effectual bioprocess development for protein production. In *Applied microbiology and bioengineering*. Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-815407-6.00011-3>
3. Puetz, J., & Wurm, F. M. (2019). Recombinant proteins for industrial versus pharmaceutical purposes: A review of

- process and pricing. *Processes*, 7(8). <https://doi.org/10.3390/pr7080476>
4. Tripathi, N. K., & Shrivastava, A. (2019). Recent developments in bioprocessing of recombinant proteins: Expression hosts and process development. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 7(December). <https://doi.org/10.3389/fbioe.2019.00420>
 5. Walther, J., Godawat, R., Hwang, C., Abe, Y., Sinclair, A., & Konstantinov, K. (2015). The business impact of an integrated continuous biomanufacturing platform for recombinant protein production. *Journal of Biotechnology*, 213, 3-12. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2015.05.010>

CV de la conferencista

Doctora en Ingeniería Bioquímica por University College London (UCL), Reino Unido. Ex-becaria de la «Beca Generación del Bicentenario» para estudios de posgrado en el extranjero otorgada por el Programa Nacional de Becas y Crédito Educativo (PRONABEC) del Ministerio de Educación, Perú. Magíster en Biotecnología y Químico Farmacéutica por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Perú. Cuento con cerca de 9 años de experiencia en el campo de la investigación científica y docencia universitaria. He trabajado en proyectos de investigación financiados por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC), Perú; y el Biotechnology and Biological Sciences Research Council (BBSRC), Reino Unido. Cuento con conocimientos de Biología Molecular, Biocatálisis, Ingeniería Genética, Bioingeniería, Biología Sintética, Biorefinerías, y Biotecnología. He participado como ponente en congresos nacionales e internacionales y he publicado artículos científicos en revistas de alto impacto. Actualmente me desempeño como investigadora postdoctoral en la Universidad de Oxford, Reino Unido y como docente de posgrado de la UNMSM, Perú.

Procesos biotecnológicos aplicados en el aprovechamiento de proteínas vegetales

DRA. KARIM LIZETH JIMÉNEZ ALIAGA

Grupo de Investigación Biomias, Laboratorio de Biología Molecular,
Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San
Marcos, Lima 1, Perú.
kjimeneza@unmsm.edu.pe

El crecimiento acelerado de la población mundial agudiza la necesidad de encontrar nuevas fuentes de proteínas para satisfacer la demanda, especialmente en países en vías de desarrollo, donde se asocia con problemas de desnutrición. Si bien las proteínas de origen animal presentan alto valor biológico, son costosas, contienen colesterol y grasas saturadas y tienen alto impacto ambiental porque durante su producción se liberan gases con efecto invernadero, por ende en el futuro será insostenible. Entre las fuentes alternativas de proteínas se destacan las semillas de leguminosas por su alto contenido proteico (15-52%), bajo contenido en grasas, alto contenido de minerales, vitaminas, libres de colesterol y gluten. Las proteínas de las semillas están formadas predominantemente por globulinas (70%), albúmina (10-20%), glutelinas (10-15%) y en menor proporción prolaminas. En cuanto al contenido de aminoácidos presentan un alto contenido de lisina, sin embargo, son deficitarias en aminoácidos azufrados, metionina, cisteína y triptófano, que pueden suplementarse con el consumo de otros alimentos, especialmente cereales (Mecha *et al.*, 2023). También estos valores se mejoran de manera importante al concentrar proteína total o fraccionarla en albúmina, globulina, glutelina y prolaminas, según su solubilidad

mediante los métodos de precipitación isoeléctrica o ultrafiltración tangencial de flujo cruzado usando membranas de diferente corte molecular según la fracción requerida, estos procesos han permitido obtener tanto concentrados proteicos (60-80% de proteínas) como aislados proteicos (>80% de proteínas), permitiendo en algunos casos superar el contenidos de aminoácidos propuestos por la FAO (Kamani, Neji, Fitzsimons, Fenelon, & Murphy, 2024).

Además, las proteínas concentradas o aisladas poseen propiedades tecnofuncionales que generan cambios en el comportamiento físico químico del producto que las contienen como solubilidad, absorción de agua y grasa, capacidad emulsificante, espumante y gelificante (Webb, Dogan, Li, & Alavi, 2023). Sin embargo, se ha reportado, que algunas proteínas de leguminosas, presentan baja solubilidad y potencial alergenidad, lo cual dificulta su aplicación a nivel industrial; en tal sentido se requieren desarrollar procesos tecnológicos para mejorar estos aspectos (Ritter, Gastl, & Becker, 2023). Ante esto se ha reportado que la hidrólisis proteica mediante el uso de enzimas ha mejorado significativamente la propiedades tecnofuncionales de las proteínas de semillas de leguminosas, facilitando su incorporación en productos alimentos y además durante dicho procesamiento se ha descrito la liberación de péptidos bioactivos (PB), que son secuencias de aminoácidos cortas, de 2 a 22 residuos, que además de su valor nutricional pueden ejercer diferentes actividades beneficiosas para la salud, como antioxidante, antihipertensiva, hipocolesterolémica, antimicrobiana, etc. (Tawalbeh, Al-U'datt M, Wan Ahmad, Ahmad, & Sarbon, 2023), lo que sugiere su uso potencial como ingredientes de alimentos funcionales para la promoción de la salud y la reducción del riesgo de enfermedades. Los PB se pueden liberar, de las proteínas que las contienen, mediante la digestión gastrointestinal, durante el procesamiento de los alimentos, por fermentación, por hidrólisis

química o enzimática. Siendo ésta última la más preferida porque presenta la ventaja de ser reproducible con mayor facilidad debido a que permite un control total del proceso. La hidrólisis enzimática puede llevarse a cabo mediante proteasas de origen animal, vegetal o microbiano de grado alimentario (Fadimu, Gill, Farahnaky, & Truong, 2022). Se ha estandarizado una metodología consenso a nivel internacional para la producción de PB simulando las condiciones fisiológicas de la digestión gastrointestinal humana en sus diferentes fases (oral, estomacal e intestinal), de esta forma se garantiza la estabilidad de los PB para facilitar su llegada a la vía sistémica donde ejercerá su efecto terapéutico (Brodkorb *et al.*, 2019). Adicionalmente se pueden utilizar otras proteasas de forma secuencial, esto abre un abanico de posibilidades gracias al uso de proteasas microbianas que presentan diferente especificidad por los sustratos pudiendo liberar PB diferentes con propiedades interesantes, por ejemplo el uso de la enzima Alcalasa® proveniente de *Bacillus licheniformis*, una proteasa de amplio espectro de hidrólisis, que ha sido ampliamente usada en la obtención de PB con buen perfil antioxidante, hipocolesterolémico, hipoglucemiante, etc.

Nuestro país posee una diversidad de leguminosas poco conocidas y subutilizadas que podrían servir como fuente de proteínas para la obtención de PB multifuncionales con nuevas actividades biológicas útiles para el tratamiento de diferentes patologías que aquejan al hombre.

PALABRAS CLAVE: Proteínas vegetales, concentrado proteico, hidrolizado proteico, péptidos bioactivos, proteasas microbianas.

Referencias

1. Brodkorb, A., Egger, L., Alminger, M., Alvito, P., Assuncao, R., Ballance, S., ... Recio, I. (2019). INFOGEST static in vitro simulation of gastrointestinal food digestion. *Nat Protoc*, 14(4), 991-1014. doi:10.1038/s41596-018-0119-1
2. Fadimu, G. J., Gill, H., Farahnaky, A., & Truong, T. (2022). Improving the enzymolysis efficiency of lupin protein by ultrasound pretreatment: Effect on antihypertensive, antidiabetic and antioxidant activities of the hydrolysates. *Food Chem*, 383, 132457. doi:10.1016/j.foodchem.2022.132457
3. Kamani, M. H., Neji, C., Fitzsimons, S. M., Fenelon, M. A., & Murphy, E. G. (2024). Unlocking the nutritional and functional potential of legume waste to produce protein ingredients. *Crit Rev Food Sci Nutr*, 64(21), 7311-7329. doi:10.1080/10408398.2023.2184322
4. Mecha, E., Alves, M. L., Bento da Silva, A., Pereira, A. B., Rubiales, D., Vaz Patto, M. C., & Bronze, M. R. (2023). High inter- and intra-diversity of amino acid content and protein digestibility disclosed in five cool season legume species with a growing market demand. *Foods*, 12(7). doi:10.3390/foods12071383
5. Ritter, S., Gastl, M., & Becker, T. (2023). Impact of germination on the protein solubility and antinutritive compounds of *Lupinus angustifolius* and *Vicia faba* in the production of protein-rich legume-based beverages. *J Agric Food Chem*, 71(23), 9080-9096. doi:10.1021/acs.jafc.3c01249
6. Tawalbeh, D., Al-U'datt M, H., Wan Ahmad, W. A. N., Ahmad, F., & Sarbon, N. M. (2023). Recent advances in in vitro and in vivo studies of antioxidant, ACE-inhibitory and anti-inflammatory peptides from legume protein hydrolysates. *Molecules*, 28(6). doi:10.3390/molecules28062423

7. Webb, D., Dogan, H., Li, Y., & Alavi, S. (2023). Use of legume flours and fiber for tailoring structure and texture of pea protein-based extruded meat alternatives. *J Food Sci*, 88(1), 57-71. doi:10.1111/1750-3841.16397

CV de la conferencista

Químico Farmacéutica y Magíster en Biotecnología (Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú). Máster en Ciencias Farmacéuticas, itinerario I+D+i en fármacos y Doctora en Farmacia (Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, España). Docente principal a Dedicación Exclusiva de la Farmacia y Bioquímica UNMSM. Miembro del Grupo de Investigación Biomias. Docente Investigadora reconocida en el Registro Nacional Científico, Tecnológico y de Innovación Tecnológica –RENACYT Nivel III.

Síntesis enzimática de azúcares raros derivados de lactosa

DR. ANDRÉS ILLANES

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile
andres.illanes@pucv.cl

Se entiende por azúcares raros a aquellos inexistentes o existentes en mínimas cantidades en la naturaleza. Estos compuestos tienen muy prometedoras aplicaciones vinculadas principalmente con los alimentos funcionales (Smith *et al.*, 2022). Algunos de estos azúcares pueden ser producidos a partir de la lactosa, un subproducto de la industria láctea abundante y de escaso valor (Asunis *et al.*, 2020). Ello permite proponer un esquema productivo enmarcado dentro del concepto de economía circular. La valoración de la lactosa proveniente del suero de quesería mediante la transformación enzimática a compuestos de alto valor agregado tiene su máximo exponente en la síntesis de galacto-oligosacáridos (GOS) mediante β -galactosidasas (Vera *et al.*, 2023).

Se examina distintas estrategias para producir enzimáticamente azúcares raros derivados directamente de la lactosa (lactulosa y epilactosa) y derivados de sus monosacáridos, glucosa y galactosa. Se destaca la síntesis de lactulosa por transgalactosilación de lactosa con fructosa, empleando β -galactosidasa (Guerrero *et al.*, 2020), y la síntesis de lactulosa y epilactosa por isomerización y epimerización de lactosa, respectivamente, empleando cellobiosa 2-epimerasa (C2E) recombinante (Crossier-Guach *et al.*, 2023). Esta enzima puede también catalizar reacciones de isomerización y

epimerización de glucosa y galactosa, conducentes a la síntesis de azúcares raros de alto valor, como tagatosa y talosa (Huerta *et al.*, 2024).

Se concluye que la lactosa puede ser valorizada mediante biocatálisis enzimática para producir oligosacáridos y azúcares raros directamente a partir de ella o de sus productos de hidrólisis, glucosa y galactosa, obtenidos por un proceso enzimático convencional. Estos compuestos tienen un alto potencial tecnológico, particularmente en relación a su incorporación en matrices alimentarias para generar alimentos funcionales. Algunos de ellos, como GOS y lactulosa, son actualmente producidos a escala comercial.

La enzima recombinante C2E surge como un catalizador clave para este tipo de reacciones. Sin embargo, la enzima no está comercialmente disponible y en la mayoría de los casos ha sido producida en microorganismos hospederos sin sello de calidad alimentaria. El desafío que actualmente abordamos en nuestro grupo de biocatálisis es la generación de C2E mutantes altamente productivas, y su producción y escalamiento en hospederos compatibles con uso alimentario.

PALABRAS CLAVE: Azúcares raros, oligosacáridos, biocatálisis, lactosa, alimentos funcionales.

Referencias

1. Asunis, F., De Gioannis, G., Dessi, P., Isipato, M., Lens, P.N.L., Muntoni, A., Polettini, A., Pomi, R., Rossi, A., & Spiga, D. (2020). The dairy biorefinery: Integrating treatment processes for cheese whey valorization. *Journal of Environmental Management*, 276, 111240, <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.111240>
2. Crossier-Guach, A., Huerta, M. Arenas, F., Guerrero, C.,

- Illanes, A., & Vera, C. (2024). Modeling lactulose and epilactose synthesis by a mutant cellobiose 2-epimerase from *Caldicellulosiruptor saccharolyticus*. *Food and Bioproducts Processing*, 143, 36-44. doi: 10.1016/j.fbp.2023.10.002
3. Guerrero, C., Suárez, S., Aburto, C., Ubilla,C., Ramírez, N., Vera, C., & Illanes, A. (2020). Comparison of batch and repeated batch operation of lactulose synthesis with cross-linked aggregates of *Bacillus circulans* β -galactosidase. *Process Biochemistry*, 94, 224-234, <https://doi.org/10.1016/j.procbio.2020.04.025>
 4. Huerta, M., Cornejo, F., Aburto, C., Illanes, A., Vera, C., & Guerrero, C. (2024). Enzymatic production of rare sugars with a new mutant of cellobiose 2-epimerase from *Caldicellulosiruptor saccharolyticus*. *Bioresource Technology*, 391, 129936. doi.org/10.1016/j.biortech.2023.129936
 5. Smith, A., Avery, A., Ford, R., Yang, Q., Goux, A., Mukherjee, I., Neville, D.C.A., & Jethwa, P. (2022). Rare sugars: Metabolic impacts and mechanisms of action. *British Journal of Nutrition*, 128, 389-406, <https://doi.org/10.1017/S0007114521003524>
 5. Vera, C., Guerreo, C., Illanes, A. (2023). Galacto-oligosaccharides. En: *Handbook of Food Bioactive Ingredients: Properties and Applications*. Springer Nature, pp. 1331-1356, doi. org/10.1007/978-3-031-28109-9

CV del conferencista

Ingeniero Químico (Universidad Católica de Valparaíso), M.Sc. in Biochemical Engineering (Massachusetts Institute of Technology), Profesor Titular de la Escuela de Ingeniería Biocuímica de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Profesor Honorario de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú. Doctor Honoris Causa de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Profesor invitado en diversas instituciones de América Latina y Europa. Áreas de trabajo: biocatálisis enzimática, inmovilización de enzimas y diseño de biorreactores. Autor de

más de 200 publicaciones en revistas WOS, de varios capítulos de libros y editor de tres libros de biocatálisis enzimática para las editoriales Wiley, Springer y Academic Press-Elsevier. Miembro de los comités científicos de Electronic Journal of Biotechnology (presidente), Process Biochemistry, Latin American Journal of Pharmacy y Revista Colombiana de Biotecnología. Participante en diversas redes de colaboración internacional y receptor de premios en ciencia y tecnología a nivel regional y nacional.

Post-bióticos en cosmética: Innovación biotecnológica para el cuidado de la piel

DRA. BEATRIZ VALENZUELA MONTENEGRO

Liva Company - Chile

empresa.beatriz@livacompany.com

Los consumidores de cosméticos del siglo XXI están cada vez más conscientes y exigentes con los procesos productivos, los impactos directos e indirectos al medioambiente por la fabricación y los ingredientes utilizados, los cuales pueden generar daños o beneficios en el usuario, todo asociado a un incremento en el consumo ético y cuidado medioambiental, enlazado a la exigencia de que no exista tampoco maltrato animal de por medio, son consideraciones importante que se deben tener al momento de ingresar nuevos productos al mercado. Durante este último tiempo, la búsqueda de nuevos ingredientes para el área cosmética con propiedades funcionales ha cobrado un gran interés, donde las nuevas investigaciones ha llevado a poner el foco en los post-bióticos (Wegh *et al.*, 2019). Los post-bióticos son productos bacterianos, constituyentes de las células o metabólicos no viables, los cuales se caracterizan por tener diversas actividades biológicas en el hospedero (Hill *et al.*, 2014). Dentro de las moléculas que se clasifican como post-bioticos se encuentran; ácidos grasos de cadena corta (AGCC), fracciones microbianas, proteínas/enzimas funcionales, polisacáridos secretados y/o extracelulares (EPS), lisados celulares, ácidos teicoico y lipoteicoico y muropéptidos y derivados de peptidoglicanos, vitaminas como B12 y K, aminoácidos entre otros (da Silva *et al.*, 2023). En estudios recientes, se ha demostrado que los post-bióticos

pueden otorgar diversos beneficios a la salud dérmica debido a que poseen propiedades como; antitumoral, antiinflamatorios, modulación de la microbiota dérmica, antioxidantes, inmuno-moduladores (Aguilar-Toalá *et al.*, 2018). Se ha descrito que estas moléculas bioactivas promueven la salud, son seguros, con grado alimentario y no requieren de condiciones específicas para mantener la viabilidad en una formulación, lo que los convierte en ingredientes innovadores para la formulación de productos cosméticos (Rafique *et al.*, 2023). Dado el creciente interés por los post-bióticos en el campo de la cosmética y la salud y a sus múltiples beneficios, la empresa Liva Company ha decidido abrir una nueva línea de I+D centrada en la cosmética funcional a partir de la valorización de los residuos post-fermentación, con el fin de aportar en la investigación y el desarrollo de nuevos productos biotecnológicos avanzados.

PALABRAS CLAVE: Microbiota, post-biótico, cosmética post-biótica, residuos post-fermentación.

Referencias

1. Aguilar-Toalá, J.; García-Varela, R.; García, H.; Mata-Haro, V.; González-Córdova, A.; Vallejo-Córdoba, B.; Hernández-Mendoza, A. (2018). Postbiotics: An evolving term within the functional foods field. *Trends Food Sci Technol*, 75, 105-114. doi:10.1016/j.tifs.2018.03.009.
2. da Silva Vale, A.; de Melo Pereira, G.V.; de Oliveira, A.C.; de Carvalho Neto, D.P.; Herrmann, L.W.; Karp, S.G.; Soccol, V.T.; Soccol, C.R. (2023). Production, formulation, and application of postbiotics in the treatment of skin conditions. *Fermentation*, 9, 264. <https://doi.org/10.3390/fermentation9030264>.
3. Hill C, Guarner F, Reid G, Gibson GR, Merenstein DJ, Pot B, Morelli L, Canani RB, Flint HJ, Salminen S, Calder

- PC, Sanders ME. (2014). Expert consensus document. The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of the term probiotic. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol.* Aug;11(8):506-14. doi: 10.1038/nrgastro.2014.66.
4. Nazrana Rafique, Suhaib Yousuf Jan, Aamir Hussain Dar, Kshirod Kumar Dash, Anwesa Sarkar, Rafeeya Shams, Vinay Kumar Pandey, Shafat Ahmad Khan, Quraazah Akeemu Amin, & Syed Zameer Hussain. (2023). Promising bioactivities of postbiotics: A comprehensive review. *Journal of Agriculture and Food Research*, 14, 100708. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2023.100708>
 5. Wegh CAM, Geerlings SY, Knol J, Roeselers G, Belzer C. (2019). Postbiotics and their potential applications in early life nutrition and beyond. *Int J Mol Sci.* 20:4673. doi: 10.3390/ijms20194673.

CV de la conferencista

Beatriz Valenzuela Montenegro, Doctora en Biotecnología de la Universidad de Santiago de Chile y Bióloga de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, con más de 12 años de experiencia en docencia universitaria. En investigación cuenta con más de 20 años de experiencia y actualmente es investigadora y líder del laboratorio de Molecular e I+D+i en Liva Company donde lleva las líneas de investigación de probióticos y post-bióticos. Realiza investigación y colaboración en las líneas de Microbiología e Inmunología y es académica de la Escuela de Tecnología Médica de la Universidad Santo Tomás. Amplia experiencia en la dirección, formulación y gestión de proyectos I+D+i como: VIU-FONDEF, FONDECYT, FIA y CORFO. Cuenta con cuatro patentes relacionadas con la aplicación de metabolitos secundarios como inmunomoduladores y antimicrobianos en salmonidos. Conocimiento y asesoría en producción y desarrollo de bebidas fermentadas, además de bioemprendimiento. Amplia experiencia en dirección de tesis de pregrado y postgrado además de la participación en comisiones evaluadoras para diversas carreras del área salud y científicas.

Proteínas vegetales: más allá de su valor nutricional

DRA. BLANCA HERNÁNDEZ LEDESMA

Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL)
Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), España
bhernandez@ifi.csic.es

En los últimos años, el incremento en la población mundial, junto con la urbanización y el aumento de la renta per cápita de algunos países está provocando un incremento de la demanda de alimentos, principalmente de origen animal. Todos estos factores, junto con otros, como la mayor concienciación de los consumidores por la sostenibilidad en el sistema productivo alimentario y el bienestar de los animales y la demostrada relación existente entre la dieta y la salud, están provocando un cambio en los estilos de vida y los hábitos dietéticos, aumentando la demanda de fuentes alimentarias que suplan a las de origen animal y permitan además, cubrir requerimientos nutricionales, ejercer efectos beneficiosos sobre la salud, a la vez que su producción se logre mediante sistemas sostenibles para el medioambiente. Entre estas fuentes se encuentran las proteínas alternativas y entre ellas destacan las proteínas vegetales¹. Además del valor nutricional de estas fuentes alimentarias consumidas de forma tradicional desde la antigüedad, las proteínas vegetales presentan propiedades beneficiosas para la salud como fuente de péptidos bioactivos. Dichos péptidos, inactivos dentro de la proteína precursora, pueden ejercer distintas actividades tras su liberación por procesos de hidrólisis enzimática, digestión gastrointestinal o procesado

de los alimento. Entre estas actividades se encuentran la antioxidante, anti-inflamatoria, hipocolesterolemica, anticancerígena y antimicrobiana, entre otras². En los últimos años, el interés en el campo de los péptidos bioactivos se ha centrado, por un lado, en la búsqueda de nuevas fuentes, explorando vegetales infrautilizados actualmente, pero que pueden tener un gran potencial por su contenido y calidad proteica³. Por otro, se buscan sistemas sostenibles de obtención de péptidos multifuncionales, que por su secuencia y estructura pueden actuar sobre distintos sistemas del organismo, ejerciendo efectos promotores sobre la salud reduciendo el riesgo de enfermedades crónicas asociadas al estrés oxidativo, la inflamación y/o las alteraciones metabólicas, de alta incidencia en nuestra sociedad⁴.

PALABRAS CLAVE: Proteínas, alternativas, vegetales, péptidos bioactivos, multifuncionalidad.

Referencias

1. Perez-Cueto, F.J.A., Rini, L., Faber, I., Rasmussen, M.A., Bechtold, K.-B., Schouteten, J.J., De Steur, H. (2022). How barriers towards plant-based food consumption differ according to dietary lifestyle: Findings from a consumer survey in 10 EU countries. *International Journal of Gastronomy and Food Sciences*, 29, 100587.
2. Bouchard, J., Malalgoda, M., Storsley, J., Malunga, L., Netticadan, T., Thandapilly, S.J. (2022). Health benefits of cereal grain- and pulse-derived proteins. *Molecules*, 27, 3746.
3. Fernández-Tomé, S., Ashaolu, T.J., Hernández-Ledesma, B. (2023). Exploration of the nutritional and functional properties of underutilized grains as an alternative source for the research of food-derived bioactive peptides. *Nutrients*, 15, 351.

4. Pacheco, A.F.C., Pacheco, F.C., Pereira, G.Z., Paiva, P.H.C., Lelis, C.A., Tribst, A.A.L., de Castro Leite Júnior, B.R. (2024). Structural changes induced by ultrasound in proteases and their consequences on the hydrolysis of pumpkin seed proteins and the multifunctional properties of hydrolysates. *Food and Bioproducts Processing*, 144, 13-21.

CV de la conferencista

Blanca Hernández-Ledesma es científico titular y líder del Grupo de Desarrollo e Innovación en Proteínas Alternativas del CIAL. Su carrera científica se ha enfocado en la actividad biológica de proteínas y péptidos alimentarios con el objetivo de profundizar en el conocimiento sobre su impacto sobre la salud como base para el desarrollo de nuevos ingredientes y alimentos funcionales. Es autora de más de 100 artículos publicados en revistas de alto impacto y 40 capítulos de libro, presentando, además, sus resultados en más de 100 congresos. Forma parte del comité editorial de un notable número de libros y revistas científicas y presenta una destacada labor formativa, con 4 Tesis Doctorales dirigidas y otras 7 que están actualmente en proceso. Además, la Dra. Hernández Ledesma presenta múltiples colaboraciones a nivel nacional e internacional, reflejadas en proyectos de investigación, artículos científicos y supervisión de estancias de estudiantes en su laboratorio.

Ciencias ómicas aplicadas a los probióticos

DR. ADRIANO BRANDELLI

Departamento de Ciências dos Alimentos, Instituto de Ciência e Tecnologia dos Alimentos, Universidad Federal de Rio Grande do Sul,
Porto Alegre, RS - Brasil
brand@ufrgs.br

Los avances en tecnologías de alto rendimiento han llevado al establecimiento de enfoques ómicos, que analizan e integran información de la genómica (nivel de ADN), la transcriptómica (nivel de ARN), la proteómica (nivel de proteínas) y la metabolómica (nivel de metabolitos). Paralelamente al creciente interés en comprender las características funcionales de los probióticos debido a sus posibles beneficios para la salud, las herramientas ómicas se han utilizado cada vez más en la investigación de probióticos. El advenimiento de las ciencias ómicas ha remodelado la comprensión de la biología y el funcionamiento de los probióticos, permitiendo elucidar los genomas de cepas comerciales, explorar nuevas rutas para el descubrimiento y estudio de probióticos. Además, las tecnologías ómicas han dado una nueva perspectiva al estudio de las interacciones entre probióticos y el huésped. Si bien el enfoque genómico se ha utilizado para trabajar con el aislamiento selectivo de ADN de una sola especie, la metagenómica permite el aislamiento y secuenciación de todo el ADN en una comunidad microbiana. La metagenómica proporciona información taxonómica más profunda sobre los ecosistemas microbianos. El transcriptoma representa una instantánea de la expresión de la información genética existente en el genoma bajo ciertas condiciones. Se ha utilizado en estudios con probióticos en

combinación o no con proteómica. Los enfoques proteómicos y metaproteómicos permiten la caracterización a gran escala del conjunto de proteínas expresadas por un organismo o comunidad microbiana. La proteómica aplicada a organismos probióticos proporciona información crucial para investigar las funciones biológicas de las proteínas microbianas, como los mecanismos de defensa, la adhesión a la mucosa intestinal y las células epiteliales, y las propiedades inmunomoduladoras. Estos avances han permitido una comprensión cada vez más detallada de la acción de los probióticos y la microbiota autóctona sobre la salud y enfermedades específicas, con la perspectiva de desarrollar biomarcadores, estrategias de prevención y terapias basadas en el uso de probióticos.

