



Valorización económica sustentable del Altoandino de Atacama. Estrategias para el desarrollo del Turismo de Intereses Especiales y la conservación de ecosistemas de características únicas

**INFORME FINAL DE EJECUCION TRANSFERENCIAS DE CAPITAL FNDR
GOBIERNO REGIONAL DE ATACAMA**

Universidad de Antofagasta
Jorge Valdés Saavedra
Yery Marambio-Alfaro

DESCRIPCIÓN RESUMIDA DEL PROGRAMA

El desarrollo del proyecto FIC Altoandino generó información relacionada con las características ecosistémicas de las cuencas endorreicas de atacama, poniendo de manifiesto aspectos relevantes relacionados con la belleza escénica de dichos paisajes, la fragilidad de los mismos, y la riqueza de vida que es posible encontrar en esa zona.

Todos estos elementos configuran un marco de referencia para potenciar el uso sostenible del paisaje altoandino, dentro del cual el Turismo de Intereses Especiales resalta como una alternativa viable e indispensable para potenciar la actividad económica de la región en conjunto con una postura de protección de la riqueza escénica.

Con este marco de referencia se propone implementar el modelo de negocios para el desarrollo turístico resultante del estudio previo (ver informe final FIC 076-2013 Altoandino), la capacitación en temas de turismo científico, ecológico y de aventura de los sectores involucrados (operadores turísticos, hoteles, servicios públicos, Etc.), la generación de material de apoyo para el desarrollo de la actividad turística del altoandino (manuales de biodiversidad e información ecológica de los sistemas, rutas ecológicas, Etc.) y la generación de instrumentos de difusión a nivel nacional e internacional de la oferta turística de la región. Esta estrategia está vinculada a las acciones necesarias para generar y/o potenciar la estrategia regional de protección de los sistemas altoandinos de mayor fragilidad, así como su biodiversidad, particularmente en el caso de las comunidades microbiológicas, las que tienen un alto potencial de aplicaciones biotecnológicas que es urgente identificar y conservar para beneficio de la región.

RESULTADOS Y PRODUCTOS GENERADOS CON EL PROYECTO

Formulación de guías de campo para tour-operadores. ANEXO 1

Impresión de 300 ejemplares de la guía. En Anexo se muestra la portada.

Formulación de Libro de paisajes Altoandinos. ANEXO 2

Impresión de 850 ejemplares del libro. En Anexo se muestra la portada.

Difusión mediante plataformas digitales (Creación de Página web). ANEXO 3

Se continúa con la difusión de las novedades y avances del proyecto mediante las cuentas de Instagram y Facebook, las que ya superan los 2.000 seguidores cada una. Se realizó un concurso en estos medios lo que permitió aumentar la visibilidad de los resultados del proyecto. En Anexo un informe de la situación de la presencia del proyecto en las redes sociales.

Documental de difusión del TIE en el Altoandino de Atacama. ANEXO 4

Se realizó una serie de tres videos de animación con los resultados del proyecto, y orientados a poner en valor el Altoandino de Atacama desde la perspectiva del paisaje. Estos videos serán ofrecidos a todos los interesados para colocarlos en plataformas digitales. En Anexo detalles de los videos y sus links.

Evaluación de potencial de aplicación biotecnológica de comunidades bacterianas altoandinas. ANEXO 5

Se confeccionó un informe de evaluación del potencial biotecnológico del Altoandino de atacama, sobre la base de los resultados del estudio microbiológicos de los sistemas acuáticos.

Curso de capacitación para operadores turísticos en ecología de ecosistemas altoandinos. Anexo 6.

La jornada de Capacitación y Cierre del proyecto se realizó el 18 de Julio con la participación de 50 personas vinculadas al turismo regional, y con 5 expositores que cubrieron las áreas de Geología, Historia y Arqueología, Hidrogeoquímica, Flora y Fauna. Es importante destacar la participación de los estudiantes de la carrera de Turismo de la Universidad Santo Tomás. En Anexo, detalles de la actividad.