PALABRAS CLAVE: Ómicas, probióticos, posbióticos, propiedades inmunomoduladoras.

Referencias

1. Barbosa, J. C., Machado, D., Almeida, D., Andrade, J. C., Brandelli, A., Gomes, A. M., & Freitas, A. C. (2022). Next-generation probiotics, in A. Brandelli (Ed), *Probiotics* (pp. 483-502). Academic Press.
2. Barreto Pinilla, C. M., Guzman Escudero, F., Torres Silva e Alves, A., Spadoti, L. M., & Brandelli, A. (2023). Draft genome sequence and comparative genome analysis reveal potential functional properties in *Lacticaseibacillus paracasei* ItalPN16. *Current Microbiology*, 80(12), 399.
3. Comerlato, C. B., Prichula, J., Siqueira, F. M., Ritter, A. C., Varela, A. P. M., Mayer, F. Q., & Brandelli, A. (2022). Genomic analysis of *Enterococcus durans* LAB18S, a potential probiotic strain isolated from cheese. *Genetics and molecular biology*, 45, e20210201.

4. Comerlato, C. B., Ritter, A. C., Miyamoto, K. N., & Brandelli, A. (2020). Proteomic study of Enterococcus durans LAB18S growing on prebiotic oligosaccharides. *Food microbiology*, 89, 103430.
5. Comerlato, C. B., Zhang, X., Walker, K., Brandelli, A., & Figeys, D. (2020). Comparative proteomic analysis reveals metabolic variability of probiotic Enterococcus durans during aerobic and anaerobic cultivation. *Journal of proteomics*, 220, 103764.
6. Reque, P. M., & Brandelli, A. (2021). Encapsulation of probiotics and nutraceuticals: Applications in functional food industry. *Trends in Food Science & Technology*, 114, 1-10.
7. Reque, P. M., & Brandelli, A. (2022). An introduction to probiotics, in A. Brandelli (Ed), *Probiotics* (pp. 1-17). Academic Press.
8. Stincone, P., Brandelli, A., & De Angelis, M. (2022). High-throughput technologies in probiotics science, in A. Brandelli (Ed), *Probiotics* (pp. 77-101). Academic Press.

CV del conferencista

Licenciado en Química por la Universidad Federal de Rio Grande do Sul (1990) y Doctor en Ciencias Químicas por la Universidad de Buenos Aires (1993). Profesor Titular de la Universidad Federal de Rio Grande do Sul (UFRGS) y Beca de Productividad en Investigación 1A del Consejo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (CNPq). Fue director del Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos (UFRGS) 2002-2010. Ha publicado más de 300 artículos en revistas internacionales. Consultor científico para varias agencias de financiación en Brasil y en el exterior. Editor del libro «*Probiotics: Advanced Food and Health Applications*», miembro del consejo editorial de las revistas *Annals of Microbiology*, *Food Microbiology* y *Journal of Basic Microbiology* y revisor ad hoc de más de 30 revistas internacionales en las áreas de Microbiología, Biotecnología y Ciencias de los Alimentos. Supervisó más de 60 tesis de maestría

y 30 tesis de doctorado. Tiene experiencia en las áreas de Bioquímica y Microbiología, con énfasis en enzimas y péptidos bioactivos, trabajando principalmente en los siguientes temas: producción y caracterización de enzimas microbianas, producción y caracterización de péptidos antimicrobianos y péptidos antioxidantes, reciclaje de residuos agroindustriales.

Producción y aplicaciones de polímeros bacterianos

DR. ÁLVARO DÍAZ BARRERA

Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV), Chile
alvaro.diaz@pucv.cl

El desarrollo de la ingeniería de bioprocessos es necesario para optimizar y escalar la producción de productos biotecnológicos. En nuestro grupo estudiamos la producción de los polímeros alginato y polihidroxialcanoatos (PHA) sintetizados por la bacteria *Azotobacter vinelandii*. Esta es una bacteria Gram- negativa, aerobia estricta que puede fijar nitrógeno atmosférico. El alginato es un polisacárido utilizado en aplicaciones como gelificante y emulsificante. Entre los PHA se encuentra el poli(3-hidroxibutirato) (PHB), el cual es un poliéster que se acumula intracelularmente y es utilizado como reemplazo del plástico en diferentes aplicaciones. En particular, estamos evaluando el efecto de las condiciones de agitación y de transferencia de oxígeno en biorreactores sobre la producción y la calidad de alginato y PHA. Hemos desarrollado esquemas de escalamiento del proceso de producción y evaluado el uso de ambos polímeros como material para diferentes aplicaciones. En esta ponencia se aborda el rol del oxígeno en la biosíntesis de ambos polímeros, los principales aspectos tecnológicos de la producción y sus aplicaciones en los ámbitos de la agricultura y la biomedicina.

PALABRAS CLAVE: Alginato, PHA, biosíntesis, aplicaciones, producción.

Referencias

1. Andler, R., González-Arancibia, F., Vilos, C., Sepulveda-Verdugo, R., Castro, R., Mamani, M., Valdés, C., Arto-Paz, F., Díaz-Barrera, A. & Martínez, I. (2024). Production of poly-3-hydroxybutyrate (PHB) nanoparticles using grape residues as the sole carbon source. *International Journal of Biological Macromolecules*, 261. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2024.129649>.
2. Dorochesi, F., Barrientos-Sanhueza, C., Díaz-Barrera, A. & Cuneo, I.F. (2023). Enhancing soil resilience: bacterial alginate hydrogel vs. algal alginate in mitigating agricultural challenges. *Gels*, 9(12), 988. <https://doi.org/10.3390/gels9120988>
3. Urtuvia, V., Ponce, B., Andler, R., Díaz-Barrera, A. (2023). Relation of 3HV fraction and thermomechanical properties of poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) produced by Azotobacter vinelandii OP. *International Journal of Biological Macromolecules*, 253 127681. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2023.127681>
4. Contreras-Abara, P., Castillo, T., Ponce, B., Urtuvia, V., Peña, C., Díaz-Barrera, A. (2023). Continuous bioproduction of alginate bacterial under nitrogen fixation and nonfixation conditions. *Fermentation* (2023) 9(5): 426. <https://doi.org/10.3390/fermentation9050426>

CV del conferencista

El Dr. Alvaro Díaz Barrera es Doctor en Ciencias Bioquímicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Desde el 2008 es Profesor de la Escuela de Ingeniería Bioquímica de la PUCV, desempeñándose actualmente como director de los programas de postgrado. Es autor de 50 publicaciones en revistas de corriente principal y capítulo de libros y ha presentado diversos trabajos en Congresos nacionales e internacionales. Ha dirigido diferentes tesis de postgrado y de pregrado. Su campo de investigación se centra en el diseño y operación de biorreactores, la transferencia y consumo de oxígeno en reactores, el escalamiento de fermentaciones y la producción de polímeros microbianos.

Nanoencapsulación de fármacos y bioactivos con enfoque terapéutico

DR. ALEXANDER GAMBOA

Universidad de Santiago de Chile, Chile

alexander.gamboa@usach.cl

El desarrollo de la nanotecnología ha experimentado un rápido crecimiento en los últimos 20 años, gracias a sus propiedades excepcionales que les imparten a los distintos materiales de fabricación y que ha ganado el interés en diferentes campos tecnológicos (Chou *et al.*, 2021). La industria farmacéutica no se ha quedado atrás, donde se ha logrado avances en la mejora de la solubilidad de fármacos, incremento de la biodisponibilidad, estabilización de moléculas lábiles y optimización del direccionamiento al blanco farmacológico, entre otras aplicaciones de la nanociencia (Gamboa, 2016). De esta forma, la encapsulación de distintos agentes terapéuticos, ya sea fármacos sintéticos, en la forma de sales o líquidos iónicos y bioactivos obtenidos de distintas fuentes naturales, como antioxidantes, aceites esenciales, péptidos, entre otros, se ha convertido en un área de gran interés para aprovechar el potencial medicinal de agentes farmacológicos, que muchas veces tienen pobres propiedades fisicoquímicas y/o biológicas (incluyendo efectos no deseados). En este sentido, la nanoencapsulación empleando ciclodextrinas (Gamboa-Arancibia *et al.*, 2023), matrices poliméricas (Gamboa *et al.*, 2015) o micelas (Chou *et al.*, 2020), ofrecen plataformas con distinto desempeño, en términos de eficiencia del proceso, protección, carga y liberación de los agentes activos, desde los sistemas terapéuticos. Además, propiedades superficiales

como el potencial zeta o la distribución de tamaño de partícula, son claves para favorecer interacciones con los tejidos biológicos, donde por ejemplo, la mucoadhesividad puede favorecer la localización de la respuesta farmacológica en órganos dianas. En conjunto, los nanovehículos incorporados en innovadores sistemas de administración, como películas poliméricas obtenidas por film casting o impresión por inyección de tinta, pueden ofrecer alternativas a las formas farmacéuticas convencionales, donde existen medicamentos con limitada efectividad.

PALABRAS CLAVE: Nanoencapsulación, fármacos, bioactivos, ciclodextrinas, matrices poliméricas

Referencias

1. Chou, W.-H., Galaz, A., Jara, M. O., Gamboa, A., & Morales, J. O. (2020). Drug-loaded lipid-core micelles in mucoadhesive films as a novel dosage form for buccal administration of poorly water-soluble and biological drugs. *Pharmaceutics*, 12(12), Article 12. <https://doi.org/10.3390/pharmaceutics12121168>
2. Chou, W.-H., Gamboa, A., & Morales, J. O. (2021). Inkjet printing of small molecules, biologics, and nanoparticles. *International Journal of Pharmaceutics*, 120462. <https://doi.org/10.1016/j.ijpharm.2021.120462>
3. Gamboa, A. (2016). Desarrollo y evaluación *in vitro* de un nanosistema cargado con prednisolona e inulina destinado a la liberación sitio específica en el colon [Tesis de Doctorado]. Universidad de Chile.
4. Gamboa, A., Araujo, V., Caro, N., Gotteland, M., Abugoch, L., & Tapia, C. (2015). Spray freeze-drying as an alternative to the ionic gelation method to produce chitosan and alginate nano-particles targeted to the colon. *Journal of Pharmaceutical*

- Sciences*, 104(12), Article 12. <https://doi.org/10.1002/jps.24617>
5. Gamboa-Arancibia, M. E., Caro, N., Gamboa, A., Morales, J. O., González Casanova, J. E., Rojas Gómez, D. M., & Miranda-Rojas, S. (2023). Improving lurasidone hydrochloride's solubility and stability by higher-order complex formation with hydroxypropyl- β -cyclodextrin. *Pharmaceutics*, 15(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/pharmaceutics15010232>

CV del conferencista

Químico Farmacéutico de profesión, Magíster y Doctorado en Ciencias Farmacéuticas, con una avanzada formación en análisis instrumental y su aplicación en la formulación de medicamentos. Inició su trayectoria en la industria farmacéutica en el área de aseguramiento de la calidad y posteriormente en el departamento de desarrollo analítico, donde dirigió los procesos de elaboración de metodologías para los nuevos productos de la compañía, completando trece años de experiencia. Su área de expertiz es el desarrollo de nuevos sistemas de entrega de agentes activos, implementación de técnicas cromatográficas para el análisis de distintas moléculas en matrices biológicas/farmacéuticas y su caracterización por técnicas espectroscópicas, de difracción de rayos X y térmicas. Actualmente, es académico de la carrera de Química y Farmacia de la Universidad de Santiago y profesor invitado de pre/posgrado en la Universidad de Chile. En esta última institución, participa como investigador de equipos destacados en el área alimentaria y farmacéutica.

Microencapsulación como estrategia para mejorar la viabilidad de probióticos en alimentos termoprocесados

DRA. MIRIAM ESTELA MEMENZA ZEGARRA

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Perú
miriam.memenza@unmsm.edu.pe

Los probióticos son microorganismos benéficos para el ser humano ya que compiten de forma directa evitando la colonización de patógenos entéricos en el epitelio intestinal previendo así enfermedades gastrointestinales. Sin embargo, los probióticos presentan alta susceptibilidad a distintos procesos de producción y almacenamiento lo que dificulta su uso en la producción de alimentos funcionales termoprocесados, donde las altas temperaturas y el tiempo prolongado del horneado pone en peligro la viabilidad del probiótico. Para lograr la supervivencia de los probióticos se recurre a métodos de inmovilización como la extrusión, emulsión, secado por liofilización o secado por atomización, eligiendo este último por ser un método eficaz para la encapsulación de probióticos, ya que permite establecer un proceso continuo, de fácil manejo, a bajo costo, con buen rendimiento y la producción de microcápsulas muy finas, lo que permite que no se alteren las características organolépticas del alimento. Se ha demostrado que el uso en conjunto de materiales encapsulantes como proteína aislada de suero de leche, alginato de sodio, quitosano y maltodextrina incrementan la supervivencia de la bacteria *Lactobacillus plantarum* ATCC 14917 en productos de panificación cuando son inmovilizadas mediante el método de secado por atomización permitiendo

obtener concentraciones microbianas con valores mayores a 106 UFC/g debido a su capacidad de formar agregados que disminuyen el estrés térmico evitando el daño celular. Así también, la inmovilización favorece una mayor viabilidad de *L. plantarum* en condiciones de almacenamiento del alimento y condiciones gastrointestinales simuladas. Así también, el uso de la maltodextrina ha demostrado ser una excelente fuente de energía que permite el crecimiento de la población microbiana. En condiciones gastrointestinales, la inmovilización evita la muerte del 75% de la población microbiana a pesar del pH ácido adverso para la vida de la célula; mientras que, en condiciones intestinales, la inmovilización ofrece una mayor protección evitando la reducción de la población microbiana mejorando la tolerancia de la bacteria a las sales biliares presentes en el intestino. Por lo tanto, la inmovilización de *L. plantarum* por el método de secado por aspersión tiene un gran potencial en la producción de alimentos funcionales termoprocесados que contengan bacterias probióticas viables.

PALABRAS CLAVE: *Lactobacillus plantarum* inmovilización, secado por atomización, alimentos horneados.

Referencias

1. Jiménez Ramírez, Alexander (2024). Co-microencapsulación de *Lactobacillus plantarum* ATCC 14917 y hierro como estrategia para mejorar la bioaccesibilidad de este micronutriente. Tesis. UNMSM, Lima-Perú.
2. Razavi, S., Janfaza, S., Tasnim, N., Gibson, D. L., & Hoofifar, M. (2021). Microencapsulating polymers for probiotics delivery systems: Preparation, characterization, and applications. *Food Hydrocolloids*, 120. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2021.106882.2>

CV del conferencista

Doctora en Ciencia e Ingeniería Biológicas y Magíster en Fitopatología expedido por la Universidad Nacional Agraria La Molina, con título profesional de Bióloga con especialidad en Microbiología y Parasitología por la Universidad Nacional Mayor de Marcos. Con publicaciones y participación en diferentes proyectos de investigación relacionados al estudio del microbioma y aplicación de sus metabolitos con interés agrícola, alimentaria y ambiental. Con participación como ponente a diversos eventos de la especialidad. Actualmente, responsable del laboratorio de Biotecnología microbiana, Coordinadora del grupo de investigación Agrobiotecnología Ambiental y docente principal de la Facultad de Química e Ing. Química de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Actividad anti-SARS-CoV-2 de violaceína encapsulada en transportadores de lípidos híbridos nanoestructurados

DR. GUILLERMO R. CASTRO

Nanomedicine Research Unit (NANOMED), Center for Natural and Human Sciences (CCNH), Federal University of ABC (UFABC), Santo André, SP CEP 09210-580, Brazil.
grcastro@gmail.com

La emergencia sanitaria del SARS-CoV-2 (síndrome respiratorio agudo grave coronavirus 2) ha dejado al descubierto las deficiencias de los sistemas sanitarios de todo el mundo. Esta propuesta propone desarrollar una plataforma antiviral con liberación controlada de violaceína combinada con una enzima hidrolítica.

La violaceína es un pigmento producido por microorganismos Gram(-), y particularmente uno de ellos fue aislado en Brasil. Se han descrito numerosas actividades biológicas beneficiosas de la violaceína, incluida la actividad antiviral. Considerando al SARS-CoV-2 como modelo viral, se propone desarrollar un sistema de nanopartículas lipídicas con violaceína y una enzima hidrolítica que permitan liberar lentamente el pigmento y, combinados, actuar sobre las proteínas virales y la envoltura membranosa del virus.

La violaceína es un pigmento muy insoluble en medios acuosos, agregándose en estructuras $\pi-\pi$ (apilamiento), lo que no solo reduce su efecto terapéutico, sino que también aumenta sus efectos tóxicos. La encapsulación de la violaceína en transportadores lipídicos nanoestructurados mediados por una enzima interfacial como la lipasa permite su liberación controlada, evitando procesos de agregación, aumentando así

la eficacia terapéutica y reduciendo su toxicidad. Proponemos el desarrollo de un sistema antiviral inteligente para la liberación controlada de violaceína, una molécula natural de baja solubilidad en medios acuosos, utilizando como modelo una hidrolasa y el virus SARS-CoV-2.

Los estudios publicados han demostrado que la violaceína tiene actividad antiviral contra el herpes simple I, el rotavirus SA11 y el poliovirus (PV-2). Se ha demostrado con modelos moleculares que la violaceína puede interactuar con la proteína Spike del virus SARS-CoV-2. Además, demostramos la viabilidad de co-encapsular enzimas con moléculas biocidas de baja solubilidad en agua en nanoestructuras lipídicas y liberarlas de forma activa y sinérgica. La co-encapsulación de una molécula extremadamente insoluble en medios acuosos, como la violaceína, con una hidrolasa en transportadores lipídicos nanoestructurados permite que la violaceína se libere lentamente, aumentando su actividad virucida y disminuyendo su toxicidad.

PALABRAS CLAVE: Violaceína, SARS-CoV-2, encapsulamiento, lipasa, liberación controlada de moléculas

Referencias

1. Durán N, Justo GZ, Duran M Brocchi M, Cordi L, Tasic L, Castro GR, Nakazato G (2016). Advances in *Chromobacterium violaceum* and properties of violacein-Its main secondary metabolite: A review. *Biotechnology Advances*, 34, 1030-1045. <http://dx.doi.org/10.1016/j.biotechadv.2016.06.003>.
2. Illanes A, Cauerhoff A, Wilson L. Castro, G. R. (2012). Recent trends in biocatalysis engineering. *Bioresource Technology*, 115, 48-57. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2011.12.050>.
3. Rivero Berti I, Gantner ME, Rodriguez S, Islan GA, Fávaro WJ, Talevi A, Castro GR, Durán N. (2023). Potential biocide

- roles of violacein. *Frontiers in Nanotechnology*. 5: 1186386. DOI 10.3389/fnano.2023.1186386.
4. Rivero Berti I, Rodenak-Kladniew BE, Katz SF, Arrua EC, Alvarez VA, Duran N, Castro GR (2022a). Enzymatic active release of violacein present in nanostructured lipid carrier by lipase encapsulated in 3D-bioprinted chitosan-hydroxypropyl methylcellulose matrix with anticancer activity. *Frontiers in Chemistry (Green and Sustainable Chemistry)*. 10: 914126. doi: 10.3389/fchem.2022.914126 (ISSN: 2296-2646).
5. Rivero Berti I, Singh T, Boztepe T, Leon IE, Nadda AK Castro GR (2022b). Design of Nanostructured lipid carriers and hybrid lipid nanoparticles. In: Concepts and design of materials nanoarchitectonics. O. Azzaroni, & K. Ariga (Editors). RSC Nanoscience and Nanotechnology, 2022-January, pp. 381-416. Royal Society of Chemistry, London, UK. <https://doi.org/10.1039/9781788019613-00381>.

CV del conferencista

Licenciado en Química y Doctor de la Universidad de Buenos Aires, Argentina, posiciones posdoctorales en el Dept of Chemistry, Massachusetts Institute of Technology (1996-1998, Cambridge, EE.UU.) y en Tufts University (Boston, EE.UU.), posteriormente Investigador Asociado y luego Profesor Adjunto en el Dept of Biomedical Eng., Tufts University (2001-2006, EE.UU.). Exdirector del Laboratorio de Nanobiomateriales (CIN-DEFI, La Plata, Argentina), Investigador Superior, CONICET (Argentina, retirado); Profesor en Universidad Nacional de La Plata, Universidad de Buenos Aires (Argentina). Investigador Superior, CONICET (Argentina, retirado). Posición actual: Prof Invitado Senior en el Center for Natural and Human Sciences (CCNH), Universidad de Federal do ABC (UFABC), San Pablo, Brasil. Producción científica: más de 199 publicaciones internacionales y capítulos de libros. <https://lattes.cnpq.br/1949660532912614>
Áreas de interés: liberación controlada de moléculas, biocatálisis, biopolímeros, microy nano-biotecnologías aplicadas a medicina.



II SEMINARIO INTERNACIONAL
EN BIOTECNOLOGÍA PARA LA SALUD

Resúmenes de presentaciones orales

N-truncamiento del gen *ansZ* para la expresión heteróloga de L-asparaginasa II

ANNSY ARREDONDO-NÚÑEZ^{*1,2}, AMPARO IRIS ZAVAleta²

1 University of Jyvaskyla, Department of Biological and Environmental Science, Nanoscience Center, Faculty of Mathematics and Science, Jyvaskyla, Finlandia

2 Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Farmacia y

Bioquímica, Laboratorio de Biología Molecular, Lima, Perú

annsy.c.arredondonunez@jyu.fi

Introducción: L-asparaginasa (EC 3.5.1.1) cataliza la hidrólisis irreversible de la L-asparagina en L-aspartato y amonio, es utilizada como agente antineoplásico en la industria sanitaria y en la reducción de la formación de acrilamida en la industria alimentaria. El género *Bacillus* presenta los genes *ansA* y *ansZ* que, respectivamente, expresan las proteínas citosólica tipo I y extracelular tipo II, esta última con alta afinidad al sustrato. En la actualidad, el uso de sistemas heterólogos representa una valiosa herramienta para la obtención de esta proteína en alta concentración y elevada pureza para futuras aplicaciones¹. El presente estudio describe el N-truncamiento del gen *ansZ* para la expresión heteróloga de la proteína L-asparaginasa II de *Bacillus subtilis* CH11.

Materiales y métodos: El vector plasmídico pET-15b y los sitios de enzimas de restricción *NdeI* y *BamHI* se utilizaron para el clonaje del gen nativo (*ansZ*) y los N-truncados en *Pro21* (*ansZP21*) y *Leu50* (*ansZL50*) con N-terminal His6x-tag. Se utilizó como hospedera de expresión a *E. coli* *BL21* (*DE3*) *pLysS* y se purificaron las proteínas N-truncadas por cromatografía de afinidad (IMAC) mediante el sistema FLPC (ÄKTA start, Chicago, USA). Finalmente, se

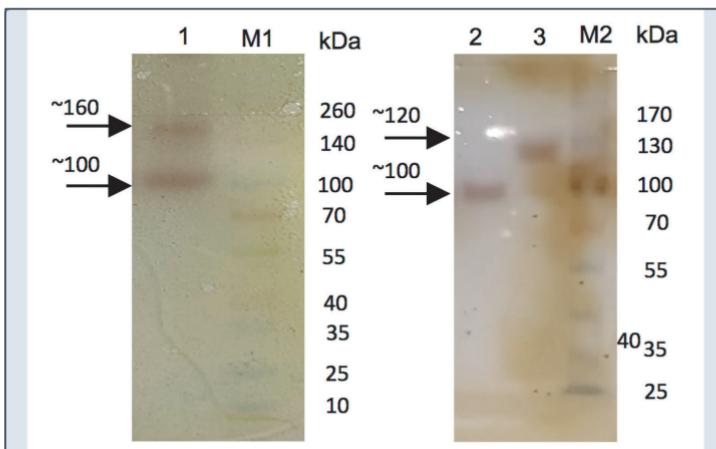


Figura 1. Zimografía. Carriles: 1, BsIIZ; 2, BsIIZP21; 3, BsIIZL50; M1, SpectraTM Multicolor; M2, PageRulerTM Prestained.

determinó la actividad enzimática por método de Nessler y zimografía.

Resultados y discusión: La proteína BsIIZ presentó un péptido señal (1 – 21 aa) y una secuencia no estructurada N-terminal (22 – 49 aa). La proteína nativa BsIIZ (gen *ansZ*) mostró 0,644 UI/mg, en comparación con las proteínas N-truncadas BsIIZP21 (gen *ansZP21*) y BsIIZL50 (gen *ansZL50*) de 10,58 y 8,038 UI/mg, respectivamente. Se ha descrito que *E. coli* no tiene los mecanismos compatibles para la eliminación del péptido señal en su totalidad, el cual podría generar un plegamiento incorrecto de la proteína nativa y disminución de la actividad enzimática². La Fig 1. muestra la zimografía de las proteínas, BsIIZ presentó dos conformaciones activas de ~100 y ~160 kDa, mientras que, BsIIZP21 presentó una proteína activa de ~100 kDa y BsIIZL50 una de ~120 kDa. El fragmento no estructurado N-terminal contenía los aminoácidos polares Lys (16,3%), Ser (12,2%) y Thr (10,2%), los cuales tienen implicancia en la formación de puentes hidrógeno e interacciones iónicas en la conformación estructural de

la proteína. En este sentido, la presencia o ausencia del péptido señal y el fragmento no estructurado N-terminal podrían tener un efecto en la actividad enzimática.

Conclusiones: Las proteínas BsIIZ, BsIIZP21 y BsIIZL50 fueron clonadas y expresadas en *E. coli*. La proteína BsIIZP21, con ausencia de péptido señal y presencia de fragmento no estructural N-terminal, presentó la mayor actividad enzimática 10,58 UI/mg.

Palabras clave: L-asparaginasa II, *Bacillus subtilis*, N-truncamiento estructural.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del convenio N°: 169 - 2017- Fondecyt.

Referencias bibliográficas

1. Shakambari G, Ashokkumar B, aralakshmi P. L-asparaginase - A promising biocatalyst for industrial and clinical applications. *Biocatal Agric Biotechnol.* 2019; 17: 213-224.
2. Onishi Y, Shigekazu Y, Thongsanit J. *et al.* Expression in *Escherichia coli* of a gene encoding type II L-asparaginase from *Bacillus subtilis*, and characterization of its unique properties. *Ann Microbiol.* 2011; 61:517-524.

Evaluación de la diafiltración/ultrafiltración tangencial y ultrafiltración tangencial directa como métodos escalables para la obtención de la fracción albúmina *Erythrina edulis*

**ASTRID AYZANOA HUILLCAHUAMAN^{1*}, FRANCESCA
EGOCHEAGA MAGUIÑA¹, KARIM JIMÉNEZ ALIAGA¹,
ARTURO INTIQUILLA QUISPE¹, CRISTIAN TAPIA
VILLANUEVA², AMPARO IRIS ZAVALETA¹**

1 Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Grupo de Investigación Biomias. Jr. Puno N° 1002, Lima, Perú.
Teléfono: +51 (01) 6197000

2 Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Independencia, Santiago de Chile, Chile.
Correo electrónico: astrid.ayzanoa@unmsm.edu.pe

Introducción: Las proteínas son indispensables en la alimentación humana. Debido al crecimiento exponencial de la población mundial, se buscan fuentes alternativas a las de origen animal. *Erythrina edulis* «pajuro», es una leguminosa subutilizada con alto contenido proteico (18-25%) con buen perfil multifuncional¹. Las semillas contienen diferentes proteínas de almacenamiento, destacando la fracción albúmina por su solubilidad en agua, para cuya obtención es necesario estandarizar procesos biotecnológicos escalables para favorecer su concentración sin afectar la estructura, integridad, digestibilidad y otras propiedades². El objetivo de este trabajo fue evaluar la diafiltración/ultrafiltración tangencial (DF/UF) y ultrafiltración tangencial directa (UF_d) como métodos escalables para la obtención de la fracción albúmina de *Erythrina edulis*.

Tabla 1. Características de las proteínas concentradas mediante los procesos DF/UF y UF_d

	Proceso DF/UF	Proceso UF _d
Tiempo de operación (min)	336	90
Proteína soluble (mg/mL)	10,01	14,23
Rendimiento proteína (%)	49,33	61,24

Materiales y métodos: La harina de *Erythrina edulis* se resuspendió en agua bidestilada en proporción 1/10 (p/v), se agitó por 1 h a T° ambiente, luego se centrifugó a 4500 g por 10 min, el precipitado se resuspendió en las mismas condiciones y se mezclaron los sobrenadantes obtenidos para ser prefiltrado con papel filtro y bomba de vacío. El extracto se concentró mediante dos métodos, para el proceso de DF/UF, se sometió a cuatro pasos de DF con el fin de eliminar partículas contaminantes. En el extracto final, se realizó el proceso de UF utilizando una membrana de celulosa de 5 kDa de 0.02 m² de área con una presión transmembrana (TMP) de 6,76 kPa. El segundo método consistió en la UF directa siguiendo las mismas condiciones. En ambos casos se determinó tiempo, concentración de proteínas (método de Bradford) y perfil electroforético mediante SDS-PAGE.

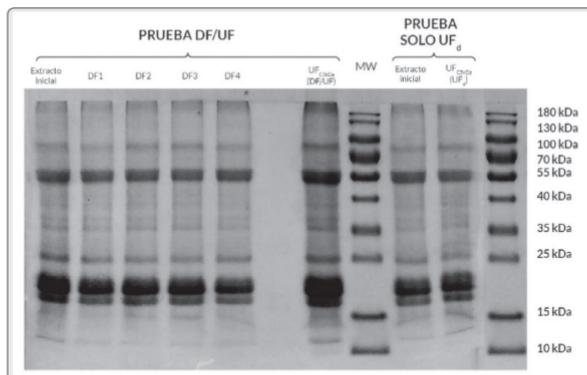


Figura 1. Perfil electroforético de distintas etapas de ambos métodos.

Resultados y discusión: El resultado resumido de los criterios de evaluación cuantitativos de ambas estrategias se indica en la tabla 1. La DF permitió obtener un extracto más limpio, por la eliminación de componentes contaminantes de menor tamaño que el corte de la membrana³, sin embargo, los perfiles electroforéticos (Figura 1) de ambas estrategias presentaron bandas proteicas íntegras y compactas similares en el rango de 15-25 kDa características de la fracción albúmina, aunque también se evidencia la fracción globulina característica de 55 kDa en ambos casos, debido a su ligera solubilidad en agua⁴.

Conclusiones: El método mediante UFd se consideró eficiente para la concentración de la fracción albúmina de pajuro, ya que empleó menos tiempo (90 min), generó mayor rendimiento y mayor concentración proteica.

Palabras clave: *w*, diafiltración, ultrafiltración, albúmina, proteínas.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA, Contrato PE501082679-2023, y parcialmente por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado-UNMSM (RR N° 004305-R-24 proyecto A24040101).

Referencias bibliográficas

1. Palma-Albino C, Intiquilla A, Jiménez-Aliaga K, Rodríguez-Arana N, Solano E, Flores E, *et al.* Antioxidants. 2021;10(11):1722.
2. Huang X, Li Y, Cui C, Sun-Waterhouse D. Food Chem. 2024; 439:138090.
3. Arazo M, Jaque N, Caro N, Abugoch L, Tapia C. Food Chem. 2020; 313:126154.
4. Xu PW, Yuan XF, Zhao B. Food Biosci. 2023; 56:103452

Sobreexpresión de NAD(P)+ transhidrogenasa en *Azotobacter vinelandii* OP

SUSANA CALDERÓN-TOLEDO^{1*}, DANILO PÉREZ
PANTOJA^{2,3}, ÁLVARO DÍAZ BARRERA¹

1 Laboratorio de Cultivo Celular, Escuela de Ingeniería Bioquímica,
Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Brasil 2085, Valparaíso - Chile.

2 Laboratorio de Genómica Microbiana y Biotecnología, Instituto
Universitario de Investigación y Desarrollo Tecnológico (IDT), Universidad
Tecnológica Metropolitana, Ignacio Valdivieso 2409, San Joaquín 8940000,
Santiago - Chile.

3 Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago - Chile
Correo electrónico: susana.calderon.t@mail.pucv.cl

Introducción: El poli(3-hidroxibutirato) (P3HB) es un biopolímero biodegradable y biocompatible de gran interés industrial, donde *Azotobacter vinelandii* OP (ATCC 13705) destaca por alcanzar niveles de acumulación cercanos al 70 % p/p¹. La producción de P3HB está relacionada con la disponibilidad de NADPH intracelular, por lo que la sobreexpresión de NAD(P)+ transhidrogenasa, enzima que mantiene el equilibrio redox intracelular, podría mejorar la productividad de este biopolímero². Por este motivo, el presente estudio tuvo como objetivo sobreexpresar la NAD(P)+ transhidrogenasa de *A. vinelandii* OP, una modificación no realizada previamente en esta cepa, para evaluar su efecto sobre el rendimiento de biomasa y en la acumulación de P3HB.

Materiales y métodos: Los genes que codifican la transhidrogenasa unida a la membrana (*Avin_RS00905*, *Avin_RS00910* y *Avin_RS00915*) se amplificaron mediante PCR a partir de la cepa OP y se utilizó el vector de expresión pSEVA258 inducible por m-toluato para la construcción del plásmido de

sobreexpresión pSEVA258-Sth. Se utilizó el apareamiento triparental para transferir el plásmido recombinante a *A. vinelandii* OP utilizando pRK600 como ayudante, y se verificó su introducción mediante PCR con cebadores específicos dirigidos a la estructura del vector. Los cultivos se realizaron en un medio de cultivo Burk modificado a 30 °C, 150 rpm en presencia del inductor m-toluato (0,5 mM), y se compararon con *A. vinelandii* OP que albergaba el plásmido pSEVA258 vacío como cepa control.

Resultados y discusión: *A. vinelandii* OP con pSEVA258-Sth mostró una tasa de crecimiento específica (μ) y un rendimiento de sacarosa en biomasa (Y_{x/s}) de 0,13 1/h y 0,18 g/g, respectivamente, superiores a los obtenidos con la cepa control, 0,10 1/h y 0,15 g/g, respectivamente. La acumulación máxima de P3HB fue mayor con *A. vinelandii* OP que contenía pSEVA258- Sth, 54 ± 5 % en peso seco a las 42 h, en comparación con la cepa de control, 28 ± 4 % en peso seco a las 60 h.

Conclusiones: La modificación en *A. vinelandii* OP tendría efecto sobre la tasa de crecimiento, el rendimiento de sacarosa en biomasa y en la acumulación de PHB como resultado de la sobreexpresión de transhidrogenasa.

Palabras clave: Transhidrogenasa, *Azotobacter vinelandii*, crecimiento celular, rendimiento de biomasa, P3HB.

Agradecimientos: al Proyecto Fondecyt Regular 1231075.

Referencias bibliográficas:

1. Díaz-Barrera A, Andler R, Martínez I, Peña C. Poly-3-hydroxybutyrate production by *Azotobacter vinelandii* strains in batch cultures at different oxygen transfer rates. *Journal of Chemical Technology and Biotechnology*. 2016; 91(4):1063-1071.

2. Van den Broek HW J, Santema JS, Wassink JH, Veeger C. Pyridine-Nucleotide Transhydrogenase: Isolation, Purification and Characterisation of the Transhydrogenase from *Azotobacter vinelandii*. *European Journal of Biochemistry*, 1971; 24(1): 31-45.

Estrategias para la construcción de plásmidos mediante clonación *in vivo* en *Saccharomyces cerevisiae* para la obtención de oligopéptidos con reportada actividad quelante de hierro

PAMELA E. CANALES^{1, 2*}, ANA A. KITAZONO¹

1 Laboratorio de Química Biológica y Bioanálisis, Departamento Académico de Química, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima - Perú

2 Grupo de Investigación Biomías, Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima - Perú

Correo electrónico: pamela.canales@unmsm.edu.pe

Introducción: *Saccharomyces cerevisiae* tiene la capacidad de reparar eficientemente los daños que sufre su ADN mediante la recombinación homóloga. Este reconocimiento ha permitido la construcción de plásmidos mediante el denominado clonaje *in vivo*. Adicionalmente, *Saccharomyces cerevisiae* es ampliamente usada como suplemento nutricional que, además, podría ser un vehículo importante de hierro de alta biodisponibilidad contra la anemia. Por otro lado, se han descrito secuencias de oligopéptidos de diversas fuentes con actividad quelante de hierro como REE y KDDSPDLPK^{1, 2}. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue construir plásmidos mediante la clonación *in vivo* en *Saccharomyces cerevisiae* para la obtención de oligopéptidos con reportada actividad quelante de hierro.

Materiales y métodos: Para la primera estrategia, se obtuvieron insertos con secuencias codificantes basadas en el tripéptido REE (denominados 1REE y 3REE) mediante los ciclos de PCR detallados (figura 1)³. Para la segunda estrategia

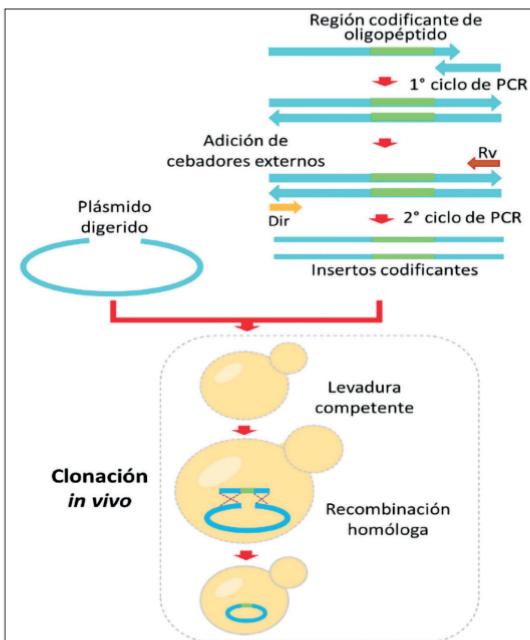


Figura 1. Estrategia general para la construcción de plásmidos mediante clonación *in vivo* en la levadura.

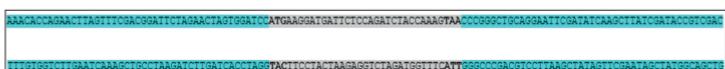


Figura 2. Oligonucleótidos directo y reverso para obtener el fragmento de ADN codificante para el oligopéptido KDDSPDLPK. La región gris representa a la región codificante, y la turquesa, a la región homóloga al plásmido para la clonación.

se obtuvieron los insertos codificantes para el oligopéptido KDDSPDLPK (denominado KDD) por alineamiento de los oligonucleótidos directo y reverso, las cuales fueron del mismo tamaño y totalmente complementarias como se indica en la figura 2. Para ello, una mezcla de estos oligonucleótidos fue sometida a 95 °C y luego a un enfriamiento lento. Ya no fue necesario una PCR. En ambos casos se realizó la

transformación de la levadura con el plásmido linealizado y desfosforilado, y el respectivo inserto codificante para el oligopéptido de interés. Así, gracias a la recombinación homóloga se logró el clonaje *in vivo*. Se cultivaron los transformantes en medio selectivo y se procedió a la caracterización de los plásmidos hasta su secuenciamiento genético. Se realizaron pruebas de resistencia a hierro conferidas por los oligopéptidos quelantes a la levadura mediante ensayos de diluciones seriadas y de sobrevivencia.

Resultados y discusión: El clonaje se realizó exitosamente ya que las eficiencias de clonación fueron altas como se indican a continuación: 3.8×10^4 y 1.68×10^3 ufc/ μg ADN (controles de plásmido circular y plásmido digerido, respectivamente), y 1.8×10^4 y 5.42×10^3 ufc/ μg ADN para los transformantes que albergan los plásmidos con las secuencias codificantes para los oligopéptidos 1REE y 3REE. En el caso de KDD, se obtuvo 3.1×10^4 y 3.1×10^2 ufc/ μg ADN (controles de plásmido circular y plásmido digerido, respectivamente), y 1.6×10^4 ufc/ μg ADN para KDD. Los ensayos de resistencia a hierro no evidenciaron una mayor resistencia conferida por los oligopéptidos de estudio.

Conclusiones: Se aplicaron estrategias basadas en la versatilidad de la clonación *in vivo* en *Saccharomyces cerevisiae* para la construcción de plásmidos para la obtención de oligopéptidos con reportada actividad quelante de hierro.

Palabras clave: *Saccharomyces cerevisiae*, clonación *in vivo*, oligopéptido quelante de hierro.

Agradecimientos: Beca del Programa de Doctorado en Ciencias e Ingeniería Biológicas otorgada a la Universidad Nacional Agraria La Molina según convenio N° 177-2015-Fondecyt. Así también, convenios N° 004-2020-Fondecyt-BM y 188-2018-Fondecyt-BM.

Referencias bibliográficas

1. Xiao C, Lei X, Wang Q, Du Z, Jiang L, Chen S, *et al.* Effects of a tripeptide iron on iron-deficiency anemia in rats. *Biological Trace Element Research*, 2026; 169(2): 211-17.
2. Caetano-Silva ME, Bertoldo-Pacheco MT, Paes-Leme AF, Netto FM. Iron-binding peptides from whey protein hydrolysates: Evaluation, isolation and sequencing by LC- MS/ MS. *Food Research International*; 2015, 71: 132-39.
3. Canales PE, Badillo AI, Kitazono AA. Construcción de plásmidos mediante clonación in vivo para la búsqueda y caracterización de oligopéptidos quelantes de hierro en *Saccharomyces Cerevisiae*. *Revista Peruana de Biología*; 2024, 31(2): e27218.

Multiproduct sugar beet pulp biorefinery using thermophilic enzymes

MAX CARDENAS-FERNANDEZ¹, LUCA FERRAROTTO¹,
TAVION SMITH¹, NATHALI FLORES-FERNANDEZ¹, GARY J
LYE¹ AND JOHN M. WARD¹

1 School of Biosciences, University of Kent, Canterbury, UK.

2 Department of Biochemical Engineering, University College London,
London, UK. Correo electrónico: m.cardenas-fernandez@kent.ac.uk

Introduction: Sugar Beet Pulp (SBP) is the main by-product from sugar beet processing, which is dried and sold as an animal feed. SBP is a rich source of carbohydrates L-arabinose (21%, Ara) as polymeric arabinans and D-galacturonic acid (20%, GalAc)¹. Thermophilic enzymes possess high optimum temperatures and show extended activity half-lives at high temperatures, being more robust and stable in such conditions and able to retain their activity in the presence of protein denaturing organic solvents compared with their mesophilic counterparts. In addition, performing biocatalytic processes at high temperatures allows increasing substrate and product solubility as well as minimizing the risk of microbial contamination; the latter being paramount especially when working with sugar-rich biomass feedstocks within a biorefinery context². For all these reasons, thermophilic enzymes are highly desirable as biocatalysts; however, only a few thermostable enzymes are used in industrial biotechnology and biorefineries. The aim of this work is to establish a multiproduct biorefinery using SBP as biomass feedstock, with major focus on the 2 main sugar components Ara and GalAc and the utilisation of thermophilic enzymes.

Materials and methods: A continuous selective depolymerization of SBP was studied, followed by the enzymatic conversion of Ara and GalAc into added-value products. The thermophilic enzymes were first identified by genome mining of 9 thermophilic microorganisms following a sequence homology approach; the enzyme investigated here were arabinofuranosidase (AF), pectinases (PEC), transketolases (TK), transaminases (TA), aldo-keto reductases (AKR) and glucose dehydrogenase (GDH). The enzymes libraries were tested against the target monosaccharides and selected enzymes were used in the bioconversion process either in single- or multi-enzymatic cascade reactions.

Results and discussion: The optimisation, through a Design of Experiment (DoE), of the continuous enzymatic hydrolysis of SBP with an immobilised AF using a packed bed reactor (PBR), operated at 50 °C, allowed the recovery of monomeric Ara in high yields (75%) and continuous operation for up to 5 days maintaining up to 80% of enzyme activity. The recovered Ara was converted into L-gluco-heptulose (a pharmaceutical building block for antivirals and diabetes treatment) with a TK, and arabitol (a low-calorie sweetener) catalysed by NADPH-dependant AKR and GDH for cofactor regeneration. Second, after AF bioprocessing, the rich-GalAc backbone recovered was further depolymerised to obtain monomeric GalAc with co-expressed PEC releasing low concentrations of GalAc, improvement of this process is still ongoing. GalAc was valorised into 7-keto-octuronic acid (7-KOAc), a unique C8 uronic acid and key intermediate for the synthesis of biopolymers and polyhydroxy lactam antivirals. The multi-enzymatic synthesis of 7-KOAc with TK and 2 TA was also optimised following a DoE approach, optimum results were obtained at 57 °C, reaching high reaction yields (98%), high throughput (49 mM in 4 h) and minimal enzyme utilisation (0.05-0.5 mg/mL).

Conclusions: These results showed the feasibility of establishing an added-value multiproduct biorefinery using thermophilic enzymes and different type of bioprocess operations.

Key Words: Thermophilic enzymes, biorefinery, bioprocess optimisation, multienzymatic reaction.

Acknowledgment: Biological Sciences Research Council for financial support of this work with BBSRC (BB/R021627/1), Physical Sciences Research Council (EPSRC) for financial support of this work (EP/K014897/1) and the Royal Society Research Grant (RGS\R1\221103).

References

- Cardenas-Fernandez M, *et al.* An integrated biorefinery concept for conversion of sugar beet pulp into value-added chemicals and pharmaceutical intermediates. *Faraday Discuss*; 2017, 202: 415-31.
- Mehta R, *et al.* Insight into thermophiles and their wide spectrum applications. *3 Biotech*; 2016, 6(1): 81-6.

**Ultrafiltración de flujo cruzado
como un sistema escalable para la obtención
de la fracción albúmina de semillas de
*Erythrina edulis***

FRANCESCA EGOCHEAGA^{1*}, ASTRID AYZANOA¹,
KARIM JIMÉNEZ-ALIAGA¹, ARTURO INTIQUILLA¹,
AMPARO IRIS ZAVALET¹, CRISTIAN TAPIA²

1 Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Laboratorio de Biología Molecular, Grupo de Investigación Biomias, Lima, Perú.

2 Universidad de Chile, Departamento de Ciencia de los Alimentos y Tecnología Química, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Santiago, Chile.

Correo electrónico: francesca.egocheaga@unmsm.edu.pe

Introducción: El interés por las proteínas vegetales se ha incrementado en las últimas décadas debido a sus múltiples beneficios para la salud. *Erythrina edulis* (pajuro o chachafruto) es una leguminosa silvestre, cuyas semillas presentan alto contenido proteico (16-25%). Estudios recientes han demostrado que la fracción albúmina de esta fuente posee propiedades funcionales que podrían ser útiles para el abordaje integral de algunas patologías¹. La albúmina es soluble en agua, característica que la hace aprovechable a nivel industrial; siendo necesario estandarizar procesos biotecnológicos. La ultrafiltración de flujo cruzado (UFC), es un proceso de separación por membrana de simple manejo, sostenible y de alto rendimiento, efectivo para concentrar proteínas sin alterar su funcionalidad². El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficiencia del sistema de UFC en la obtención de la fracción albúmina de semillas de *Erythrina edulis*.

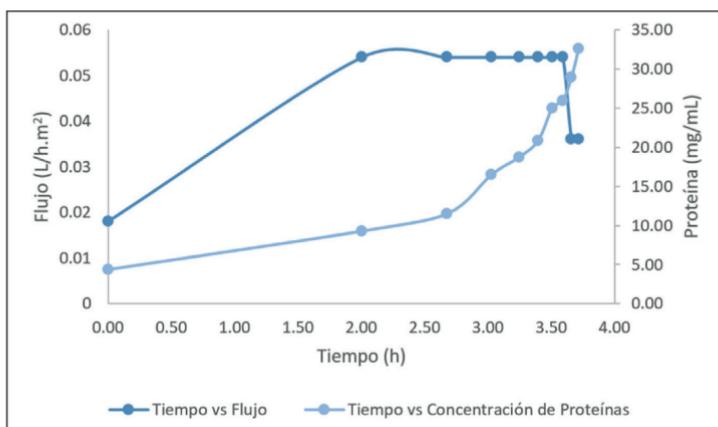
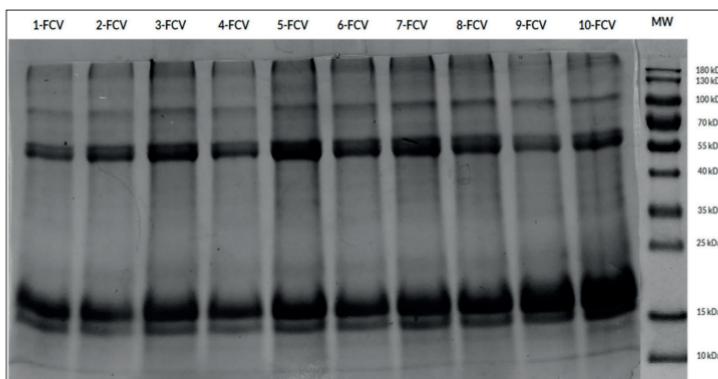


Figura 1. Perfil del flujo en función de la concentración de proteínas.

Figura 2. Perfil electroforético SDS-PAGE del extracto enriquecido en albúmina de *Erythrina edulis* a diferentes FCV.

Materiales y métodos: Las semillas de *Erythrina edulis* se procesaron hasta la obtención de harina, la cual se resuspendió en agua destilada en proporción 1/10 (p/v), siguiendo la metodología descrita por Palma y col¹. El extracto de albúmina se concentró por UFC siguiendo el método de Arazo y col.² utilizando una membrana de 5 kDa con un área de 0,02 m². Se realizaron pruebas de permeabilidad a diferentes presiones transmembrana (TMP) para seleccionar la condición óptima.

Se evaluó el incremento de proteínas en función del Factor de Concentración Volumétrica (FCV). El contenido proteico se determinó por el método de Bradford y el perfil electroforético se realizó por SDS-PAGE.

Resultados y discusión: El extracto inicial se concentró de 4,38 a 32,59 mg/mL obteniendo un rendimiento final de 73,5%. Durante el proceso de concentración, el flujo de permeado se incrementó de 0,03 hasta 0,05 L/h·m² y se estabilizó alrededor de las 3 h (Fig. 1); esto debido al aumento de la concentración proteica en la solución de alimentación. El perfil electroforético (Fig. 2) mostró bandas predominantes de 13-20 kDa asociadas a la fracción albúmina³. Sin embargo, también se visualizó una banda correspondiente a la fracción γ -conglutina a 55 kDa, que se caracteriza por su solubilidad parcial en agua⁴.

Conclusiones: El sistema de ultrafiltración de flujo cruzado fue eficiente, debido al alto rendimiento en la obtención de la fracción albúmina de semillas de *Erythrina edulis*. Por ende, podría servir como un proceso escalable en la industria alimentaria para el aprovechamiento de proteínas de semillas de leguminosas.

Palabras clave: Ultrafiltración, proteínas, leguminosas, fracción albúmina, *Erythrina edulis*.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA, Contrato PE501082679-2023 y parcialmente por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado-UNMSM (RR N° 004305-R-24 proyecto A24040101).

Referencias bibliográficas

1. Palma-Albino C, Intiquilla A, Jiménez-Aliaga K, Rodríguez-Arana N, Solano E, Flores E, et al. *Antioxidants*. 2021;10(11):1722.
2. Arazo M, Jaque N, Caro N, Abugoch L, Tapia C. *Food Chem*. 2020;313:126154.
3. González-Pérez S, Arellano JB. *Handbook of Hydrocolloids* (Second Edition). 2009. p. 383-419.
4. Duranti M, Consonni A, Magni C, Sessa F, Scarafoni A. *Trends Food Sci Technol*. 2008;19(12):624-33.

Microalgas como indicadores biológicos de ecotoxicidad de quinolonas

**ANA M. GAGNETEN¹, NATALÍ ROMERO^{1,3},
SILVIA HERNÁNDEZ², SILVINA V. KERGARAVAT^{2,3}**

**1 Laboratorio de Ecotoxicología - Facultad de Humanidades y Ciencias -
Universidad Nacional del Litoral. Santa Fe, Argentina.**

**2 Laboratorio de Sensores y Biosensores - Facultad de Bioquímica y Ciencias
Biológicas - Universidad Nacional del Litoral. Santa Fe, Argentina.**

**3 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET,
Argentina) Correo electrónico: amgagneten@gmail.com**

Introducción: Los productos farmacéuticos, por su consumo masivo, son uno de los contaminantes emergentes más importantes. Se vierten a las aguas residuales urbanas y llegan a las plantas de tratamiento, las cuales no están diseñadas para suprimirlos, por lo que, en algunos casos, estos compuestos no se eliminan por completo y siguen presentes en los efluentes incluso después de ser tratados. En Argentina, los productos farmacéuticos detectados con mayor frecuencia en ambientes acuáticos son antibióticos (32%), analgésicos (14%), antidepresivos (14%), antihipertensivos (11%) y ansiolíticos (3%). Las quinolonas (QNs) son antibióticos muy utilizados en medicina humana y veterinaria para tratar diferentes tipos de infecciones; pueden ingresar al ambiente, especialmente a los sistemas acuáticos, por infiltración, escorrentía o por efluentes poco o mal tratados antes de su vertido al curso de agua receptor. A pesar de esto, existe un vacío en la legislación respecto a la contaminación ambiental por productos farmacéuticos, probablemente porque son escasos los estudios de toxicidad y por tanto insuficientes para inferir

los riesgos sobre la vida silvestre de la exposición a largo plazo a productos farmacéuticos y sus metabolitos. Se eligió como organismo de prueba para evaluar los efectos ecotoxicológicos de las QNs una microalga debido a que son muy sensibles y pertenecen al primer nivel de la cadena trófica, por lo que cualquier alteración en su dinámica podría afectar los niveles superiores del ecosistema. El objetivo de este trabajo fue evaluar la toxicidad de tres QNs de diferentes generaciones: ciprofloxacina (CIP, segunda), levofloxacina (LEV, tercera) y moxifloxaína (MOX, cuarta), sobre la microalga *Chlorella vulgaris*. Las generaciones consisten en modificaciones de las estructuras químicas de los antibióticos para disminuir la multiresistencia microbiana.

Materiales y métodos: Se realizaron ensayos de inhibición del crecimiento de algas (96 h) de *Chlorella vulgaris* expuesta a quinolonas según la OCDE (2011). Las microalgas se cultivaron en medio Johnson modificado y las condiciones fueron: intensidad 6000 lux, $23\pm2^\circ\text{C}$ y concentraciones iniciales de 104 células mL⁻¹. Se evaluaron un ensayo de control y seis tratamientos con las tres generaciones de quinolonas en concentraciones en el rango 0,26 - 62,5 mg L⁻¹. Los puntos finales fueron densidad celular, tasa de crecimiento y concentración efectiva media (CE50), determinación de pigmentos (clorofila a, b y total, carotenoides y feofitina), reservas metabólicas (lípidos, carbohidratos y proteínas), biovolumen, además de biomarcadores enzimáticos (actividad de la catalasa y glutatión S-transferasa) y peroxidación lipídica (ensayo de malondialdehído, como biomarcador de estrés oxidativo).

Resultados y discusión: Las CE50 obtenidas fueron 7,4; 10,6 y 1,4 mg L⁻¹ para CIP, LEV y MOX, respectivamente (Tabla 1). Las densidades celulares y las tasas de crecimiento disminuyeron a medida que aumentaron las concentraciones de los tres QNs. Se observó disminución significativa en la producción de pigmentos en los ensayos de LEV y MOX.

Tabla 1. Toxicidad de las tres generaciones de quinolonas sobre *C. vulgaris*.

QNs	Concentración Efectiva (CE50)			R^2
	CE50 (mg L^{-1})	95% Intervalo de confianza (mg L^{-1})		
LEV	10,6	52-27,7		0,7758
CIP	7,4	1,9-12,6		0,9791
MOX	1,4	0,8-2,0		0,8905
Toxicidad: MOX>CIP>LEV				
	4°		2°	3°

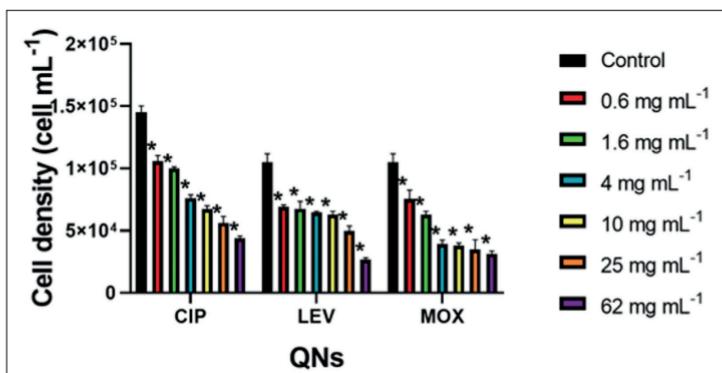


Figura 1. Densidad celular de *C. vulgaris* expuesta a diferentes QNs.

Las densidades celulares (Figura 1), la tasa de crecimiento y el contenido de pigmentos fueron menores que en el control ($p<0,05$) y significativamente menores al aumentar la generación de QNs ($p<0,01$). Se alteraron las composiciones bioquímicas y los biomarcadores enzimáticos y se detectó peroxidación lipídica en presencia de quinolonas en comparación con la respuesta de los controles.

Conclusiones: Los resultados muestran que la toxicidad de las QNs sobre *C. vulgaris* depende, en orden creciente, de la generación: MOX>LEV>CIP, lo que representa que el avance en los desarrollos biotecnológicos de nuevos fármacos

resulten en un mayor riesgo ambiental para las microalgas y potencialmente puedan afectar a otros organismos acuáticos.
Palabras clave: Indicadores biológicos, Ciprofloxacina, Levofloxacina, Moxifloxacina, Chlorella vulgaris.

Agradecimientos: Lab. Roemmers por el aporte de las QNs; CONICET, UNL y Agencia Nacional de Promoción de la Investigación, el Desarrollo Tecnológico y la Innovación, por financiamiento recibido.

Referencias bibliográficas

1. OECD [Organization for Economic Co-Operation and Development]. *Guideline for testing of chemicals. alga, growth inhibition test.* Paris: Organization for Economic Co-Operation and Development: 1984.
2. APHA, AWWA, WEF. *Standard Methods for examination of water and wastewater.* 22nd ed. Washington: American Public Health Association, 2012. p.10-22. ISBN 978-087553-013-0.
3. Mishra S, Suh W, Farooq W, Moon M, Shrivastav A, Park M, et al. Rapid quantification of microalgal lipids in aqueous medium by a simple colorimetric method Bioresour Technol. 2014; 155: 330-3.

Levaduras etanol tolerantes aisladas de la fermentación del café del distrito de Perené, Chanchamayo

**MISHELL HINOSTROZA PÉREZ^{1*},
NATHALI FLORES FERNÁNDEZ¹**

1 Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Grupo de Investigación Biomias. Jr. Puno N° 1002, Lima, Perú.

Teléfono: +51 (01) 6197000.

Correo electrónico: hmishell.hp@gmail.com

Introducción: Las levaduras tolerantes al etanol son cruciales para mantener una fermentación eficiente en condiciones de alta concentración de etanol, debido a que pueden crecer y fermentar en estas condiciones extremas¹. Además, contribuyen a la producción de compuestos aromáticos y volátiles que determinan los perfiles de sabor y aroma, lo cual es crucial en industrias como la del café, vino, cerveza y destilados². Investigaciones previas han identificado varias especies de levaduras en fermentaciones de café, pero se conoce poco sobre su resistencia al etanol y su potencial uso como cultivos iniciadores³. Este estudio tiene como objetivo identificar y caracterizar cepas de levaduras resistentes al etanol aisladas de la fermentación espontánea del café por vía húmeda.

Materiales y métodos: Se recolectaron muestras de la fermentación espontánea del café en el distrito de Perené (Chanchamayo) desde el inicio hasta las 18 h. Se realizaron diluciones seriadas y se cultivaron en medio YPD a pH 5,6 con cloranfenicol 100 mg/L e incubó a 30 °C durante 48 h. Se aislaron colonias con diversas características morfológicas como forma, borde, tamaño, aspecto y color. Los aislados se cultivaron en

Tabla 1. Caracterización molecular de levaduras etanol tolerantes aisladas de la fermentación húmeda del café del distrito de Perené, Chanchamayo con relación a la región 5,8S-ITS.

Cepas	Tolerancia etanol (%)	Perfil de restricción	Género
MH10	6	I	<i>Torulaspora</i>
MH18	10	I	<i>Torulaspora</i>
MH11	10	II	<i>Starmerella</i>
MH5, MH13	6	III	<i>Hanseniaspora</i>
MH14, MH24	10	III	<i>Hanseniaspora</i>
MH6, MH7, MH23	6	IV	<i>Pichia</i>
MH2, MH8, MH15, MH17	8	IV	<i>Pichia</i>
MH9, MH12, MH16, MH20, MH21, MH22	10	IV	<i>Pichia</i>
MH4, MH19	6	V	<i>Candida</i>
MH1, MH3	8	V	<i>Candida</i>

medio YPD con etanol de 0 hasta 10%, e incubó 30 °C durante 48 h. Se extrajo ADN de las levaduras mediante un kit comercial Quick-DNA TM fungal/bacterial miniprep (Zymo Research) y se amplificaron las regiones 5.8S-ITS mediante PCR con los primers ITS1 y ITS4. La región amplificada se analizó por RFLP con la enzima Hae-III. Se secuenció la región 5.8S-ITS por Macrogen Company y se analizó usando la herramienta bioinformática BLAST.

Resultados y discusión: Se aislaron 24 cepas de levaduras que presentaron colonias con rasgos distintivos en medio YPD y agar WLN. El género *Pichia* presentó mayor morfotipos seguido por los géneros *Candida* y *Hanseniaspora*. La diversidad morfológica surge debido a diferencias entre especies y dentro de una misma especie, condiciones de cultivo y tiempos de incubación^{4,5}.

Un 42% de las cepas toleraron hasta un 10% de etanol, destacando las de los géneros *Pichia* y *Starmerella*, que

resistieron entre 8% y 10%, indicando una adaptación a altos niveles de etanol (Tabla 1).

Conclusiones: Las cepas de levaduras del café de Perené-Chanchamayo variaron en tolerancia al etanol, destacando *Pichia* por su alta resistencia.

Palabras clave: Café, fermentación, levaduras, *Pichia*, *Candida*, *Hanseniaspora*.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del convenio de Financiamiento N° 007-FONDECYT-2014.

Referencias bibliográficas

1. de Melo G, Thomaz V, Pandey A, Pedroni A, Rodrigues J, Luiz A, *et al. Int J Food Microbiol.* 2014; 188: 60-66.
2. Elhalis H, Cox J, Frank D, Zhao J. *Int J Food Microbiol.* 2020; 333: 108796.
3. de Carvalho D, de Melo G, Tanobe V, Soccol V, da Silva B, Rodrigues C, *et al. Fermentation.* 2017; 3(1).
4. Linares M, Solís F. *Rev Iberoam Micol.* 2007; 3(11): 11-21.
5. Batista M, Batista N, Sances M, Egidio D., Meira F, Freitas R. *Food Res Int.* 2020; 136(March): 109482.

**Evaluación de remoción de cromo (VI)
de efluentes de curtiembre empleando
nanopartículas de jarosita residual sintetizadas
con extracto de cáscara de pecana
(*Carya illinoinensis*)**

**ANGGELI SOLANSH HUACASI BELLIDO^{1, 2*}, SUSAN FLORES
CALLA^{1, 2}, NAYSHA MEZA ELGUERA^{1, 2}, STEPHANIE SOSA
PULCHA^{1, 2}, ANTONIO ERICK LINARES FLORES CASTRO^{1, 2},
HUGO JIMENEZ PACHECO^{1, 2}**

1 Facultad de Ciencias Farmacéuticas Bioquímicas y Biotecnológicas,
Universidad Católica de Santa María.

2 Instituto de Investigación e Innovación en Energías Renovables y
Medio Ambiente, Arequipa, Perú
Correo electrónico: 73053979@ucsm.edu.pe

Introducción: El cromo es uno de los principales contaminantes en los vertidos de efluentes de curtido, es tóxico, carcinógeno, y cruza la membrana celular, dañando los componentes celulares en su ingreso. A nivel nacional la industria de curtiembre se desarrolla en las ciudades de Trujillo, Lima, y Arequipa, estas emplean un sistema tradicional que utiliza productos químicos como cromo y azufre que causan problemas ambientales. La sal de cromo se utiliza en el proceso de la fijación de la proteína colágeno de la piel, convirtiendo así la piel en un material imputrescible, sin embargo, el problema en su aplicación, se debe a que no se absorbe completamente el cromo quedando un remanente contaminante. Las nanopartículas de jarosita se utilizan para la reducción de Cromo (VI) con alta eficiencia, bajo costo y un enfoque amigable con el medio ambiente. El objetivo de este trabajo es evaluar

la remoción de Cromo (VI) de efluentes de curtiembre empleando nanopartículas de jarosita residual sintetizadas con extracto de cáscara de pecana (*Carya illinoiensis*).

Materiales y métodos: Se realizó la recolección de pecanas (*Carya illinoiensis*) para obtener un extracto fenólico. El contenido de fenoles totales se evaluó por el método de Folin Ciocalteu, y la actividad oxidante con 2,2-difenil-1-picrilhidracilo (DPPH). Se trató la muestra de jarosita para la posterior síntesis de nanopartículas que se realizó utilizando como precursor a dicho mineral, con volúmenes distintos de extracto cáscara de pecana (1, 5, 10 ml), y uno a pH 12, los cuales se caracterizaron empleando Zetasizer, FTIR, y UV-Vis. Para determinar cromo, se validó el método espectrofotométrico difenilcarbazida y se aplicó en soluciones sintéticas de cromo con dicromato de potasio a 20 ppm, para realizar pruebas¹. Posteriormente se usaron aguas de curtiembre con el ptimo de las soluciones de cromo.

Tabla 1. Ensayos sobre el efecto de las nanopartículas de jarosita sobre la eficiencia de la remoción de cromo (VI).

Ensayo	pH de nps	pH de Sol. de cromo	Concentración cromo (VI) (ppm)	Remoción de cromo (VI) (%)
Ensayo de nps a (pH 6, 12)	6	2	20	96.99
	12	2	20	95.43
Ensayo con jarosita pura	6	2	20	14.37
Ensayo de variación de concentración de cromo	6	2	20	92.84
	6	2	50	97.36
Ensayo de pH	6	2	20	96.07
	6	12	20	48.45

Resultados y discusión: La remoción de cromo (VI) empleando nanopartículas de jarosita fue más eficiente a pH ácido, logrando 96.07% de adsorción a los 38 minutos. Se evidenció que el mejor trabajo se realizó con una solución de 20 ppm de cromo con tiempo de remoción a los 15 minutos, cuando llega al equilibrio El otro ensayo, con 50ppm requirió 21 minutos y logró menor remoción.

Conclusiones: Este estudio demuestra que la concentración de nanopartículas, la concentración de cromo y el pH de la solución de cromo, influyen significativamente en la eficiencia de eliminación de dicho elemento. Las condiciones de ácidas favorecieron la eliminación, mientras que las básicas provocaron la disminución dramáticamente.

Palabras clave: Jarosita, cromo (VI), remoción, nanopartículas, contaminantes.

Agradecimientos: Este trabajo fue subvencionado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA en el marco del concurso «Proyectos de investigación aplicada 2023-02», según contrato o convenio PE501083714-2023.

Referencias bibliográficas

1. Bejarano-Meza M, Deza-Carrasco FE, Salinas-Herrera S, Flores-Calla S, Jimenez- Pacheco HG. Evaluation of Cr(VI) removal from tanning effluents using magnetic nanoparticles of Fe₃ O₄ synthesized with olea europaea bone extract. *Molecules*. 2024 Jan 1; 29(2).

Búsqueda de nuevos péptidos bioactivos de la fracción albúmina de *Lupinus mutabilis* mediante análisis proteómico y bioinformático

JORGE HUAYLLACAYAN MALLQUI^{*1},

ARTURO INTIQUILLA¹, KARIM JIMÉNEZ ALIAGA¹,

AMPARO IRIS ZAVALET¹, SAMUEL PATERSON²,

BLANCA HERNÁNDEZ LEDESMA²

1 Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú.

2 Centro de investigación de la Alimentación (CIAL), CSIC-UAM, Madrid, España.

Correo electrónico: jorgeh2519@gmail.com

Introducción: El incremento de la población mundial, la industrialización y los problemas medioambientales asociados, han generado un gran interés por la búsqueda de nuevas fuentes sostenibles de proteínas. Entre ellas, *Lupinus mutabilis sweet* (tarwi) se destaca debido a su bajo impacto medioambiental y alto contenido proteico (32-57%)¹ pudiendo ser considerada como una potencial fuente de péptidos bioactivos tras su paso por el tracto gastrointestinal (GI)². Asimismo, el empleo de predicciones teóricas desarrolladas a partir del uso de herramientas bioinformáticas (*in silico*) se consideran estrategias útiles en el descubrimiento de bioactividades peptídicas por permitir optimizar tiempo y recursos durante el análisis proteómico de nuevas fuentes de proteínas alimentarias³. Por todo ello, el objetivo de este estudio fue el de realizar un análisis proteómico-bioinformático de la fracción albúmina de las semillas de tarwi (*Lupinus mutabilis*) como base para la obtención e identificación de péptidos bioactivos de interés para la salud humana.

Tabla 1. Péptidos liberados por digestión *in silico* con alto potencial bioactivo.

Sequence	Peptiranker	Length	Mass (Da)
VSEPSIKAPCSLPPPFF	0.9996	16	1668.94
HHPCN	0.9938	5	606.66

Tabla 2. Péptidos identificados *de novo* con mayor potencial bioactivo.

Sequence	Peptiranker	Length	m/z
HFPCPYLR	0.947511	8	516.75
CEDYEPPR	0.558705	8	533.22

Materiales y métodos: En primer lugar, se realizó una digestión en gel SDS-PAGE con tripsina de la fracción proteica albúmina. A continuación, el análisis de los digeridos se realizó por cromatografía líquida de fase reserva RP-LC-MS/MS utilizando un LTQ ORBITRAP-VELOS-PRO (Thermo Scientific) y las proteínas y péptidos de novo se identificaron con el software PEAKS Studio (V11.5, Bioinformatics Solutions Inc., Waterloo, Ontario, Canadá). Posteriormente, la digestión gastrointestinal (DGI) *in silico* fue llevada a cabo mediante el software Rapid Peptide Generator (RPG)⁴ utilizando pepsina, tripsina y quimiotripsina. Finalmente, el potencial bioactivo de los péptidos obtenidos fue evaluado mediante el software PeptideRanker y otros predictores de

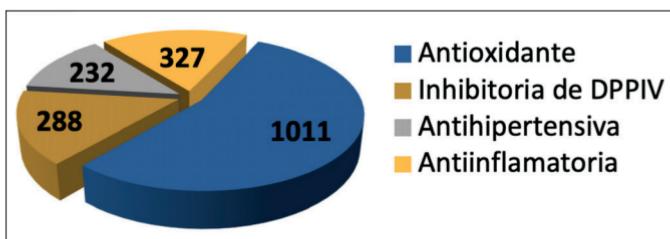


Figura 1. Actividades biológicas predichas de los péptidos identificados *de novo*.

actividad biológica (BIOPEP). Los péptidos identificados *de novo* en el análisis proteómico, cuya confianza local promedio (ALC) fueron mayores al 85% también fueron evaluados.

Resultados y discusión: Se identificaron un total de 72 grupos proteicos, los cuales fueron digeridos *in silico* simulando la DGI, obteniendo un total 43475 péptidos libres. En resumen, 16 péptidos presentaron de forma simultánea actividad antioxidante, antihipertensiva, antiinflamatoria y antidiabética, siendo las secuencias VSEPSIKAPCSLPPPF y HHPCN los péptidos con mejores puntuaciones (Tabla 1).

En relación a los péptidos identificados de novo a partir de la fracción albumina inicial, se identificaron 1131 péptidos, de los cuales 1011 péptidos presentaron actividad antioxidante, 288 péptidos actividad inhibitoria de DPPIV, 232 péptidos actividad antihipertensiva, y 327 péptidos actividad antiinflamatoria (Figura 1). En resumen, 32 péptidos presentaron todas las actividades biológicas de forma simultánea, de las cuales se destaca 2 por sus altos valores en bioactividad predichos, (Tabla 2).

Conclusiones: Los péptidos VSEPSIKAPCSLPPPF y HHPCN obtenidos de la digestión *in silico* y los péptidos de novo HFPCPYLR y CPETFEDR mostraron alta confianza para las actividades antioxidante, antihipertensiva, inhibitoria de DPPIV y antiinflamatoria con posibilidades de aplicación en el sector farmacéutico y alimentario.

Palabras clave: Proteómica, digestión *in silico*, bioinformática, péptidos bioactivos.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA, Contrato PE501078969-2022 y parcialmente por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado-UNMSM (RR N° 07572-R-23 proyecto A23040031i).

Referencias bibliográficas

1. Gulisano A, Alves S. Genetics and Breeding of *Lupinus mutabilis*: An Emerging Protein Crop. Front Plant Sci. 2019.
2. Chirinos R, Villasante N. Antioxidant, antihypertensive and antidiabetic potential of peptidic fractions obtained from tarwi (*Lupinus mutabilis*) protein hydrolysate. 2022.
3. Daliri, EBM; Oh, DH; Lee, BH Péptidos bioactivos. Alimentos. 2017.
4. Maillet, N. Rapid Peptides Generator: fast and efficient *in silico* protein digestion. NAR Genomics, 2(1), 2020.

Compuestos volátiles y actividad antimicrobiana del aceite esencial de *Tanacetum vulgare L.* sobre *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* y *Candida albicans* multidrogoresistentes

JUAN HUARACHI^{1*}, FANNY FLORES¹

1 Universidad Nacional del Altiplano, Puno-Perú. Correo electrónico:
jhuarachi@unap.edu.pe

Introducción: La palma real (*Tanacetum vulgare* L, Fam. Asteraceae) constituye un recurso vegetal silvestre muy importante en la región Puno con diversas propiedades etnomedicinales, entre ellas su actividad frente a infecciones por lo que se evaluó la composición química que tiene el aceite esencial (AE) que agrupa una variedad de metabolitos secundarios, entre ellos monoterpenos.

Materiales y métodos: El estudio fue de tipo explicativo, cuantitativo, prospectivo, de diseño experimental puro, empleándose para ello especímenes de palma real recolectados de la comunidad de Ccota, distrito de Platería (Puno), localizado a LS 15°56'15", LO 69°49'15"W, y a 3811 m s. n. m. La determinación fue realizada en el «Herbarium Arequipense» (UNSA), mientras que la extracción del AE se hizo por hidrodestilación en el Laboratorio de Industrias Médicas y Farmacéuticas S.R.L. (Cerro Colorado, Arequipa). Para la caracterización fitoquímica del AE se utilizó cromatografía de gases-espectrofotometría de masas (CG-EM) (Laboratorio de Cromatografía y Espectrofometría, UNSAAC). La evaluación del efecto antimicrobiano del AE de *T. vulgare* L. frente

Tabla 1. Compuestos volátiles del aceite esencial de hojas de *Tanacetum vulgare* L identificados por CG-EM.

Pico	Compuesto Librería Nist 11	Contenido relativo (%)
1	α -pineno	0,3057
2	β -felandreno	6,8061
3	α -cimeno	1,1668
4	Eucaliptol	1,2138
5	γ -terpineno	0,4960
6	Biciclo[3.1.0]hexan-2-ol, 2-metil-5-(1-metiletilo)-, (1 α ,2 β ,5 α)-	1,0415
7	β -Tujona	1,6889
8	Tujona	83,0953
9	Biciclo [3.1.0]hexan-3-ol, 4-metileno-1-(1-metiletilo)-, [1S-(1 α ,3 β ,5 α)]-	0,6165
10	Terpinen-4-ol	0,1816
11	α -Tuyenal	0,2543
12	Cariofileno	0,1975
13	1,6-Ciclodecadieno, 1-metil-5-Metilen-8-(1-metiletilo)-[S-(E,E)]-	0,1694
14	Naftaleno, 1,2,3,5,6, 8a-hexahidro-4,7-dimetil-1-(1-metiletilo)-, (1S-cis)-	0,1774
15	Aromandendreno	0,4276
16	Oxaciclotetradecan-2-ona, 14-metil-	0,1866
17	1(2H)-naftalenona, octahidro-4a, 8a-dimetil-7-(1-metiletilo)-, [4aR-(4a α ,7 β , 8a α)]-	0,3577

a *E. coli*, *S. aureus* y *C. albicans* multidrogoresistentes (tipificadas por el sistema Vitek 2.0) se realizó en el laboratorio de Microbiología del Hospital Carlos Monge Medrano, a través de determinar la concentración mínima inhibitoria (CMI), concentración mínima bactericida (CMB), concentración mínima fungicida (CMF) y susceptibilidad antimicrobiana (Kirby-Bauer) de 400, 200, 100, 50, 25 y 12,5 μ l/ml de AE,

siendo los datos procesados mediante estadística descriptiva y análisis de varianza con pruebas de comparaciones múltiples a un $\alpha=0,05$ en el Programa R v 4.3.1.

Resultados y discusión: El rendimiento de AE fue de 0,88%, con una densidad de 0.898 g/ml, constituido en su mayoría por compuestos volátiles (64,7%) de bajo peso molecular, principalmente monoterpenos (tujona), 83% y β felandreno, 7%) (Tabla 1), con un CMI significativo en orden de relevancia para *S. aureus* (318 μ l/ml), *C. albicans* (322 μ l/ml) y *E. coli* (360 μ l/ml), y una CMB y CMF para *S. aureus* de 319 μ l/ml, *C. albicans* 323 μ l/ml y *E. coli* 361 μ l/ml, corroborado con la evaluación de susceptibilidad (400 μ l/mla, 200 μ l/ mlab). La variabilidad química encontrada podría deberse a la propagación halogámica, carácter heterocigótico de la planta y al procedimiento de extracción¹.

Conclusiones: Se concluye que el AE rico en compuestos volátiles tiene actividad antimicrobiana a 400 y 200 μ l/ml frente a microorganismos de importancia en salud pública.

Palabras clave: aceite esencial, *Tanacetum vulgare*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Candida albicans*.

Agradecimientos: Autofinanciado.

Referencias bibliográficas:

1. Aziz ZAA, Ahmad A, Setapar SHM, Karakucuk A, Azim MM, Lokhat D, et al. Essential oils: extraction techniques, pharmaceutical and therapeutic potential - A Review. *Curr Drug Metab* [Internet]. 2018 Nov 23;19(13):1100–10. Available from: <http://www.eurekaselect.com/163991/article>

**Actividad antioxidante y antihipertensiva
de hidrolizados proteicos de leguminosas
andinas obtenida con una proteasa neutra de
Micrococcus sp. PC7**

**ARTURO INTIQUILLA QUISPE¹*, CÉSAR BAUTISTA¹,
CAMILA ARREDONDO¹, ADRIANO BRANDELLI², KARIM
JIMÉNEZ ALIAGA¹, AMPARO IRIS ZAVALET¹**

¹ Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor
de San Marcos, Lima, Perú.

² Department of Food Science, Federal University of Rio Grande do Sul,
Porto Alegre, Brasil.

Correo electrónico: aintiquillaq@unmsm.edu.pe

Introducción: Las proteínas de origen vegetal se han convertido en un alimento importante en la alimentación humana no solo por su valor nutricional, sino por ser fuente de agentes prometedores en el tratamiento de diversas enfermedades debido a sus propiedades funcionales y bioactivas¹. Las propiedades bioactivas de los hidrolizados dependen de las condiciones del proceso catalítico, siendo el tipo de proteasa a utilizar uno de los factores más importantes, donde algunas tienen condiciones de uso extremos como pH, temperatura, tiempo, otros². En ese sentido, el trabajo tuvo por objetivo purificar una proteasa neutra de *Micrococcus sp.* PC7 para obtener hidrolizados proteicos de leguminosas andinas con propiedades antioxidantes y antihipertensivas.

Materiales y métodos: El microorganismo se cultivó en un medio que contenía 5% (v/v) de agua de mar, 0,5% (p/p) de extracto de levadura y 1% (p/v) de glucosa por 48 h a 30°C. El sobrenadante libre de células se concentró utilizando un

sistema de ultrafiltración con un Cassette Pellicon®3 88 cm²/membrana Ultracel® de 3 kDa (Millipore-Sigma, USA). La presencia de la proteasa parcialmente purificada se observó en un gel SDS-PAGE y se evaluó la actividad proteolítica a diferentes pH, temperatura, presencia de sales, solventes y detergentes. La obtención de los hidrolizados proteicos se realizó a partir de concentrados proteicos de *Lupinus mutabilis*, *Phaseolus lunatus* y *Erythrina edulis*, utilizando una relación enzima/sustrato (E/S) de 1/50 (p/p). Se utilizó como control del poder catalítico Alcalase®. La actividad antioxidante de los hidrolizados proteicos se ensayó utilizando el radical ABTS•+ y la actividad antihipertensiva se determinó a través de la capacidad inhibidora de la Enzima Convertidora de Angiotensina (I-ECA)³.

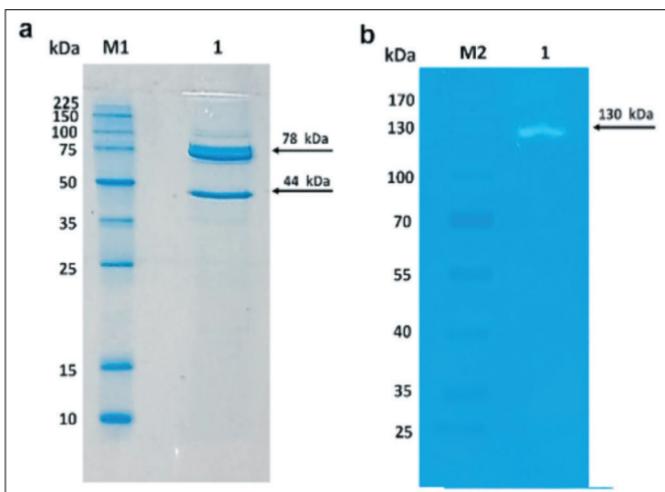


Figura 1. (a) SDS-PAGE de la proteasa PC7 purificada y (b) Zimografía que evidencia su actividad proteolítica.

Tabla 1. Actividad antioxidante (ABTS) y antihipertensiva (I-ECA) de los hidrolizados proteicos.

	<i>L. mutabilis</i>	<i>P. lunatus</i>	<i>E. edulis</i>
ABTS	203,0 ± 5,9 ^a	179,9 ± 2,5 ^b	173,9 ± 3,8 ^b
I-ECA	64,8 ± 3,3 ^a	59,9 ± 4,5 ^b	30,1 ± 1,8 ^c

^{a, b, c} Diferencia significativa en la misma fila ($p<0,05$).

Resultados y discusión: La proteasa PC7 concentrada mostró una actividad específica de 867 U/mg. Los análisis de SDS-PAGE y zimograma de la proteasa revelaron una estructura dimérica y un peso molecular de ~130 kDa. Los óptimos de pH y temperatura fueron 7,5 y 40 °C, respectivamente. La actividad se incrementó en presencia de Cu+2 (1,7 veces) y acetonitrilo (1,4 veces) y se mantuvo frente a tensioactivos como Triton X-100, Tween 20 y Tween 80.

En relación con la estabilidad térmica, la proteasa retuvo el 50% de su actividad enzimática a 40 °C durante 12 h.

La proteasa PC7 hidrolizó las proteínas de *L. mutabilis*, *P. lunatus* y *E. edulis*, liberando péptidos con capacidad antioxidante de 203, 179,9 y 173,9 µmol ET/g proteína, respectivamente. En la capacidad antihipertensiva, el hidrolizado de *E. edulis* presentó la mayor capacidad de inhibición de ECA, mostrando el menor valor IC50 de 30,1 µg/mL.

Conclusiones: La proteasa neutra PC7 se obtuvo en un solo paso y fue capaz de hidrolizar proteínas de alto peso molecular permitiendo la producción de hidrolizados de leguminosas andinas subutilizadas con actividad antioxidante y antihipertensiva.

Palabras clave: Proteasa neutra, hidrolizado proteico, antioxidante, antihipertensivo.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA, Contrato PE501078969-2022 y parcialmente por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado-UNMSM (RR N° 07572-R-23 proyecto A23040031i).

Referencias bibliográficas

1. Scholes T, Chukwuemeka S, Olayemi O, Kuku A. Investigation of functional, antioxidant, anti-inflammatory, and antidiabetic properties of legume seed protein hydrolysates. *Food Hydrocolloids.* 2024, 1(5).
2. Yu P, Wang X, Huang X. Purificación y caracterización de una proteasa neutra tolerante al propanol de *Bacillus* sp ZG20. *Prep Biochem Biotechnol.* 2019, (49):718-726.
3. Palma-Albino C, Intiquilla A, Jimenez K, Rodriguez N, Solano E, Zavaleta A, Hernandez- Ledesma B. Albumin from *Erythrina edulis* (Pajuro) as a Promising Source of Multifunctional Peptides. *Antioxidant.* 2021, 10(11).

Evaluación de actividad promotora de crecimiento vegetal en bacterias asociadas a rizósfera de plantas de café (*Coffea arabica*)

SOFÍA M. JIMÉNEZ-RUIZ^{*1}, LICIA Y. SALVATIERRA-CAPCHA², MAYUMI J. DÁVILA-QUISPE², OMAR S. PILLACA-PULLO²

1 Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú.

2 Laboratorio de Biotecnología, Dirección de Investigación, Desarrollo, Innovación y Transferencia Tecnológica, Instituto Tecnológico de la Producción, Callao, Perú.

Correo electrónico: sofia.mjr99@gmail.com

Introducción: La rizósfera es una zona del suelo que contiene una gran diversidad microbiana, la cual interactúa con la planta influyendo positivamente en el crecimiento y desarrollo¹. El grupo de Rizobacterias Promotoras de Crecimiento Vegetal (PGPR) es uno de los más interesantes ya que presenta actividades como solubilización de fosfato, producción de Ácido Indol Acético (IAA), actividad fitasa, entre otras. Sin embargo, la agresividad de las prácticas agrícolas actuales reduce la biodiversidad microbiana del suelo, afectando negativamente el rendimiento global de los cultivos. En este sentido, la bioprospección de suelos es una estrategia importante para descubrir microorganismos PGPR novedosos, útiles para la producción de bioinsumos aplicados en técnicas de agricultura sostenible, como para los cultivos de café, cuya producción anual en el Perú supera los tres millones de kg². El objetivo del estudio fue evaluar la actividad PGPR de 44 bacterias aisladas de suelo rizosférico de plantas de café de Villa Rica, Oxapampa.

Materiales y métodos: Se recolectó una muestra de suelo rizosférico de café en Villa Rica, Oxapampa ($10^{\circ} 37' 44''S$ $75^{\circ} 42' 14''W$). Para el aislamiento se realizaron diluciones seriadas en solución salina de la muestra de suelo (10-1-10-6) y se sembraron $100\mu L$ de cada una en placas de TSA, luego se incubó a $35^{\circ}C$ durante 24h.

Tabla 1. Índices de solubilización (IS), diámetro total del halo (DT) y producción de IAA de los principales aislados.

CEPAS	NBRIPI		PSM		
	DT (mm)	IS	DT (mm)	IS	IAA*
SOX-01	30	2,0	32	2,7	+
SOX-08	28	2.2	24	2.2	++
SOX-19	17	1.7	30	3.3	+

* Escala: '+' (tenue); '++' (moderado).

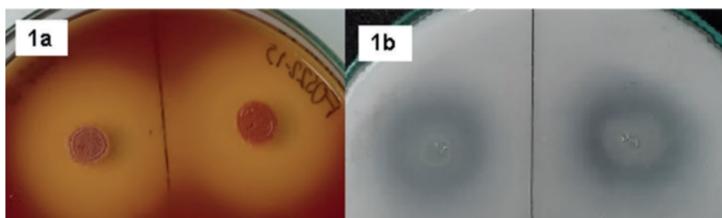


Figura 1. Halos de actividad fitasa (1a) y solubilización de fosfato (1b).

Posteriormente, las colonias aisladas fueron usadas para la evaluación en placa de la solubilización de fosfato en medio NBRIPI (National Botanical Research Institute's phosphate growth medium) y actividad fitasa en PSM (Phytase Screening Medium), asimismo la producción de IAA se evaluó en TSB suplementado con L-triptófano (5 mM) por el método cualitativo de Salkowski. Todas las evaluaciones se realizaron por duplicado y se calcularon los Índices de Solubilización (IS) a partir de los halos de solubilización y diámetro de las colonias.

Resultados y discusión: Se aislaron 44 colonias bacterianas del suelo rizosférico. De los ensayos en placa (Fig. 1) se obtuvieron 30 aislados con actividad fitasa, 17 aislados solubilizadores de fosfato y 22 aislados positivos para producción de IAA.

Los aislados SOX-01, SOX-08 y SOX-19 mostraron IS superiores a 1.5 y halos de actividad entre 17-32mm, por lo que se consideran solubilizadores eficientes¹ debido a su capacidad para mejorar la biodisponibilidad del fósforo insoluble en el suelo rizosférico de las plantas³. Además, los tres aislados fueron productores positivos para IAA (principalmente SOX-08) por lo que podrían presentar capacidad de biosíntesis de la fitohormona auxina en presencia del precursor L-triptófano en suelo⁴ (Tabla 1).

Conclusiones: Los aislados SOX-01, SOX-08 y SOX-19 mostraron mayor potencial de actividad PGPR, destacándose en la solubilización de fosfato, actividad fitasa y producción de IAA.

Palabras clave: Suelo rizosférico, PGPR, café.

Agradecimientos: Los autores agradecen al Instituto Tecnológico de la Producción por el soporte técnico y científico.

Referencias bibliográficas

1. Gizaw B, Tsegay Z, Tefera G, Aynalem E, Wassie M, Abatneh E. Phosphate solubilizing fungi isolated and characterized from teff rhizosphere soil collected from north Showa and Gojam, Ethiopia. *J Bacteriol Mycol.* 2017; 5(1): 218-223.
2. Pillaca-Pullo OS, Lopes AM, Rodriguez-Portilla LMI, Estela-Escalante W. Optimizing medium composition with wastewater from *Coffea arabica* processing to produce single-cell protein using . *J Chem Technol Biotechnol.* 2023; 98(1): 106-116.

3. Aliyat FZ, Maldani M, El Guilli M, Nassiri L, Ibijbijen J. Phosphate-solubilizing bacteria isolated from phosphate solid sludge and their ability to solubilize three inorganic phosphate forms: Calcium, iron, and aluminum phosphates. *Microorganisms MDPI*. 2022; 10(5): 980.
4. Park S, Kim AL, Hong YK, Shin JH, Joo SH. A highly efficient auxin-producing bacterial strain and its effect on plant growth. *J Genet Eng Biotechnol*. 2021; 19(1): 179.

Efecto del tiempo de deslupinización de semillas de *Lupinus mutabilis* «tarwi» en la actividad antioxidante

KEYLA SOFÍA LLONTOP-BERNABÉ^{1*},
CARLOS DANIEL RAMÍREZ VÉLIZ¹, ABRAHAM QUISPE²,
ARTURO INTIQUILLA¹, KARIM JIMÉNEZ-ALIAGA¹,
AMPARO IRIS ZAVAleta¹

1 Grupo de Investigación en Biotecnología Microbiana y Salud,
Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica,
Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima 1
2 Nutriandes SAC, Rímac - Lima, Perú
Correo electrónico: sofia.llontop@unmsm.edu.pe

Introducción: *Lupinus mutabilis* «Tarwi», nativo de los Andes peruanos, cuenta con contenido proteico entre 33 a 47%, aminoácidos esenciales y compuestos antioxidantes que favorecen la prevención de cáncer, enfermedades cardiovasculares, neurodegenerativas y diabetes tipo 2. Sin embargo, la presencia de alcaloides del grupo quinolizidínico en sus semillas le confieren sabor amargo y toxicidad. Estos compuestos deben ser eliminados antes del consumo¹, este proceso puede afectar la estructura de los compuestos antioxidantes y su bioactividad. El objetivo fue evaluar el efecto del deslupinizado de semillas de *Lupinus mutabilis* «Tarwi» en la actividad antioxidante de la harina y el concentrado proteico.

Materiales y métodos: Las semillas de *Lupinus mutabilis* «Tarwi» procedentes de Huamachuco, La Libertad, Perú, fueron deslupinizadas mediante tratamiento térmico acuoso, para ello las semillas fueron hidratadas en agua a 22 °C por 24 h en proporción 1:5 w/v; luego se calentó a 100 °C durante

30, 60, 90 y 120 min, en proporción 1:3 w/v. Despues, se lavó con agua durante 72 h a 22 °C, en intervalos de 6 h. En seguida, las semillas se secaron a 45 °C por 72 h, se molieron y tamizaron (0,24 mm). La harina se desgrasó con etanol 99% en proporción 1:9 w/v, a 20 °C por 6 h, en intervalos de 2 h. Luego se secó a 45 °C durante 48 h. El concentrado proteico (CP) se obtuvo mediante precipitación isoeléctrica (pH 4,5) a partir de una suspensión acuosa de harina desgrasada 1:9 p/v a pH 10,0. Se cuantificó mediante BCA de harina (HL) y CP, se expresó como mg/mL. Se analizó la actividad antioxidante de las muestras (10 mg/mL) mediante la inhibición del radical ABTS, con radical ABTS [7 mM] ajustado a $0,7 \pm 0,02$ a 734 nm, se utilizó Trolox 1 mM como estándar y la actividad se expresó como $\mu\text{mol Equivalente Trolox (ET)}/\text{g de proteína}$.

Resultados y discusión: La concentración de proteínas en la harina sin deslupinizar fue de $0,71 \pm 0,02$ mg/ mL; a 30 min de cocción (HD-30 min) fue $0,21 \pm 0,04$ mg/mL, mientras que HD-90 min se obtuvo $0,44 \pm 0,02$ mg/mL. Asimismo, la concentración de proteína en CP de la harina sin deslupinizar (HSD) fue de $0,97 \pm 0,04$, mientras que el CP obtenido a partir de la HD-60 min fue de $0,97 \pm 0,08$ mg/mL.

Se evidenció que la actividad antioxidante de la harina incrementó de $23 \pm 1,64$ a $39,70 \pm 1,67 \mu\text{mol ET/g de proteína}$ y el CP de $21,72 \pm 1,85$ a $48,43 \pm 0,65 \mu\text{mol ET/g de proteína}$, después de 30 min de cocción. No obstante, se observó que la actividad antioxidante disminuyó conforme incrementó el tiempo de cocción, esto puede explicarse en parte por posibles cambios químicos, la descomposición de compuestos antioxidantes como los compuestos fenólicos o por la formación de complejos entre proteínas y polifenoles².

Conclusiones: El tiempo de cocción en el proceso de deslupinización afecta la actividad antioxidante, a mayor tiempo de cocción la actividad antioxidante disminuye, por lo que es

importante investigar las condiciones adecuadas de procesamiento.

Palabras clave: *Lupinus mutabilis*, actividad antioxidante, concentrado proteico, deslupinización.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA, convenio PE501078969-2022.

Referencias bibliográficas:

1. Villacrés E, Álvarez J, Rosell C. Effects of two debittering processes on the alkaloid content and quality characteristics of lupin (*Lupinus mutabilis* Sweet). *J Sci Food Agric.* 2020 Mar 30;100(5):2166–7
2. Tian Y, Cortés-Avendaño P, Yang B, Glorio-Paulet P, Repo-Carrasco-Valencia R, Suomela JP. Flavonoid diversity in bitter and debittered seeds of Andean lupin (*Lupinus mutabilis* Sweet). *Food Chem.* 2024 Jun 1;442.

Frecuencia de los polimorfismos del gen NRAMP1 en pacientes con tuberculosis pulmonar de un centro de salud de Chiclayo-Perú, 2023

JOSÉ LLONTOP-NÚÑEZ^{1*}, CÉSAR NIQUE-CARBAJAL¹

¹ Docente de la Facultad de Ciencias de la Salud,
Escuela de Medicina de la Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo,
Chiclayo-Perú

Correo electrónico: jllontop@usat.edu.pe / cnique@usat.edu.pe

Introducción: El Perú es uno de los países con más alta tasa de tuberculosis. Los polimorfismos del gen *NRAMP1*, como *D543N* y *INT4*, principalmente los que controlan la inmunidad innata y adaptativa, pueden ser factores de riesgo o de protección frente al desarrollo de la enfermedad tuberculosa. Así, en diferentes estudios fueron evaluados la frecuencia de los polimorfismos *D543N* y *INT4* del gen *NRAMP1* y su asociación con la tuberculosis pulmonar¹.

El objetivo de este estudio fue estimar las frecuencias genotípicas y alélicas de los polimorfismos *D543N* y *INT4* del gen *NRAMP1* en pacientes con tuberculosis pulmonar (TBP) de un centro de salud de Chiclayo-Perú, 2023.

Resultados y discusión: En este estudio fueron obtenidos los genotipos a partir de los resultados de PCR-RFLP (Fig. 1). Las frecuencias genotípicas y alélicas en el grupo de pacientes sin TBC mostraron equilibrio de Hardy-Weinberg para *D543N* ($p=0.412$) y para *INT4* ($p=0.0035$), mientras que en el grupo de pacientes con TBC no mostraron equilibrio para ambos polimorfismos, lo que sugiere que podría estar

asociado con la tuberculosis pulmonar². En la genotificación para el *D543N NRAMP1* ($OR=0.81$, IC 95%: 0.224-2.922, $p=0.3296$) en el grupo de pacientes con TBC, la frecuencia para GG fue de 77.27%, GA de 18.18% y AA de 4.55% comparado con los pacientes sin TBC, la frecuencia para GG fue de 73.33%, GA de 26.67% y AA de 0%, siendo similar a las frecuencias para el *INT4 NRAMP* ($OR=0.381$, IC 95%: 0.123-1.185, $p=0.0676$), encontrándose una asociación negativa entre los genotipos *D543N* y *INT4* con la tuberculosis pulmonar (Tabla 1). Nuestros datos son consistentes con lo obtenido por Fernández *et al.*³, quienes establecieron una asociación negativa entre las variables. En este estudio los genotipos analizados de los polimorfismos *D543N* y *INT4* del gen *NRAMP1* son factores de protección para el desarrollo de la tuberculosis pulmonar para la zona norte de nuestro país.

Materiales y métodos: El estudio fue realizado en 52 muestras sanguíneas (22 pacientes con TBC y 30 pacientes sin TBC). El ADN fue extraído y purificado mediante el método de Invitrogen, mientras que la genotipificación de los polimorfismos *D543N* y *INT4* fue realizada mediante la técnica de PCR-RFLP usando las enzimas de restricción *AvaII* y *ApaI*, respectivamente. A partir de los resultados de PCR-RFLP se estimó la frecuencia genotípica y alélica para cada uno de ellos por conteo directo, también fue calculado el equilibrio de Hardy-Weinberg para el grupo de pacientes con TBC y pacientes sin TBC, mientras que la significancia estadística de las frecuencias ($p<0.05$) fue calculada con el test de Chi-cuadrado (X^2) y la asociación genotípica con la enfermedad fue determinada con el OR (IC: intervalo de confianza, 95%).

Conclusiones: Los genotipos más frecuentes para ambos polimorfismos fue GG mientras que las variantes menos frecuentes fueron AA y CC para *D543N* y *INT4*, respectivamente, quienes no tuvieron asociación sino considerados como

factores de protección al desarrollo de la tuberculosis pulmonar en esta región norte de nuestro país.

Palabras clave: Gen *NRAMP1*, polimorfismo genético, tuberculosis pulmonar.

Agradecimientos: Al Vicerrectorado de Investigación de la Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo Chiclayo-Perú por el financiamiento de esta investigación con resolución N° 100-2022-USAT-RTDO y 051-2023-USAT-FMED.

Tabla 1. Frecuencias genotípicas y alélicas de los polimorfismos RFLP-PCR *D543N* y *INT4* del gen *NRAMP1*.

<i>NRAMP1</i>	Pacientes con TBC N0(%) (n=22)	Pacientes sin TBC N0(%) (n=30)	OR	ICdel 95%	Valorp
<i>NRAMP1-D543N</i>					
Genotipo					
G/G	17(77.27)	22(73.33)	0.809	0.224-2.922	0.3296*
G/A	4(18.18)	8(26.67)			
A/A	1(4.55)	0(0.0)			
Alelo					
G	0.86	0.87	0.947	0.497-1.805	0.0107
A					
<i>NRAMP1-INT4</i>					
Genotipo					
G/G	14(62.64)	12(40.00)	0.381	0.123-1.185	0.0676*
G/C	4(18.18)	14(46.67)			
C/C	4(18.18)	4(13.33)			
Alelo					
G	0.73	0.63	0.684	0.278-1.510	<0.0001
C	0.27				

*Genotipos GA y AA (*D543N*) y genotipos GG y CC fueron combinados en el análisis (Test Chi-cuadrado de Pearson, significativo si p<0.05).

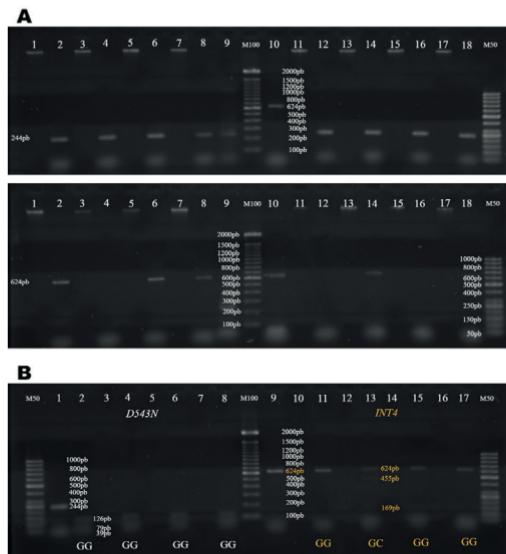


Figura 1. Amplificación (A) y digestión (B) de las variantes alélicas de las regiones PCR-RFLP *NRAMP1*- *D543N* y *INT4*.

Referencias bibliográficas

1. Hanta I, Tastemir-Korkmaz D, Demirhan O, Hanta D, Kuleci S, Seydaoglu G. Association of the Nramp1 gene polymorphisms and clinical forms in patients with tuberculosis. Bratisl Lek Listy. 2012;113(11):657-60. doi: 10.4149/bll_2012_148.
2. Iniesta R, Guinó E, Moreno V. Análisis estadístico de polimorfismos genéticos en estudios epidemiológicos. Gac Sanit [Internet]. 2005 Ago [citado 2024 Jul 18] ; 19(4): 333-341. Disponible en: http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0213-91112005000400011&lng=es
3. Fernández-Mestre M, Villasmil Á, Takiff H, Alcalá ZF. NRAMP1 and VDR gene polymorphisms in susceptibility to tuberculosis in venezuelan population. Dis Markers. 2015;2015:860628. doi: 10.1155/2015/860628.

Efecto inhibitorio de un recubrimiento comestible a base de celulosa microbiana y aceite esencial de muña contra microorganismos patógenos con potencial aplicación para la preservación de frutas

**LISBETH CONTRERAS-ENCISO,
MIRIAM MEMENZA-ZEGARRA**

Universidad Nacional Mayor de San Marcos,
Departamento académico Química Orgánica, Facultad Química
e Ingeniería Química, Lima, Perú
Correo electrónico: miriam.memenza@unmsm.edu.pe

Introducción: En el Perú, el 47,6% de los alimentos se desperdician principalmente por la proliferación de microorganismos que causan el deterioro de los alimentos además de causar enfermedades gastrointestinales¹. Una solución a este problema es el uso de recubrimientos comestibles que han demostrado ser efectivos en la conservación de frutas al controlar el crecimiento microbiano conservando sus propiedades organolépticas, fisicoquímicas y nutricionales². Por lo cual, el objetivo del presente trabajo fue evaluar en condiciones *in vitro* el efecto inhibitorio de una solución de recubrimiento comestible a base de celulosa microbiana con aceite esencial de muña contra microorganismos patógenos.

Materiales y métodos: La solución de recubrimiento de celulosa microbiana se obtuvo a partir del cultivo del consorcio de microorganismos presente en el té de kombucha a través de las etapas del pre-inóculo, inóculo y fermentación final. Posteriormente, se realizó el lavado de la celulosa microbiana con hidróxido de sodio 0.01 N por 24 h a 60°C y luego

lavados sucesivos con agua destilada a 60°C hasta eliminar el hidróxido de sodio. Se evalúo la actividad antimicrobiana de la solución de recubrimiento a base de celulosa microbiana y aceite esencial de muña contra *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* y *Salmonella enterica* mediante el método de dilución en agar de Mueller Hinton.

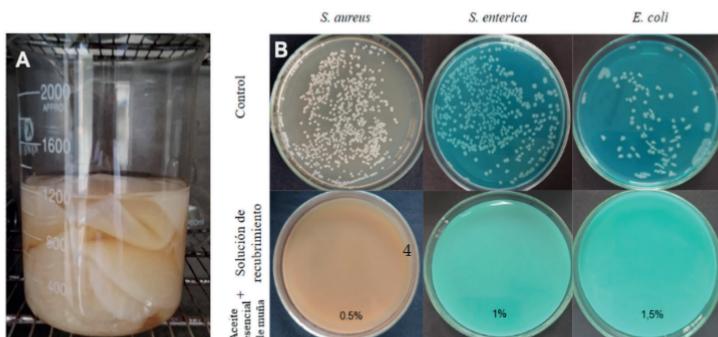


Figura 1. (A) Celulosa microbiana. (B) Actividad antimicrobiana de la solución de recubrimiento y aceite esencial de muña contra bacterias patógenas.

Posteriormente, 0,1 ml con 10-6 UFC/ml se cultivó en la superficie del agar por el método de diseminación. Se evaluaron 3 concentraciones diferentes del aceite esencial de muña 0,5; 1 y 1,5 %. La incubación se realizó a 37 °C durante 24 horas. La actividad antibacteriana se midió a través del recuento de células viables UFC/ml).

Resultados y discusión: Los resultados demostraron que las 3 concentraciones evaluadas del aceite esencial de muña inhibieron completamente el crecimiento de las bacterias patógenas, a diferencia del control, donde no se aplicó el aceite esencial, por lo que se presentaron elevados crecimientos, así 2,29E+09 UFC/ml para el caso de *S. enterica*; 2,71E+09 UFC/ml, para *E. coli*; y, 7,83E+08 UFC/ml, para *S. aureus* (Figura 1).

Conclusiones: La solución de recubrimiento a base de celulosa microbiana y el aceite esencial de muña en las 3 concentraciones evaluadas inhibieron completamente el crecimiento de microorganismos patógenos causantes de enfermedades gastrointestinales mostrando potencial aplicación para la preservación de frutos.

Palabras clave: Celulosa microbiana, aceite esencial de muña, recubrimiento comestible, deterioro microbiano de los alimentos.

Agradecimientos: La presente investigación fue financiada por el proyecto N° C21071721 Vrip-UNMSM 2021.

Referencias bibliográficas

1. De la Barrera, N. (2021). Impactante desperdicio de alimentos en Perú. Scidev.net. <https://www.scidev.net/america-latina/news/ impactante-desperdicio-de-alimentos-en-peru/>
2. Fernández, D., Bautista, S., Fernández, D., Ocampo, A., García, A. y Falcón, A. (2015). Películas y recubrimientos comestibles: una alternativa favorable en la conservación poscosecha de frutas y hortalizas. *Revista de ciencias técnicas agropecuarias*, 24(3), 52-57.

Péptidos antimicrobianos e hidrolizados de kañihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen) variedad Ramis y Cupi-Sayhua

GLADYS MOSCOSO-MUJICA^{1,2*}, ÁNGEL MUJICA³,
INÉS ARNAO², CARLOS MOSCOSO-NEIRA³

1 Grupo de Investigación de Bioquímica Toxicológica.

2 Departamento de Bioquímica. Facultad de Farmacia y Bioquímica.

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima 1, Perú.

3 Universidad Nacional del Altiplano, Puno, Perú.

Correo electrónico: gmoscosom@unmsm.edu.pe

Introducción: La kañihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen) se cultiva en el Altiplano de Perú y Bolivia, es parte de la dieta del poblador andino desde épocas incaicas, contiene mayor cantidad de proteínas que el trigo, centeno, cebada, arroz y maíz^{1,2}. Es un vegetal C con modalidad fotosintética de alta eficiencia en aprovechamiento de la radiación solar y fijación del CO₂ atmosférico^{2,3}. Por otro lado, las proteínas tienen encriptados en sus secuencias aminoacídicas diversos péptidos que se pueden liberar por hidrólisis enzimática, los cuales presentan propiedades multifuncionales^{4,5}. El objetivo de la investigación fue obtener péptidos antimicrobianos (AMPs) e hidrolizados bioactivos de fracciones proteicas de kañihua de las variedades Ramis (KR) y Cupi-Sayhua (KS).

Materiales y métodos: Para el fraccionamiento proteico secuencial se utilizó harina deslipidizada de kañihua KR y KS², después cada fracción fue hidrolizada con Alcalasa y sistema secuencial pepsina- pancreatina considerando tiempo de hidrólisis (TH), razón enzima: sustrato (E:S), y grado de hidrólisis (DH)^{2,4}. La inhibición del crecimiento microbiano

se determinó por espectrofotometría y difusión en agar utilizando cepas de *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* y *Candida albicans*. En seguida, los péptidos se purificaron mediante Sephadex G-10 y caracterizaron por SDS-PAGE⁴.

Resultados y discusión: Se obtuvieron 216 hidrolizados. Los de digestión pepsina-pancreatina mostraron valores mayores de DH que los digeridos con Alcalasa, hasta 67% y 54%, respectivamente, siendo la mayor cantidad extensivos ($p \leq 0,05$). Asimismo, el mayor porcentaje de inhibición (IP) fue con E:S (1:10) de la fracción proteica glutelina. A la vez, 28 hidrolizados presentaron IP $\geq 45\%$ para *E. coli*, *S. aureus* y *C. albicans* ($p \leq 0,05$); de estos hidrolizados 16 fueron del sistema secuencial pepsina-pancreatina y 12 de Alcalasa. Además, las glutelinas KS (1:10) 4 h inhibieron el crecimiento de los tres microorganismos. Después, se separaron los péptidos $\leq 6,5$ kDa con mayor IP de los cuatro hidrolizados que presentaron mejor actividad. Así mismo, tres péptidos del sistema secuencial pepsina pancreatina mostraron carga catiónica o aniónica como Glob 11S KS (1:50) 2 h con IP de 75%, 47% y 33% para *S. aureus*, *E. coli* y *C. albicans*, respectivamente; Glut KS (1:10) 2 h con IP 79%, 56% y 41% para *E. coli*, *C. albicans* y *S. aureus*; y Glut KS (1:10) 4 h con carga aniónica, uno de Alcalasa Glob 7S KR 9 h (1:10) con IP 54%, 52% y 19% para *E. coli*, *S. aureus*, y *C. albicans*. El péptido aniónico del sistema secuencial pepsina-pancreatina Glut KS (1:10) 4 h mostró IP para *C. albicans* 70%, *S. aureus* 52 %, y la concentración mínima inhibitoria para *E. coli* fue de 95% ($p \leq 0,05$).

Conclusiones: Se obtuvieron hidrolizados proteicos y AMPs de *Chenopodium pallidicaule* Aellen KR y KS con actividad antimicrobiana y antifúngica ($p \leq 0,05$). Estos productos se podrían utilizar como nutracéuticos, bioconservadores e ingredientes promisorios en la formulación de alimentos.

Tabla 1. Actividad antimicrobiana de péptidos de kañíhu Ramis y Cupi-Sayhua.

Peptidos de Kañíhu Ramis y Cupi-Sayhua	Enzima	DH (%)	Sephadex DEAE de intercambio iónico	G-25-150 A-50-120	DO	280 nm 214 nm	Determinaciónespectrofotométrica			Difusión en agar			
							Purificación parcial			IP (%)			
							Perfil cromatográfico (Nº fracciones)	1	2	3	1	2	3
Globulinas 7S KR 9 h (1:10)	Alcalasa	20	—	9-27	11 - 19	51	54*	51	52	6	19*	1.00*	0.95*
Globulinas 11 SKS 2h(1:50)	Pepsina-pancreatina	6	—	12-27	14 - 26	36	47*	69	75*	21	33*	0.70*	0.60*
Glutelinas KS 2 h (1:10)	Pepsina-pancreatina	39	—	25-47	9 - 21	77	79	30	41*	52	56*	1.10*	0.85*
Glutelinas KS 4 h (1:10)	Pepsina-pancreatina	40	22-35	36-50	13-41	89	95*	49	52*	60	70*	1.20*	1.00*
Control	—	—	—	—	—	—	—	75	75	75	68	68	1.40
H ₂ O	—	—	—	—	—	—	0	0	0	0	0	0	1.70

DH, Grado de hidrólisis. DO, Densidad óptica. 1, E. coli. 2, S. aureus. 3, C. albicans. IP, Actividad antimicrobiana en porcentaje de inhibición. WPP, Sin purificación parcial. PP, Purificación parcial. Control, Gentamicina: E. coli y S. aureus, Nystatin: C. albicans. * (P ≤ 0,05).

Palabras clave: Chenopodium pallidicaule Aellen, inhibición microbiana, hidrolizados, PAMs, nutracéuticos.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC mediante el contrato 007-2014-FONDECYT.

Referencias bibliográficas:

1. Moscoso-Mujica G, Mujica Á, Chávez J, Peña C, Begazo N, Estrella J, et al. Antianemic activity of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd) Collana Negra variety and kanihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen) Ramis variety seed flour in anemic rats. *SN Applied Sciences*. 2022; 4(11): 318. <https://doi.org/10.1007/s42452-022-05202-w>
2. Moscoso-Mujica G, Zavaleta A, Mujica Á, Santos M, Calixto R. (Fraccionamiento y caracterización electroforética de las proteínas de la semilla de kañihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen). *Rev Chil Nutr.* 2017; 44(2): 144-152. <https://dx.doi.org/10.4067/S0717-75182017000200005>
3. Mujica A, Chura E. Cultivo de Granos Andinos y Cereales. Puno: Universidad Nacional del Altiplano; 2012. pp. 1-132.
4. Moscoso-Mujica G, Zavaleta A, Mujica Á, Arnao I, Moscoso-Neira C, Santos M., et al. Antimicrobial peptides purified from hydrolysates of kanihua (*Chenopodium pallidicaule* Aellen) seed protein fractions. *Food Chem.* 2021; 360: 129951. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.129951>
5. Tovar T, Jimenez C, Davila G. Antihypertensive activity of protein hydrolysates obtained from Bayo bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Res Develop Food Sci Techn* 2016; 1(1): 122-26.

Ensayos de seguridad de *Lactiplantibacillus* sp. LM18 aislado de *Vigna radiata* «frejol chino» germinado y fermentado espontáneamente

LUCERO MOSTACERO-ARANGO*,
CÉSAR SALCEDO-OKUMA, AMPARO IRIS ZAVALET

Grupo de Investigación Biomias, Laboratorio de Biología Molecular,
Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San
Marcos, Lima, Perú.

Correo electrónico: Lucero.mostacero@unmsm.edu.pe

Introducción: Los probióticos ayudan a la prevención y tratamiento de enfermedades metabólicas. Los microorganismos considerados en este grupo son levaduras, bacterias ácido-lácticas (BAL) y ácido acéticas, entre otros. Las más estudiadas son las BAL presentes en una gran diversidad de nichos ecológicos como: alimentos fermentados espontáneamente, frutos, vegetales, cereales, legumbres, germinados, etc. Así, *Vigna radiata* (frejol chino) germinado contiene 20 - 26% de proteínas, entre ellas globulinas (60%) y albúmina (25%); además de lípidos 1,6%; cenizas 1,1%; carbohidratos 70%¹. En la fermentación del germinado intervienen factores ambientales que permiten la selección de cepas bacterianas nativas con características metabólicas particulares. El objetivo de este trabajo fue realizar ensayos de seguridad en *Lactiplantibacillus* sp. LM18 aislado de la fermentación espontánea del germinado.

Materiales y métodos: Se realizó la fermentación espontánea según la metodología de Vega², después, en agar MRS contenido cycloheximida, se sembraron diluciones seriadas del proceso fermentativo. Las colonias que presentaron diferencias en tamaño, consistencia, forma y color fueron aisladas.

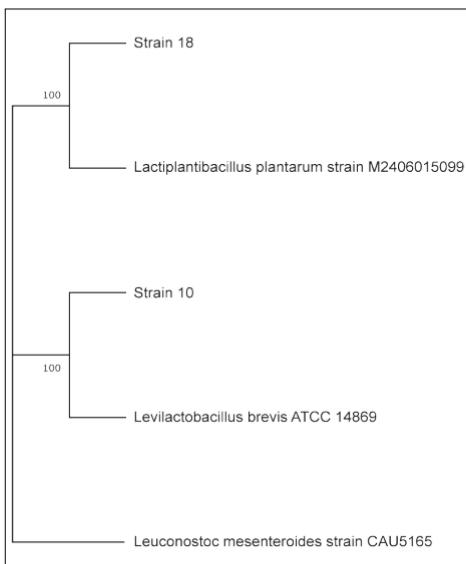


Figura 1. Porcentaje de similitud de secuencia del gen ribosómico 16S de LM18 con miembros del grupo BAL.

En seguida, se evaluó el potencial probiótico según pruebas de tolerancia a pH, temperatura y concentración de NaCl, así como de descarboxilación de aminoácidos, hemólisis y susceptibilidad a los antibióticos. Finalmente, se extrajo el ADN genómico, se amplificó y secuenció el gen ARNr 16S.

Resultados y discusión: Se aislaron siete BAL, de las cuales, la cepa LM18 creció en NaCl de 5 al 10%; entre 30 °C a 45 °C; y pH desde 3,5 a 8,0. Además, toleró las sales biliares hasta 0,5%. Estas características indican que LM18 tiene el potencial de sobrevivir a condiciones gastrointestinales. Con referencia a la descarboxilación de aminoácidos, no produjo histamina, cadaverina ni putrescina, siendo las dos primeras, las aminas biogénas causantes de intoxicación alimentaria³. Asimismo, fue gamma hemolítica y sensible a Amoxicilina, Cloranfenicol, Eritromicina; medianamente sensible a Rifaampicina.

Finalmente, la caracterización molecular indica que LM18 muestra 100% de similitud con *Lactiplantibacillus plantarum*.

Conclusiones: LM18 reconocida como *Lactiplantibacillus plantarum*, creció a diferentes condiciones fisiológicas. Además, presentó un perfil de seguridad favorable para su potencial uso como probiótico.

Palabras clave: *Lactiplantibacillus*, *Vigna radiata*, fermentación espontánea, descarboxilación.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del convenio N°: 169 - 2017- Fondecyt.

Referencias bibliográficas

1. Galindo WI, Suárez L, Calvache M, Potosí S, Muñoz D, Arias S, et al. Nutritional, techno-functional properties, and food application of mung bean (*Vigna radiata*). *Revista Chilena de Nutrición*. 2023 Oct 1; 50(5): 550-60.
2. Vegas C, González D, Sueros S, Hurtado A, Zavaleta AI. Analysis of the microbial population dynamics during spontaneous and controlled fermentation of Chili «Charapita» (*Capsicum frutescens*). *Scientia Agropecuaria*. 2016 Sep 30; 7: 201-6.
3. Barbieri F, Montanari C, Gardini F, Tabanelli G. Biogenic amine production by lactic acid bacteria: *A review*. Vol. 8, Foods. MDPI Multidisciplinary Digital Publishing Institute; 2019.

Caracterización molecular del Síndrome de Lynch en el Perú

CÉSAR NIQUE CARBAJAL

Laboratorio de investigación, Facultad de Medicina,
Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo Chiclayo - Perú
Correo electrónico: cnique@usat.edu.pe

Introducción: El síndrome de Lynch (SL) representa aproximadamente 4% de todos los tipos de cáncer colorrectal¹; enfermedad hereditaria con patrón autosómico dominante que se caracteriza por un riesgo aumentado del desarrollo de cáncer colorrectal (CCR) a edades más tempranas en comparación con los casos de CCR esporádicos². El síndrome de Lynch es causado por mutaciones germinales en los genes reparadores del ADN (MMR): MLH1 (42%), MSH2 (33%), MSH6 (18%) y PMS2 (8%)³. Con el fin de estratificar a las familias para el análisis genético, se definieron los criterios de Amsterdam (CA) basados en el desarrollo de cáncer colorrectal (CA-I) o en la coocurrencia de tumores extracolónicos en las familias con síndrome de Lynch (CA-II). Posteriormente se incluyó la evaluación molecular para identificar a los pacientes con sospecha de SL (Directrices revisadas de Bethesda)⁴. El rastreamiento molecular de pacientes con sospecha de SL permite revelar de forma indirecta la presencia de mutaciones en la línea germinal, comprender la inestabilidad de microsatélites (MSI) y la inmunohistoquímica (IHQ), estudiados a partir del tejido tumoral colorrectal⁵. La secuenciación de los genes de MMR es la técnica definitiva y confirmatoria de los resultados proporcionados por la IHQ y la MSI^{1,2}.

Materiales y métodos: La extracción del ADN genómico para el análisis mutacional de la línea germinal fue realizado a partir de una muestra de sangre periférica (3 a 5 gotas de sangre del pulpejo de los dedos) colectada en papel filtro Whatman N° 3 siguiendo el protocolo de extracción de QiaampDNA Mini Kit. La extracción del ADN tumoral fue realizada a partir de tres secciones de 5-mm de la muestra de FFPE usando el Kit FFPE Qiagen. El análisis de MSI fue realizado mediante el Sistema de Análisis MSI, Versión 1.2 (Promega, Madison, WI). El ADN extraído y amplificado fue analizado en el Secuenciador Automático 3130XL (Applied Biosystems, Foster City, CA). El análisis incluyó 5 marcadores mononucleotidos BAT-25 BAT-26, NR-21, NR-24 y MONO-27 (Promega, MSI Analysis System, Version 1.2, Madison, WI). La IHQ se realizó para las 4 proteínas de MMR, MLH1, PMS2, MSH2 y MSH6 a partir de los tumores colectados. El análisis de la mutación puntual en el gen BRAF (V600E) fue realizado mediante la amplificación por PCR y secuenciada utilizando Illumina Genome Analyzer.

Resultados y discusión: Cinco pacientes fueron seleccionados de acuerdo a los criterios clínicos de Amsterdam y/o Bethesda, 3/5 tuvieron material suficiente para realizar los análisis de MSI e IHC (ver figuras 1 y 2), pero insuficiente para la secuenciación de los genes de MMR.

La falta de expresión de las proteínas MLH1/PMS2 y una alta MSI (MSI-H) fueron observados en un paciente de sexo masculino de 60 años diagnosticado con adenocarcinoma de grado I. Adicionalmente, se realizó el análisis mutacional puntual en el gen BRAF (V600E) a fin de descartar que se trate de un caso esporádico de cáncer colorrectal. La ausencia de mutación en el gen analizado asociado a los resultados moleculares del tumor, sugiere la caracterización de este paciente como sospecha de síndrome de Lynch.

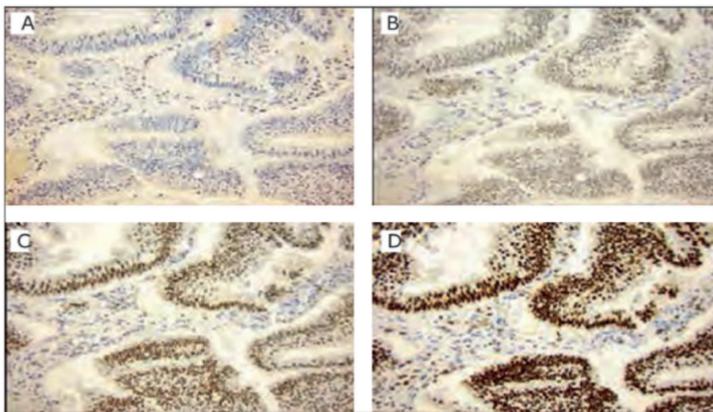


Figura 1. La tinción inmuno-histoquímica para MLH1 (B), PMS2 (A), MSH2 (C) y MSH6 (D) en el tumor colorrectal, mostrando la pérdida de tinción de MLH1/PMS2.

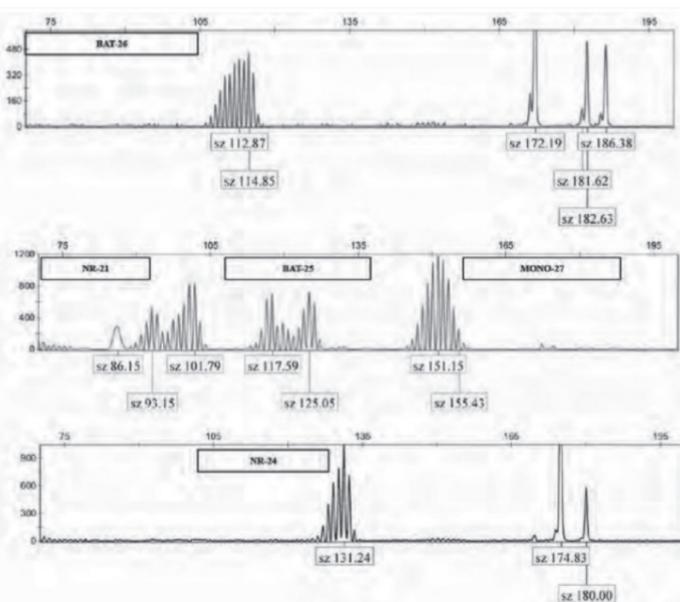


Figura 2. Análisis de la inestabilidad de microsatélites para los marcadores NR-21, BAT26, BAT25, NR-24 y Mono-27 en el cáncer de colon de un paciente de 60 años.

El presente estudio confirma la sensibilidad de IHQ e MSI para la detección de casos con sospecha de Síndrome de Lynch. La IHQ es una prueba de detección que presenta ventajas de disponibilidad y costos en el rastreamiento de pacientes con sospecha de SL.

Conclusiones: El presente estudio molecular de Síndrome de Lynch demuestra la importancia del análisis molecular en familias con sospecha de cáncer colorrectal hereditario a fin de ofrecer posibilidades de vigilancia y seguimiento que han demostrado reducir la morbilidad y la mortalidad del cáncer colorrectal así como contribuir a la caracterización a nivel genética y clínica de este tipo de cáncer en la población peruana.

Palabras clave: Cáncer colorrectal; Síndrome de Lynch; Genética; Perú (fuente: DeCS BIREME).

Agradecimientos: BL Department of Oncology-Pathology, Institute of Clinical Sciences, Lund University. Lund, Sweden.

PW Department of Experimental Medical Science, Unit of Muscle Biology, Lund Transgenic Core Facility/Reproductive Immunology, Lund University. Lund, Sweden.

MD-V Department of Biomedicine, University of Bergen, 5009 Bergen, Norway.

Referencias bibliográficas

1. Balmaña J, Castells A, Cervantes A; ESMO Guidelines Working Group. Familial colorectal cancer risk: ESMO Clinical Practice Guidelines. Ann Oncol. 2010 May;21 Suppl 5:v78-81. doi: 10.1093/annonc/mdq169.
2. Lindor NM, Rabe K, Petersen GM, Haile R, Casey G, Baron J, et al. Lower cancer incidence in Amsterdam-I criteria families without mismatch repair deficiency: familial colorectal cancer type X. JAMA. 2005 Apr 27;293(16):1979-85..

3. Plazzer JP, Sijmons RH, Woods MO, Peltomäki P, Thompson B, Den Dunnen JT, Macrae F. The InSiGHT database: utilizing 100 years of insights into Lynch syndrome. *Fam Cancer.* 2013 Jun;12(2):175-80. doi: 10.1007/s10689-013-9616-0.
4. Vasen HF, Mecklin JP, Khan PM, Lynch HT. The International Collaborative Group on Hereditary Non-Polyposis Colorectal Cancer (ICG-HNPCC). *Dis Colon Rectum.* 1991 May; 34(5):424-5.
5. Wielandt AM, Zárate AJ, Hurtado C, Orellana P, Alvarez K, Pinto E, *et al.* [Lynch syndrome: selection of families by microsatellite instability and immunohistochemistry]. *Rev Med Chil.* 2012 Sep; 140(9):1132-9. doi: 10.4067/S003498872012000900005. [Article in Spanish]

Producción del exopolisacárido pululano en un biorreactor de tanque agitado

NAYELI ORTIZ SILOS¹, JULIO C. DOS SANTOS¹,
RULY TERÁN HILARES^{2*}

1 Department of Biotechnology, Engineering School of Lorena,
University of São Paulo, postal code 12602-810, Lorena, Brazil.

2 Laboratorio de Bioprocessos, Facultad de Ciencias Farmacéuticas,
Bioquímicas y Biotecnológicas, Universidad Católica de Santa María-UCSM,
Urb. San José s/n-Umacollo, Arequipa 04000, Perú.
Correo electrónico: rteran@ucsm.edu.pe

Introducción: Pululano es un exopolisacárido lineal, producido por diversas cepas de *Aureobasidium pullulans* y *Aureobasidium melanogenum* de manera aeróbica en medios que contienen almidón y azúcar, variando dicha capacidad de producción entre especies y según las condiciones (Gupta *et al.*, 2021). Cabe destacar que se trata de un material no tóxico, no carcinogénico, no mutagénico y no inmunogénico, designado como excipiente GRAS (Lazaridou *et al.*, 2003).

La estructura química del pululano le confiere alta solubilidad en agua y descomposición a altas temperaturas (250-280°C), además de gran capacidad para formar películas y considerable resistencia mecánica, entre otras propiedades de interés (Farris *et al.*, 2012). Debido a sus propiedades químicas, bioquímicas y físicas, presenta una gran versatilidad, siendo aplicada en industrias como la alimentaria, farmacéutica, cosmética, electrónica, en el ámbito médico y en la remediación de residuos ambientales.

Materiales y métodos: Una cepa de *Aureobasidium pullulans* ATCC 42023 fue amablemente donada por el National

Renewable Energy Laboratory (NREL, USA). El microorganismo fue almacenado a 4°C en agar de papa dextrosa (PDA) hasta su uso. El inóculo fue cultivado en un agitador rotativo a 25°C y 200 rpm durante 48 horas en frascos Erlenmeyer de 125 mL que contenían 50 mL de medio de cultivo compuesto por 35 g/L de glucosa, 0,6 g/L de $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, 2 g/L de extracto de levadura, 2 g/L de K_2HPO_4 , 1 g/L de NaCl y 0,1 g/L de MgSO_4 .

Se realizó la fermentación con el fin de evaluar la producción de pululano en un biorreactor de tanque agitado modelo BIO-TEC-PRO II (Tecnal, Brasil) del tipo STR (Stirred Tank Reactor) con capacidad de 5 L, cargado con 2200 mL de medio. El estudio se llevó a cabo en un medio basado en glucosa comercial, con una temperatura de 25°C, agitación de 250 rpm, flujo de 1,8 vvm por minuto, un pH de 5,5, tiempo de fermentación de 144 horas, y las muestras fueron recolectadas cada 24 horas.

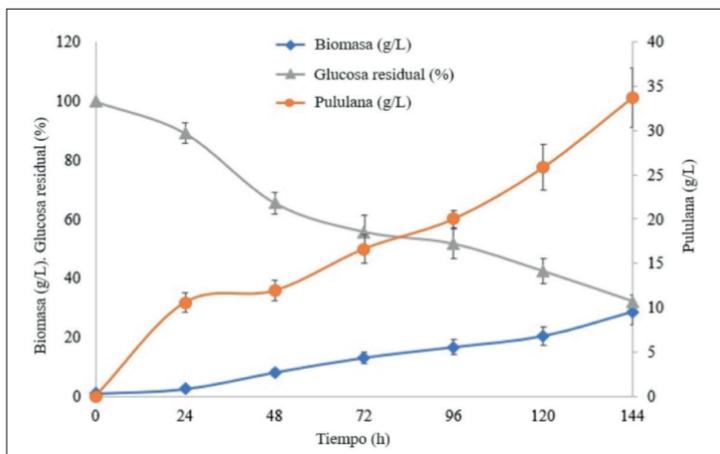


Figura 1. Perfil de azúcar, biomasa y pululano durante la fermentación de biopolímero en un biorreactor de tanque agitado con un volumen de 2.2 L utilizando glucosa como fuente de carbono.

Resultados y discusión: Los resultados se muestran en la Figura 1. La producción alcanzada fue de 33,74 g/L, lo que representa un rendimiento de 0,62 g producto/g azúcar, con un consumo de sustrato del 68%.

Los resultados obtenidos son comparables con los reportados en la literatura científica. Un rendimiento de 0,5 g/g fue obtenido por *Aureobasidium pullulans* P56 (Lazaridou *et al.*, 2002) utilizando melaza de remolacha, aunque en ese estudio las condiciones de agitación fueron de 700 rpm y 7% de nivel de oxígeno disuelto en el sistema. He *et al.* (2021) reportaron un rendimiento de 0,53 g/g en hidrolizado de salvado de soja, con agitación de 400 rpm, aireación de 1 vvm y temperatura de 30 °C, utilizando *Aureobasidium pullulans* CCTCC M 2012259.

Finalmente, el desempeño del biorreactor de tanque agitado fue superior al rendimiento alcanzado en otros tipos de biorreactores. Por ejemplo, se obtuvo 0,4 g/g en un biorreactor tipo air-lift y 0,34 g/g en un biorreactor de columna de burbujas utilizando *Aureobasidium pullulans* DSM- 2404 y sacarosa como sustrato. La diferencia en los resultados puede estar asociada con la transferencia de masa en el sistema y la distribución del oxígeno, dado que la producción de pululano está directamente influenciada por la concentración inicial de azúcar, la tasa de aireación y el tiempo de fermentación (Özcan *et al.*, 2014).

Conclusiones: La producción de pululano en biorreactor fue superior a la obtenida previamente en frascos Erlenmeyer. Por lo tanto, las condiciones utilizadas en nuestro estudio son condiciones iniciales tomadas de otras investigaciones, pero aún falta optimizar para alcanzar el mejor rendimiento del proceso fermentativo. Entre las variables a considerar en futuros estudios están el uso de una agitación mayor a 250 rpm y niveles de oxigenación mayores a 1 vvm, según lo reportado en la literatura para otras cepas de *A. pullulans*.

Palabras clave: Pululano, biopolímeros, *Aureobasidium pullulans*, biorreactor.

Agradecimientos: Universidad Católica de Santa María-UCSM.

Referencias bibliográficas

- Lazaridou A, Biliaderis CG, Kontogiorgos V.). Molecular weight effects on solution rheology of pullulan and mechanical properties of its films. *Carbohydrate Polymers*. 2003; 52(2): 151-166.
- Gupta P, Gupta H, Poluri KM. Biomedical applications of polysaccharide-based nanocomposites from fungal origin. In: Surajit D, Hirak RD, Eds. *Microbial and Natural Macromolecules*. Academic Press. pp. 233-72.
- Farris, S, Unalan IU, Introzzi L, Fuentes-Alventosa JM, Cozzolino CA. Pullulan-based films and coatings for food packaging: present applications, emerging opportunities, and future challenges. *Journal of Applied Polymer Science*. 2014; 131(13).
- He C, Zhang Z, Zhang Y, Wang G, Wang C, Wang D, et al. Efficient pullulan production by *Aureobasidium pullulans* using cost-effective substrates. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2021; 186: 544-553.
- Özcan E, Sargin S, Göksungur Y. Comparison of pullulan production performances of air-lift and bubble column bioreactors and optimization of process parameters in air-lift bioreactor. *Biochemical Engineering Journal*. 2014; 92: 9-15.

Digestibilidad de proteínas vegetales mediante fermentaciones lácticas

DANIEL PARIONA-VELARDE^{*1}, MACIELA PUÑEZ YANCE²,
LIZET BANDAN CORTEZ³

1 DIDITT. Instituto Tecnológico de la Producción, Lima-Perú

2 Facultad de Ing. Agroindustrial. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú

3 Facultad de Microbiología. Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú Correo electrónico: jodanielbs@gmail.com

Introducción: La importancia de las proteínas vegetales radica en su capacidad de sustituir las proteínas animales, con un menor impacto ambiental en su producción. Las proteínas de haba, aunque no tienen el perfil aminoacídico ideal, son útiles para la alimentación animal. Sin embargo, estas contienen compuestos (metabolitos secundarios) coextractables durante el procesamiento de las proteínas vegetales que podrían influir negativamente en la proteólisis y, en consecuencia, en la absorción de nutrientes. Por lo que, este trabajo busca mejorar la digestibilidad de las proteínas vegetales mediante un proceso de fermentación láctica.

Materiales y métodos: Las proteínas vegetales se extrajeron mediante el método de solubilización alcalina y luego se fermentaron con bacterias lácticas comerciales (cepas para yogurt probiótico) durante 4 horas, en agitación constante a 35°C, según Emkami *et al.* (2021). El proceso control de extracción se realizó mediante precipitación con HCl (5%). Se realizó el análisis de electroforesis de la muestra fermentada y de control. La prueba de digestibilidad se realizó mediante la susceptibilidad a la proteólisis con pepsina (0.01%) a 37°C durante

10 horas en agitación constante, cuantificando el incremento de la proteína soluble mediante el método de Lowry y para el control de la digestibilidad se utilizó la proteína albúmina.



Figura 1.
Electroforesis
SDS-PAGE (12%)
de proteína de
haba control
y fermentada,
respectivamente.

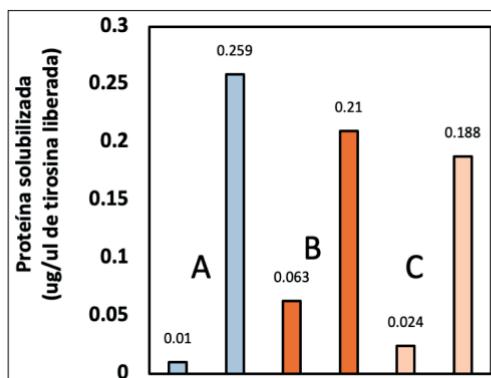


Figura 2. Tirosina liberada por proteólisis:
A: Albúmina con y sin pepsina. B: Proteína
de haba control con y sin pepsina. C: Proteína
fermentada de haba con y sin pepsina.

Resultados y discusión: Se obtuvo un rendimiento de extracción del 60.33% en las proteínas fermentadas y en el control (HCl) 60.1%. En el proceso de fermentación se llegó al pH de 4.53 (4h) y con el control 4.3.

En la figura 1, se aprecia la similitud en las proteínas precipitadas sea por HCl o por la fermentación. En la figura 2, se presenta la proteína solubilizada por acción de la enzima pepsina, encontrándose que la muestra control es más susceptible al ataque enzimático que la fermentada, indicando diferencia en las digestibilidades.

Conclusiones: Se logró extraer y precipitar proteína de haba verde tanto por el método tradicional como mediante la fermentación láctica en condiciones similares, según sus patrones electroforéticos. Sin embargo, presentaron diferencias en

la susceptibilidad a la proteólisis, siendo el tratamiento control más susceptible que el fermentado en un 11%.

Palabras clave: Fermentación láctica, proteína vegetal, digestibilidad.

Agradecimientos: El presente trabajo se realizó en las instalaciones del Instituto Tecnológico de la Producción.

Referencias bibliográficas

Emkani M., Oliete B., Saurel R. Pea protein extraction assisted by lactic fermentation: impact on protein profile and thermal properties. Foods 2021, 10, 549.

Características bioactivas de extractos a partir de hidrolizado de cáscara de café variedad Catimor

MACIELA PUÑEZ YANCE^{*1}, DANIEL PARIONA-VELARDE²

1 Facultad de Ing. Agroindustrial.

Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú

2DIDITT. Instituto Tecnológico de la Producción, Lima-Perú

Correo electrónico: maciela22mm@gmail.com

Introducción: El aprovechamiento de compuestos bioactivos a partir de residuos alimenticios es crucial debido al impacto ambiental de la producción de alimentos. El café, un recurso global, genera grandes cantidades de residuos, como la cáscara, que representa más del 50% del peso de la baya. Con el aumento en el consumo y exportación de cafés especiales peruanos, estos residuos se incrementan. Las cáscaras, ricas en azúcares y compuestos fenólicos, se utilizan como infusión, pero su extracción acuosa es incompleta. Este trabajo busca aprovechar el residuo de la cáscara de café post-extracción acuosa para extraer compuestos bioactivos utilizando enzimas celulolíticas.

Materiales y métodos: Se evaluó en cáscara de café variedad Catimor. Se realizó una extracción acuosa 30 min/40°C/ratio 1:100 [E]. Estos residuos se secaron y fueron sometidos a hidrólisis enzimática con un blend enzimático celulolítico (Viscozyme) [H1], además se realizó un control de proceso (cáscaras expuestas a las mismas condiciones, pero sin enzima [BH1]). A estos tres extractos, se les adicionó alcohol 1:5 y se procedió a congelar para inducir

a la precipitación de la fibra soluble, esta se recuperó y rehidrató, y se realizaron las mismas evaluaciones de los extractos iniciales [«Precipitado»]. Se evaluaron los sólidos totales por gravimetría, fenoles totales según el método de Folin-Ciocalteu, azúcares reductores por el método de DNS, inhibición de Alfa- amilasa por el método de Bernfeld (1955).



Figura 1. Cáscaras de café, extracción – hidrólisis enzimática.

Tabla 1. Resultados del proceso de extracto acuoso de cáscara de Catimor.

Extractos	Sólidos totales (%)	Fenoles totales (mg/g)	Azúcares reductores (mg/g)	Inhibición amilasa (%)
E	2.48 ± 0.00	180.62 ± 8.70	205.98 ± 0.97	100.00 ± 3.20
H1	2.32 ± 0.01	100.14 ± 3.29	232.78 ± 1.03	100.00 ± 2.70
BH1	1.70 ± 0.00	73.38 ± 4.61	19.14 ± 0.06	100.00 ± 2.30
Precipitado E	0.28 ± 0.01	2.02± 0.09	16.23 ± 0.14	56.24 ± 11.37
Precipitado H1	1.22 ± 0.08	4.42 ± 0.09	86.4 ± 2.49	66.09 ± 1.66
Precipitado BH1	0.72 ± 0.08	4.39± 0.07	9.05 ± 0.22	20.63 ± 7.49

Resultados y discusión: En las tres primeras filas se presentan las características de los extractos, destacándose su elevado valor bioactivo debido a la presencia de fenoles y su capacidad para inhibir la alfa-amilasa. Esta última es una prueba *in vitro* utilizada para evaluar el potencial antibesidad, sugiriendo supuestamente que no es necesaria la utilización de enzimas

para la extracción de compuestos bioactivos. Por otro lado, en las tres últimas filas se muestra la relación con la fibra soluble presente en los extractos, encontrándose que el uso de Viscozyme incrementa su extracción al elevar los sólidos totales. El incremento de azúcares es un reflejo directo de la acción de la enzima sobre la celulosa, y el aumento de esta fibra se refleja en un mayor porcentaje de inhibición de la amilasa.

Conclusiones: La enzima es efectiva para aumentar la fibra soluble en los extractos de residuos de cáscaras agotadas. Además, inhibe la alfa-amilasa, potenciando su actividad antiobesidad *in vitro* y aumentando la cantidad de compuestos bioactivos extractables para el beneficio de la población.

Palabras clave: Cáscaras de café, extracción hidrolisis, enzima, alfa amilasa.

Agradecimientos: El presente trabajo se realizó en las instalaciones del Instituto Tecnológico de la Producción.

Referencias bibliográficas

1. Bernfeld, P. Amylases α and β p. 149-158. In: Colowick, S. P.; Kaplan, N. O. (eds.). *Methods in enzymology*. Vol. 1 Academic Press New York. 1955.
2. Bello Gil, Daniel y Carrera Bocourt, Emilia y Díaz Maqueira, Yuset. Determinación de azúcares reductores totales en jugos mezclados de caña de azúcar utilizando el método del ácido 3,5 dinitrosalicílico. ICIDCA. 2006 ; XL (2), 45-50. ISSN: 0138-6204.

Clonación, expresión y caracterización bioquímica de una pululanasa termófila de *Geobacillus* sp. G4

ALONSO R. POMA TICONA^{1*}, ROBERTO CASTELLANOS CABRERA¹, HEBER E. RAMÍREZ-ARUA^{1,2}, JÉSSICA PINHEIRO SILVA³, PEDRO R. VIEIRA HAMANN³, IGOR POLIKARPOV³

1 Laboratorio de Biotecnología Enzimática, Departamento de Biología,
Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Tacna, Perú.

2 Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica,
Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima, Perú

3 São Carlos Institute of Physics, University of São Paulo, Brazil.
Correo electrónico: arpomat@unjbg.edu.pe

Introducción: En la búsqueda de alternativas sostenibles para procesos industriales, las enzimas utilizadas en el procesamiento del almidón, como las pululanasas, son de gran interés por su alta especificidad y eficiencia. Las pululanasas catalizan la hidrólisis de enlaces α -1,6-glucosídicos en el almidón, amilopectina y pululano, produciendo azúcares fermentables. Un factor crucial es la estabilidad térmica de estas enzimas, ya que deben mantener su actividad a altas temperaturas en procesos industriales como el procesamiento del almidón. Las especies del género *Geobacillus* han demostrado ser una fuente prometedora de enzimas termostables. Este estudio se centra en la caracterización de una pululanasa (PulGk) producida por *Geobacillus* sp cepa G4, una bacteria termófila aislada de un geiser del campo geotermal de Calientes, Tacna- Perú. El objetivo fue evaluar las propiedades bioquímicas y el potencial industrial de PulGk.

Materiales y métodos: *Condiciones de cultivo y extracción de DNA:* *Geobacillus* sp. G4 fue cultivado en medio líquido Luria-Bertani (LB) con almidón al 1% (p/v) a 55 °C. El ADN genómico se extrajo utilizando un kit comercial Bacterial Genomic DNA Isolation Kit (Norgen Biotek Corp.), siguiendo las instrucciones del fabricante. *Clonación y expresión de PulGk:* El gen que codifica la pululanasa (PulGk) fue amplificado mediante PCR utilizando cebadores específicos diseñados a partir de la secuencia genómica de *G. kaustophilus*. El producto de PCR fue clonado en el vector de expresión pET21a y transformado en *Escherichia coli* BL21(-DE3). Las células transformadas se cultivaron en medio LB (Luria-Bertani) suplementado con ampicilina (100 µg/mL) y la expresión de PulGk fue inducida con 1 mM de IPTG (isopropil-β-D-1-tiogalactopiranósido) a 37 °C durante 4 horas. *Purificación de la enzima:* La enzima recombinante fue purificada utilizando cromatografía de afinidad con una columna HisTrap (GE Healthcare) equilibrada con un buffer de fosfato de sodio 50 mM, pH 7.4, y elución con un gradiente de imidazol (50 - 500 mM). *Caracterización bioquímica:* La actividad enzimática se determinó midiendo la liberación de azúcares reductores con el reactivo de DNS (ácido 3,5-dinitrosalicílico) a 540 nm. La actividad enzimática de PulGk se evaluó a diferentes temperaturas (30-80 °C) y pH (3-10) utilizando almidón soluble como sustrato. Se determinó la estabilidad térmica incubando la enzima a varias temperaturas y midiendo la actividad relativa. Se investigó la influencia de iones metálicos (Cu²⁺, Mn²⁺, Mg²⁺, Ca²⁺, K⁺, Zn²⁺, Ba²⁺, Fe²⁺ y Na⁺) en la actividad enzimática utilizando sales de cloruro a una concentración final de 5 mM.

Resultados y discusión: Este estudio busca expresar y caracterizar una pululanasa termoestable de *Geobacillus* sp. G4 aislada de un ambiente geotermal. El gen PulGk de *Geobacillus* sp G4 fue amplificado por PCR con un tamaño esperado de

2150 pb (Figura 1A). La expresión de PulGk fue inducida con 1 mM de IPTG a 37 °C durante 4 horas. Las células transformadas mostraron una expresión significativa de la enzima recombinante. La enzima recombinante PulGk fue purificada utilizando cromatografía de afinidad con una columna HisTrap, resultando en una única banda proteica, con un peso molecular de 74.5 kDa confirmado mediante análisis SDS-PAGE (Figura 1B). Las pululanasas purificadas de diferentes organismos han mostrado una considerable variación en su peso molecular. La pululanasa purificada de *Thermococcus caldophilus* GK-24 tiene un peso molecular de 65 kDa¹, mientras que la de *Bacillus cereus* es de 68.25 kDa², en comparación, la pululanasa de *Bacillus stearothermophilus* presenta un peso molecular de 76 kDa³, similar al reportado en este trabajo. Respecto a la caracterización enzimática, la pululanasa recombinante PulGk mostró una actividad relativa óptima a pH 7 y 60 °C (Figura 2A y 2B). En cuanto a la estabilidad térmica de PulGk, se observó un incremento en la actividad relativa, que se mantuvo en un 130% durante los primeros 60 minutos a temperaturas de 50, 60 y 70 °C, disminuyendo ligeramente a 115% hasta los 240 minutos. A 80 °C, la actividad relativa se mantuvo en un 85% durante los primeros 60 minutos, reduciéndose a 48% después de este período. A 90 °C, la actividad relativa se mantuvo en 18% desde los primeros minutos de incubación (Figura 2C).

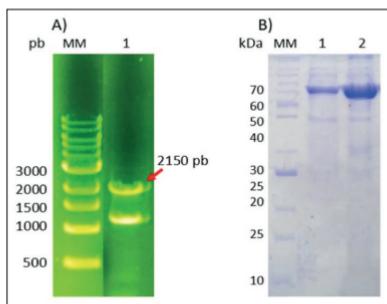


Figura 1. A) Gel de agarosa al 1%: pb, pares de bases; MM, marcador de peso molecular y 1, producto de PCR.
B) SDS-PAGE al 12%: MM, marcador de peso molecular de proteínas; 1 y 2, enzima PulGk purificada.

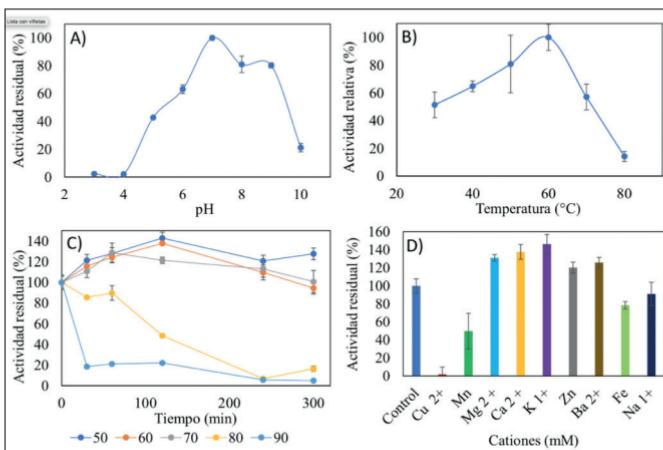


Figura 2. Factores que afectan la actividad pululanasa (PulGk). A) pH, B) Temperatura, C) Termostabilidad, D) Iones metálicos.

Se caracterizó la pululanasa PulGk de *Geobacillus* sp. G4 y se encontró que su pH óptimo es 7. Comparativamente, algunas pululanasas alcalinas, como las de *Bacillus* sp. S1 y *Bacillus* sp. KSM-1876, tienen pH óptimos de 9 y 10. Otras pululananasas son estables en un rango de pH de 4 a 11⁴. La temperatura óptima de la pululanasa fue 60 °C, con estabilidad a 70 °C y una pérdida significativa de actividad a 90 °C. Pululananasas de *Bacillus vallismortis* RG07 y *Bacillus* sp. cepa 1 son activas entre 60 y 70 °C. Se evaluaron diversos iones metálicos para determinar su influencia en la actividad de la enzima PulGk. A diferencia de otras pululananasas, la presencia de iones Ca²⁺ no fue esencial para la actividad de PulGk. Sin embargo, la actividad relativa de PulGk se incrementó hasta un 140% en presencia de Ca²⁺, Mg²⁺ y K⁺, en comparación con el control. Por otro lado, la adición de Cu²⁺ y Mn²⁺ desactivó significativamente la enzima PulGk, mientras que Fe²⁺ y Na⁺ no tuvieron un efecto significativo sobre su actividad relativa. La actividad enzimática de la pululanasa recombinante PulGk no requiere de ion Ca²⁺ cuando es sometida a

temperaturas de 60 y 70 °C, lo que simplifica su aplicación en procesos industriales. Estos hallazgos respaldan la viabilidad de utilizar enzimas de *Geobacillus* sp G4 en aplicaciones biotecnológicas, contribuyendo al desarrollo de bioprocessos más sostenibles y eficientes.

Conclusiones: Las propiedades bioquímicas de la enzima Pul-Gk de *Geobacillus* sp. G4 son prometedoras para aplicaciones industriales a altas temperaturas y sin la necesidad del ion Ca²⁺.

Palabras clave: *Geobacillus*, pululanasa, glicosil hidrolasas, expresión heteróloga.

Agradecimientos: Financiamiento por la Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, fondo «Canon, Sobrecañon y Regalías Mineras», R.R.10979-2023-UNJBG, proyecto «Aplicación de tecnología del ADN recombinante en la generación de cocteles enzimáticos para la biodegradación de residuo orgánico vegetal». Poma AR, recibió financiación del CONCYTEC por medio del Contrato N° PE501080334-2022-PROCIENCIA).

Referencias bibliográficas

1. Ling H, Chuan L, Rosfarizan M, Ariff AB. Characterization of pullulanase type II from *Bacillus cereus* H1.5. *Am J Biochem Biotechnol.* 2009; 5(4): 170-9.
2. Park BR, MubarakAli D, Kim JW. Identification of a novel cyclomaltodextrinase annotated as a neopullulanase in the genome of *Bacillus cereus*. *Arch Microbiol.* 2023; 205(3): 86.
3. Kuriki T, Park JH, Imanaka T. Characteristics of thermostable pullulanase from *Bacillus stearothermophilus* and the nucleotide sequence of the gene. *J Ferment Bioeng.* 1990; 69(4): 204-10.
4. Kim CH, Choi HI, Lee DS. Purification and biochemical properties of an alkaline pullulanase from Alkalophilic *Bacillus* sp. *Biosci Biotechnol Biochem.* 1993;57(10):1632-7.

Actividad antioxidante de la fracción albúmina de semillas de *Lupinus mutabilis* luego de una digestión gastrointestinal simulada y Alcalasa

CARLOS RAMÍREZ-VÉLIZ^{*1}, ADRIÁN INTIQUILLA¹,
KARIM JIMÉNEZ-ALIAGA¹, ABRAHAM QUISPE²,
AMPARO IRIS ZAVAleta¹

1 Grupo de Investigación BIOMIAS, Laboratorio de Biología Molecular,
Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San
Marcos.

2 NUTRIANDES SAC, Rímac-Lima, Perú.
Correo electrónico: carlos.ramirez29@unmsm.edu.pe

Introducción: Las semillas de *Lupinus mutabilis* presentan alto contenido proteico (32-52%)¹. Sin embargo, el alto contenido de alcaloides y lípidos dificultan su aprovechamiento, siendo necesario estandarizar procesos biotecnológicos escalables a nivel industrial. El objetivo de este trabajo fue evaluar la actividad antioxidante de hidrolizados de albúmina de semillas de *L. mutabilis* obtenidos mediante digestión gastrointestinal simulada y alcalasa.

Materiales y métodos: Las semillas de *L. mutabilis* provenientes de Huamachuco (Sánchez Carrión, La Libertad) fueron desamargadas, desengrasadas, y molidas. La fracción albúmina de las semillas pretratadas se obtuvo resuspendiendo la harina en agua destilada 1/10 (p/v). La mezcla se agitó 30 min, centrifugó, y el sobrenadante fue concentrado por ultrafiltración de flujo cruzado utilizando un Cassette Pellicon[®]3 de 0,11 m² de 3 kDa (Millipore-Sigma, USA). La fracción albúmina pasó por un proceso de digestión gastrointestinal simulado INFOGEST², seguida de una hidrólisis con Alcalasa[®]

(pH 8, 50°C por 2 h). Se determinó la actividad antioxidante de la albúmina aislada y su producto digerido mediante el método de captación del radical ABTS. Se utilizó como control de todo el proceso una harina comercial de *L. mutabilis*.

Tabla 1. Actividad antioxidante ABTS.

Muestras	ABTS (μmol ET/g proteína)
AP	175,65 ± 7,93 ^a
HAP	440,01 ± 9,60 ^b
AHC	83,56 ± 3,01 ^c
HAHC	525,33 ± 4,04 ^d

a,b,c,d Diferentes letras expresa diferencia significativa ($p<0,05$).

Resultados y discusión: El perfil SDS-PAGE de la fracción albúmina obtenida de la harina pretratada (AP) presentó bandas entre 12-25 kDa, mientras que la fracción albúmina de la harina comercial (AHC) muestra 2 grupos de bandas entre 15-25 y 75-100 kDa. El pretratamiento de la harina puede afectar al perfil de proteínas de la muestra. La AP presentó mayor actividad antioxidante que AHC. Luego de la digestión gastrointestinal y Alcalasa® la actividad antioxidante incrementó 2,5 y 6,2 veces, respectivamente. La actividad antioxidante del hidrolizado de albúmina de harina pretratada (HAP) y el Hidrolizado de albúmina de harina comercial (HAHC) se muestra en tabla 1.

Se ha reportado que las proteasas gastrointestinales pueden liberar péptidos con aminoácidos activos en el extremo carboxilo, lo que potencia su actividad antioxidante³.

Conclusiones: La fracción albúmina de *L. mutabilis* de las semillas pretratadas y de la harina comercial, presenta un incremento de la actividad antioxidante después de la digestión gastrointestinal simulada y alcalasa. Estos resultados sugieren que *L. mutabilis* es una fuente prometedora de péptidos antioxidantes.

Palabras clave: Actividad antioxidante, albúmina, *Lupinus mutabilis*, digestión gastrointestinal, tarwi.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el CONCYTEC a través del programa PROCIENCIA, Contrato PE501078969-2022 y parcialmente por el Vicerrectorado de Investigación y Posgrado-UNMSM (RR N° 07572-R-23 proyecto A23040031i).

Referencias bibliográficas

1. Carvajal F, Linnemann A, Nout M, Koziol M, Van M. *Lupinus mutabilis*: Composition, uses, toxicology, and debittering. Crit Rev Food Sci Nutr. 2016, 56, 1454-1487.
2. Brodkorb A, Egger L, Alminger M, Alvito P, Assunção R, Ballance S, et al. INFOGEST static *in vitro* simulation of gastrointestinal food digestion. Nat Protoc. 2019, 14, 991-1014.
3. Sutopo C, Hung W, Hsu J. A simple tandem bioassay-guided SCX-RP SPE fractionation for efficient active peptide screening from Inca nut cake protein hydrolysate. J Chromatogr B Analyt Technol Biomed Life Sci. 2024. 1236, 124061.

Efecto de la electropolimerización de fenotiazinas sobre electrodos de carbono dentro de las tecnologías electroquímicas microbianas

SILVIA SATO SOTO^{2*}, SEIYA TSUJIMURA¹

1 Facultad de Ciencias Puras y Aplicadas, Universidad de Tsukuba, Ibaraki, Japón. 2 Centro de investigación para macromoléculas y biomateriales, Instituto Nacional para Ciencia de los materiales, Ibaraki, Japón
Correo electrónico: csato.silviasoto@nims.go.jp

Introducción: Las tecnologías electroquímicas microbianas han atraído la atención por sus diversas aplicaciones como biosensores, tratamiento de aguas, producción de energía, síntesis de compuestos de interés, etc. Éstos se basan en la capacidad de ciertos microorganismos de transferir electrones extracelularmente a partir de la oxidación de diversos sustratos¹. *Shewanella oneidensis* MR-1 es uno de los organismos modelo en estos sistemas ya que cuenta con vías especializadas para la transferencia de electrones directa (vía Mtr con citocromos tipo c) e indirecta (flavinas)². No obstante, una de las limitaciones de estas tecnologías es la ineficiente transferencia de electrones. Por ello, se propone el uso de mediadores redox electrodepositados sobre electrodos de carbono para aumentar esta eficiencia, que se traduce en una mayor producción de corriente.

Materiales y métodos: Filtros de carbono fueron modificados por voltametría cíclica con fenotiazinas (azul de toluidina o azur A) o flavinas (riboflavina o flavín mononucleótido). Éstos fueron dispuestos en celdas electroquímicas de tres electrodos (ER Ag/AgCl; EA Pt) l. La producción de energía

eléctrica se monitoreó por cronoamperometría utilizando un potencial de 0.1 V. Asimismo, se añadió al electrolito (buffer fosfato 100 mM pH7 y KCl 80 mM) con 5 mM de lactato e inóculos de cepas wild-type de *Shewanella oneidensis* MR-1 ($>1 \times 10^8$ células viables/mL) o mutantes con delecciones en determinados citocromos de tipo c de su vía Mtr.

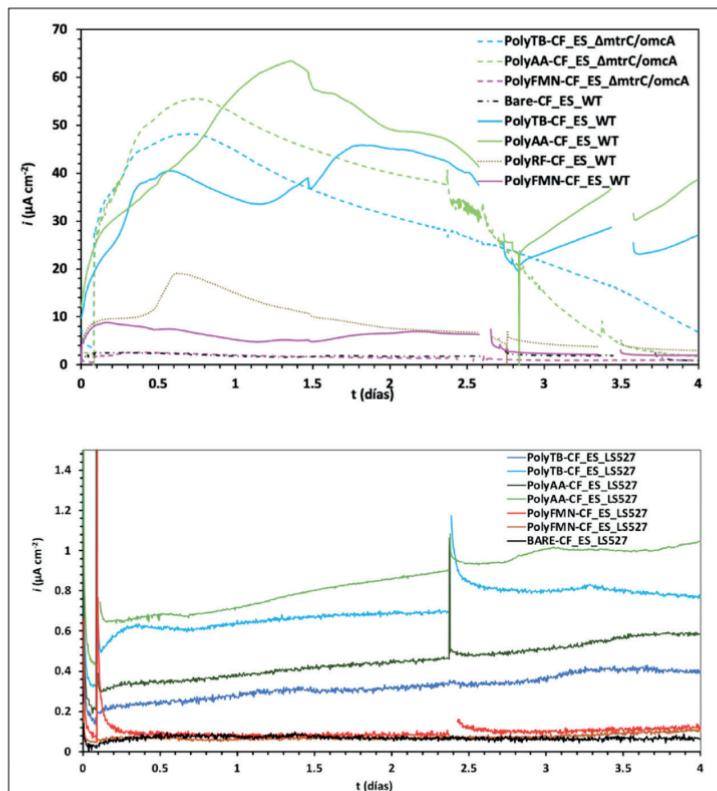


Figura 1. Corriente producida durante 4 días con electrodos modificados con azul de toluidina (PolyTB), azur A (PolyAA), riboflavina (PolyRF) o flavín mononucleótido (PolyFMN). Los sistemas se inocularon con cepas wild-type (WT) o mutantes ($\Delta mtrC/omcA$ y LS527).

Resultados y discusión: Los tratamientos inoculados con la cepa wild-type y con los electrodos modificados produjeron una mayor intensidad de corriente (Figura 1). Especialmente, PolyAA-CF_WT ($63.86 \mu\text{A cm}^{-2}$) y PolyTB-CF_WT ($42.54 \mu\text{A cm}^{-2}$) produjeron corrientes 37 y 25 veces más altas que el tratamiento control Bare-CF_WT ($1.69 \mu\text{A cm}^{-2}$), respectivamente. Los tratamientos inoculados con las cepas mutantes produjeron mayor intensidad de corriente con los electrodos modificados con fenotiazinas (PolyTB y PolyAA) con respecto a su tratamiento control. Estos resultados representan una oportunidad de mejora en estas tecnologías, incluso cuando el microorganismo no está equipado completamente con mecanismos especializados en la transferencia de electrones.

Conclusiones: La modificación de electrodos con fenotiazinas logró una mayor producción de corriente con la cepa wild-type y las cepas mutantes.

Palabras clave: Fenotiazinas, flavinas, *Shewanella oneidensis* MR-1, fiellos de carbono.

Agradecimientos: Esta investigación fue financiada por fondos del gobierno japonés y por la empresa Nippon Steel (Japón).

Referencias bibliográficas

1. Logan BE, Rossi R, Ragab A, Saikaly PE. Electroactive microorganisms in bioelectrochemical systems. *Nat Rev Microbiol.* 2019;17(5):307-19.
2. Edwards MJ, White GF, Butt JN, Richardson DJ, Clarke TA. The Crystal Structure of a Biological Insulated Transmembrane Molecular Wire. *Cell.* 2020;181(3):665-73 e10.

Caracterización microbiológica de cepas de *Candida tropicalis* aisladas de hemocultivos en un centro de referencia oncológico

LADY J SERNA^{1, 2*}, DANIEL AGUILAR², JUAN TORRES²,
SAMUEL MATOS²

1 Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad Nacional
Mayor de San Marcos

2 Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas INEN
Correo electrónico: lady.serna@unmsm.edu.pe

Introducción: Hasta hace algunos años *Candida albicans* era considerado uno de los microorganismos de mayor importancia al ocasionar infecciones invasivas del torrente sanguíneo. Actualmente otras especies de este género están destacando como causantes de candidemia, tal es el caso de *Candida tropicalis*, originando preocupación principalmente por el fenotipo de resistencia a antifúngicos¹. El objetivo de este estudio es la caracterización microbiológica de *Candida tropicalis* aislados de hemocultivo de pacientes oncológicos, así como conocer la susceptibilidad de dichos aislamientos a antifúngicos azólicos y equinocandinas. Las investigaciones en torno a este gérmen revelan insuficientes notificaciones, por lo que hay necesidad de reportes de más estudios a nivel nacional.

Materiales y métodos: La identificación se realizó en el Laboratorio de Microbiología del INEN en dos etapas. La primera fue la identificación presuntiva, donde se sembró en medio de cultivo cromogénico (Chrom Agar Candida) a partir de una colonia sospechosa obtenida de agar Sabouraud. En la segunda etapa se realizó la identificación confirmatoria: todos los aislamientos identificados presuntivamente como

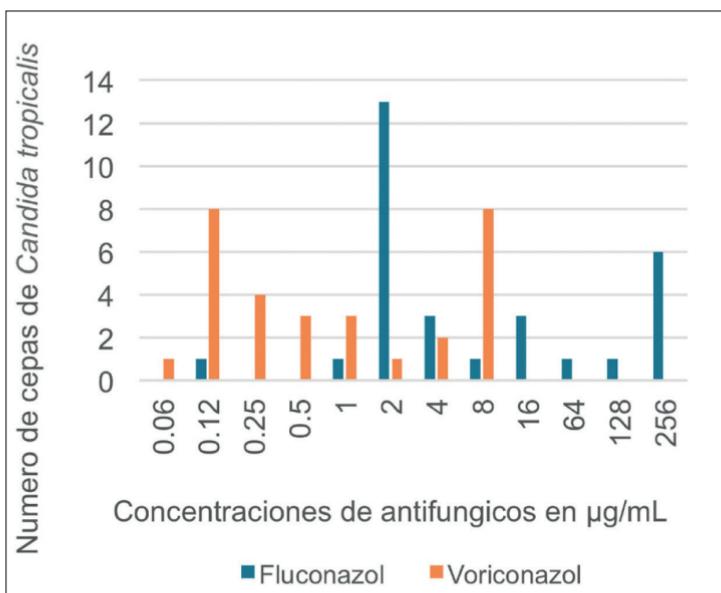


Figura 1. CIM de cepas de *Candida tropicalis* aisladas de hemocultivo para antifúngicos azólicos.

C. tropicalis, fueron analizados por espectrometría de masas (MALDI-TOF) mediante el sistema Maldi Biotyper 3: versión 3.1 66. Se consideró una puntuación ≥ 1.8 como aceptable para la confirmación de género y especie. La sensibilidad antifúngica se determinó mediante microdilución, utilizando el kit de Sensititre Yeast One, alineada al Manual de la CLSI M27.

Resultados y discusión: Se aislaron 31 cepas que mostraron color azul metálico en la identificación preliminar en Chrom Agar Candida, posteriormente se identificaron solo 28 cepas como *C. tropicalis* mediante espectrometría de masas MALDI-TOF. En la Figura 1 se muestra que 14 cepas fueron resistentes a voriconazol ($\geq 1\mu\text{g/mL}$) y 13 cepas a fluconazol ($\geq 8\mu\text{g/mL}$), representando el 45.1% y 41.9%, respectivamente. En un estudio de 2020, el 18.6% exhibió un fenotipo

resistente a antifúngicos azólicos con 58% para dos azoles y 93% para tres azoles. Asimismo, la CIM para fluconazol fue de >8 µg/ mL 2; datos que coinciden con nuestra investigación.

Conclusiones: *Candida tropicalis* es un microorganismo que exhibe un fenotipo resistente a antifúngicos azólicos, por lo tanto, el mayor conocimiento de este microorganismo es relevante para la vigilancia epidemiológica y futuras investigaciones sobre genes de resistencia, sobretodo en pacientes inmunocomprometidos.

Palabras clave: *Candida tropicalis*, resistencia antifúngica, fluconazol, voriconazol.

Agradecimientos: Al personal encargado del laboratorio de Microbiología - Área de Micología del INEN.

Referencias bibliográficas

1. Vásquez-Zamora KG, Villalobos-Barboza K, Vergara MA, Ventura-Flores R, Silva-Díaz H. Frecuencia y susceptibilidad antifúngica de *Candida* spp. (no *C. albicans*) aislada de pacientes de unidades de cuidados críticos de un hospital de tercer nivel del norte del Perú. *Horiz Med.* 2020 Dec.28 (4):e1230. doi:10.24265/horizmed.2020.v20n4.07
2. Arastehfar A, et al. Recent Increase in the Prevalence of fluconazole-non-susceptible *Candida tropicalis* blood isolates in Turkey: Clinical implication of azole-non-susceptible and fluconazole tolerant phenotypes and genotyping. *Front. Microbiol.* 2020 Oct.6;11:e 587278.doi:10.3389/fmicb.2020.587278



II SEMINARIO INTERNACIONAL
EN BIOTECNOLOGÍA PARA LA SALUD
Conclusiones

Conclusiones del evento

- Los trabajos de investigación presentados en el II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud se centraron en el aprovechamiento de la biodiversidad microbiana y vegetal, con énfasis en la seguridad alimentaria y nutricional, la mejora de la salud, el crecimiento económico, la mitigación del cambio climático y temas relacionados con los objetivos de desarrollo sostenible.
- En el evento se resaltó que los microorganismos cumplen roles tanto en la economía global como en la salud y el ambiente, actúan como fábricas de células eficientes, produciendo sustancias químicas a partir de fuentes renovables contribuyendo a la economía circular y a la sostenibilidad. Además, se destacó el impacto de los microrganismos en diversos sectores como alimentario, farmacéutico, médico, cosmético y ambiental. De igual forma, se hizo hincapié en los beneficios de los probióticos y posbíóticos.
- Las tendencias de la investigación en proteínas de origen vegetal fueron centradas en las leguminosas. Se exploró la creciente demanda de las proteínas vegetales como fuentes de péptidos bioactivos multifuncionales y aplicaciones industriales que garantice la seguridad alimentaria. Sin embargo, las ventajas de las leguminosas se ven comprometidas por su contenido de factores anti nutricionales y características estructurales, lo cual conlleva a limitaciones sensoriales y digestivas. Estos problemas pueden abordarse haciendo uso de técnicas de procesamiento físico, extrusión, fermentación microbiana, digestión enzimática y aislamiento de proteínas.

- Con relación a la nanobiotecnología los temas se centraron en el desarrollo, caracterización y uso de soportes poliméricos orgánicos, con un enfoque innovador para mejorar el diagnóstico, tratamiento y prevención de enfermedades. El desarrollo de nanovehículos ofrece ventajas como la eficacia terapéutica, gracias a la liberación controlada y específica de diferentes bioactivos, mejorando su biodisponibilidad.
- En las investigaciones se utilizaron enfoques modernos de inteligencia artificial, biología molecular e ingeniería genética, genómica funcional, biología sintética y de sistemas, nanotecnología, procesos fermentativos, entre otros, promoviendo y fomentando las bases para el desarrollo sostenido de la Biotecnología.



II SEMINARIO INTERNACIONAL
EN BIOTECNOLOGÍA PARA LA SALUD
Anexos

NORMAS PARA PUBLICACIÓN EN LIBRO DE RESÚMENES:
Resúmenes de conferencia

1. Presentación:

- Título del trabajo: (Con letras mayúsculas, en negrita, centrado, letra tamaño 12). Nombre del conferencista: Nombre y apellidos (centrado, letra tamaño 11). Filiación institucional y correo: (justificado, letra tamaño 10).
- Resumen: (Máximo 350 palabras, letra tamaño 11)
- Palabras clave: Hasta cinco (letra tamaño 10).
- Referencias bibliográficas: Citar un máximo de 5 referencias. Las citas serán según las normas del estilo APA (letra tamaño 9).

2. Normas generales:

- Utilizar letra Arial.

El resumen no debe extenderse más allá de una página incluyendo las referencias bibliográficas. Usar márgenes de 2.5 cm en los cuatro lados.

- En el nombre del archivo colocar apellidos del autor con letras consecutivas, según número de presentación.

3. CV de conferencista:

- Máximo 150 palabras



NORMAS PARA PUBLICACIÓN EN LIBRO DE RESÚMENES:
Resúmenes de presentaciones orales

1. Presentación:

- **Título del trabajo:** Se recomiendan títulos breves que sugieran el contenido de su ponencia de forma atractiva y novedosa (Con letras mayúsculas, en negrita, centrado, letra tamaño 12).
- **Nombre de los autores:** Nombre y apellido de todos los autores, ejm: María García¹, Rosa Moreno^{2*}. Use números en superíndice para indicar la filiación institucional de cada autor/a. Marcar con un asterisco el nombre de quien presentará el trabajo (centrado, letra tamaño 11).
- **Filiación:** A cada institución deberá asignarse un número diferente que servirá para indicar la filiación de cada autor (justificado, letra tamaño 10). Ejemplos:
 - ¹ Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima - Perú.
 - ² Instituto de Investigación en Ciencias de la Nutrición, Cali - Colombia.
- **Introducción:** Breve descripción de la problemática o tema central del trabajo, así como descripción de las principales investigaciones que se han llevado a cabo sobre el tema. Al final de la introducción se describirá el objetivo del trabajo. (No dejar espacio entre párrafos, justificar, letra tamaño 10).
- **Materiales y métodos:** Explicar la estrategia metodológica del trabajo. Para los compuestos químicos utilizar fórmulas condensadas y su concentración en g/L o %,

según convenga; escribir los nombres científicos en letra cursiva (justificado, letra tamaño 10).

- **Resultados y discusión:** En esta sección, se podrán incluir una tabla y una figura, o dos tablas, o dos figuras. Asegúrese de escribir las unidades correctamente y que los números y símbolos sean los adecuados. Describir de forma objetiva los principales hallazgos del trabajo en coherencia con la metodología seguida. Además, debatir acerca de los hallazgos encontrados con relación a otros autores (justificado, letra tamaño 10).



Figura 1. El título y leyenda explicativa al pie de la figura (letra tamaño 9).

Tabla 1. El título encabezando de la tabla (letra tamaño 9).

- **Conclusiones:** Explicitar las principales según objetivos del trabajo (justificado, letra tamaño 10).
- **Palabras clave:** Hasta cinco (centrado, letra tamaño 10).
- **Agradecimientos:** Colocar la fuente de financiamiento de la investigación (justificado, letra tamaño 10).
- **Referencias bibliográficas:** Citar un máximo 4 referencias bibliográficas. Las citas serán según las normas del estilo Vancouver (justificado, letra tamaño 9).

2. Normas generales:

- Utilizar letra Arial, en dos columnas. No se aceptarán trabajos que carezcan de alguna de las secciones antes mencionadas, ni aquellos que estén escritos en menos de 80% del espacio de una página. Usar márgenes de 3 cm arriba y 2 cm en los otros tres lados de la página.
- Optimizar el espacio para escribir lo más importante del trabajo, no utilizar sangría, ni dejar espacios entre párrafos.
- El resumen será evaluado por el Comité Organizador del Evento y reproducido sin modificaciones.
- En el nombre del archivo del trabajo colocar apellidos del autor principal con número arábigo consecutivo, según número de trabajo presentado.
- El archivo se presentará solo en formato electrónico.

3. Líneas temáticas:

- Biotecnología médica
- Biotecnología farmacéutica
- Biotecnología cosmética
- Biotecnología de enzimas y procesos
- Biotecnología agroalimentaria
- Biotecnología ambiental
- Nanobiotecnología

NORMAS PARA PUBLICACIÓN EN LIBRO DE RESÚMENES:
Resúmenes de pósteres

1. Presentación:

- **Título del trabajo:** Se recomiendan títulos breves que sugieran el contenido de su ponencia de forma atractiva y novedosa (Con letras mayúsculas, en negrita, centrado, letra tamaño 12).
- **Nombre de los autores:** Nombre y apellido de todos los autores, ejm: María García¹, Rosa Moreno^{2*}. Use números en superíndice para indicar la filiación institucional de cada autor/a. Marcar con un asterisco el nombre de quien presentará el trabajo (centrado, letra tamaño 11).
- **Filiación:** A cada institución deberá asignarse un número diferente que servirá para indicar la filiación de cada autor (justificado, letra tamaño 10). Ejemplos:
 - ¹ Facultad de Farmacia y Bioquímica, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú.
 - ² Instituto de Investigación en Ciencias de la Nutrición, Cali - Colombia.
- **Introducción:** Breve descripción de la problemática o tema central del trabajo, así como descripción de las principales investigaciones que se han llevado a cabo sobre el tema. Al final de la introducción se describirá el objetivo del trabajo. (No dejar espacio entre párrafos, justificar, letra tamaño 10).
- **Materiales y métodos:** Explicar la estrategia metodológica del trabajo. Para los compuestos químicos utilizar fórmulas condensadas y su concentración en g/L o %,

según convenga; escribir los nombres científicos en letra cursiva (justificado, letra tamaño 10).

- **Resultados y discusión:** En esta sección, se podrán incluir una tabla y una figura, o dos tablas, o dos figuras. Asegúrese de escribir las unidades correctamente y que los números y símbolos sean los adecuados. Describir de forma objetiva los principales hallazgos del trabajo en coherencia con la metodología seguida. Además, debatir acerca de los hallazgos encontrados con relación a otros autores (justificado, letra tamaño 10).



Figura 1. El título y leyenda explicativa al pie de la figura (letra tamaño 9).

Tabla 1. El título encabezando de la tabla (letra tamaño 9).

- **Conclusiones:** Explicitar las principales según objetivos del trabajo (justificado, letra tamaño 10).
- **Palabras clave:** Hasta cinco (centrado, letra tamaño 10).
- **Agradecimientos:** Colocar la fuente de financiamiento de la investigación (justificado, letra tamaño 10).
- **Referencias bibliográficas.** Citar un máximo 4 referencias bibliográficas. Las citas serán según las normas del estilo Vancouver (justificado, letra tamaño 9).

2. Normas generales:

- Las dimensiones del cartel deberán ser 90x90 cm.
- El resumen será evaluado por el Comité Organizador del Evento y reproducido sin modificaciones.
- En el nombre del archivo del trabajo colocar apellidos del autor principal con número arábigo consecutivo, según número de trabajo presentado.
- El archivo se presentará solo en formato electrónico.

3. Líneas temáticas:

- Biotecnología médica
- Biotecnología farmacéutica
- Biotecnología cosmética
- Biotecnología de enzimas y procesos
- Biotecnología agroalimentaria
- Biotecnología ambiental
- Nanobiotecnología

II Seminario Internacional en Biotecnología para la Salud

PROGRAMA

Día	Hora	Ponencia
Jueves 08-agosto	8.00-9.00	Registro de asistencia
	9.00-9.20	Inauguración del evento
	9.20-10.00	«Impacto de los microorganismos halófilos en la salud: perspectivas actuales y futuras». Dra. Amparo Zavaleta, Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Perú.
	10.00-11.00	«Aplicación de la inteligencia artificial en el uso de microorganismos para alimentación humana y animal». Ing. Catalina Garrido, Liva Company - Chile.
	11.00-11.20	COFFE BREAK
	11.20-12.20	Innovación Verde: Descubriendo el poder de los inhibidores de proteasas vegetales en biomedicina». Dra. Mónica Parisi, Universidad Nacional de Luján - Argentina.
	12.20-13.20	«Bioeconomía circular: uso de residuos orgánicos y proteínas alternativas para la acuicultura». Dra. Natalia Bullon, Auckland University of Technology - Nueva Zelanda.
	13.20-14.20	LIBRE
	14.20-16.00	Presentación de trabajos de forma oral y póster
	16.00-17.00	«Bioprocessos para la producción y escalamiento de proteínas recombinantes». Dra. Carol Flores, Oxford University - Reino Unido.
Viernes 09-agosto	9.00-10.00	«Procesos biotecnológicos aplicados en el aprovechamiento de proteínas vegetales». Dra. Karim Jiménez, Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Perú.
	10.00-11.00	«Síntesis enzimática de azúcares raros derivados de lactosa». Dr. Andrés Illanes, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso - Chile.
	11.00-11.20	COFFE BREAK
	11.20-12.20	«Post-bióticos en Cosmética: Innovación Biotecnológica para el Cuidado de la Piel». Dra. Beatriz Valenzuela, Liva Company - Chile.
	12.20-13.20	«Proteínas vegetales: más allá de su valor nutricional». Dra. Blanca Hernández, Consejo Superior de Investigaciones - España.
	13.20-14.00	LIBRE
	14.00-16.00	Presentación de trabajos de forma oral y póster
	16.00-17.00	«Ciencias ómicas aplicadas a los probióticos». Dr. Adriano Brandelli, Universidad Federal Rio Grande do Sul - Brasil.

Sábado 10-agosto	9.00-10.00	«Producción de biomateriales de uso en biomedicina». Dr. Alvaro Díaz Barrera, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso - Chile.
	10.00-11.00	«Nanoencapsulación de bioactivos con enfoque terapéutico». Dr. Alexander Gamboa, Universidad de Santiago de Chile - Chile.
	11.00-11.20	COFFE BREAK
	11.20-12.20	«Microencapsulación como estrategia para mejorar la viabilidad de probióticos en alimentos termoprocесados». Dra. Miriam Memenza Zegarra, Universidad Nacional Mayor.
	12.20-13.20	Actividad anti-SARS-CoV-2 de violaceína encapsulada en transportadores de lípidos híbridos nanoestructurados. Dr. Guillermo Castro, Universidad Federal do ABC- Brasil.
	13.20-14.00	LIBRE
	14.00-16.00	Presentación de trabajos de forma oral y póster
	16.00-17.00	«Oportunidades y desafíos para la formación de una red multidisciplinarias en biotecnología para la salud». Dr. J. Santiago, Dr. A. Gamboa, Dr. G. Castro, Dr. A. Díaz, Dra. M. Pasiri.
	CLAUSURA	

 Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Farmacia y Bioquímica 

 II SEMINARIO
INTERNACIONAL EN
BIOTECNOLOGÍA
PARA LA SALUD

08 al 10 de Agosto

Modalidad:
SEMIPRESENCIAL 

Conferencistas expertos en:

- Biotecnología médica
- Biotecnología farmacéutica
- Biotecnología cosmética
- Biotecnología de enzimas y procesos
- Biotecnología agroalimentaria
- Biotecnología ambiental
- Nanobiotecnología

 Laboratorio de Biología Molecular
Fac. de Farmacia y Bioquímica
UNMSM

Inscríbete

Envío de resúmenes hasta:
31 de Julio

biomiasunmsm@gmail.com
cerseu.farmacia@unmsm.edu.pe

Dirigido a:

- Estudiantes
- Profesionales

Auditorio de la Facultad de Ingeniería de Sistemas e Informática
Ciudad Universitaria c/Germán Amézaga 375-Lima 1

Organiza:

Grupo de Investigación en Biotecnología Microbiana y Salud 

 biomias biomiasunmsm Biomias CERSEU