Difusión del proyecto mediante publicación científica de los resultados del proyecto. ANEXO 7.

Con el propósito de validar la discusión respecto del potencial de conservación del Altoandino de Atacama, desde la perspectiva de apoyar la creación del nuevo Parque Nacional Volcán Doña Inés (propuesto por CONAF), de formularon dos manuscritos científicos sobre propiedades físico-químicas de los sistemas y otro sobre las comunidades de organismos encontrados en ellos. El primero ha sido sometido a la Revista Journal of Arid Environment. En Anexo el manuscrito enviado a la revista. El segundo está en etapa final de redacción.

Informe económico del Turismo en la zona Altoandina de Atacama. ANEXO 8.

Este informe revisa el potencial económico de la actividad turística en la zona Altoandina de Atacama y evalúa las opciones de rutas y gastos asociados a la ejecución de las mismas.

Evaluación técnica de Rutas Turísticas Altoandinas. ANEXO 9.

Seminario de Título de una alumna de la carrera de Geomensura de la Universidad de Antofagasta cuyo objetivo es evaluar la factibilidad de implementar rutas turísticas georreferenciadas, para el apoyo del trabajo de campo.

Difusión en medios escritos. ANEXO 10.

Se entrega la última publicación del proyecto, relacionada con la actividad de cierre del mismo. Se debe indicar que durante la ejecución del proyecto se realizaron más de 10 publicaciones en medios escritos de la región. Ver informes parciales.

Participación en Seminario de Humedales de la CONAF. ANEXO11.

Los resultados del proyecto fueron expuestos en el Seminario sobre Humedales realizado por CONAF en Agosto pasado en Copiapó.

Difusión del proyecto mediante productos con logos institucionales y alusivos al proyecto. ANEXO 12

Se confeccionaron poleras, pendrives, cargadores portátiles, bastones selfies y audífonos. Una muestra de estos productos fueron entregada físicamente, junto con los libros en las oficinas del GORE Atacama. En Anexo fotos de los productos generados.

ANEXO 1
GUIA DE CAMPO

Terrestrial Life of the high Andean Atacama

Field guide of
Reptiles, Birds,
Mammals and Flora



Yery Marambio-Alfaro, Daniel Hiriart-Lamas &
Jorge Valdés Saavedra

ANEXO 2
LIBOR DE PAISAJES

Paisajes Altoandinos
de la Región de Atacama, Chile.
High Andes Landscapes of the Atacama Region, Chile.



Jorge Valdés Saavedra • Yery Marambio Alfaro

ANEXO 3
REDES SOCIALES

Informe final altoandino: Redes sociales y difusión



Yery Marambio - Américo López – Jorge Valdés

21 de agosto del 2018

Difusión en dos redes sociales, Facebook e Instagram del proyecto altoandino

Introducción:

La difusión del proyecto altoandino y la creación de las redes sociales comienza su movimiento el día 8 de septiembre del 2017, con el fin de propagar la información acerca del turismo científico se crearon dos fans page, que son una página de Facebook (altoandino) y una página de Instagram (altoandino2018). Las dos anteriores con perfil de empresa, estas dos páginas entregan estadísticas relacionadas a la actividad de esta misma página. Creando así un sistema de fácil entendimiento para los administradores. Hoy en día los fans page son verdaderos puntos de publicidad que pueden llegar a todo el mundo. Debido a esto es importante la constancia que se le dé a estos “seguidores” de la página, ya que luego de ver publicaciones con alta interacción, ellos quieren seguir viendo más fotos y videos que son publicados. Los objetivos de este informe son:

- Presentar los avances totales de la difusión en las redes sociales
- Cuantificar el numero de personas que interaccionan hasta el día de hoy en los fans page
- Mostrar los resultados obtenidos desde la creación del fans pages

Resultados:

- **Portada de cada fan page**

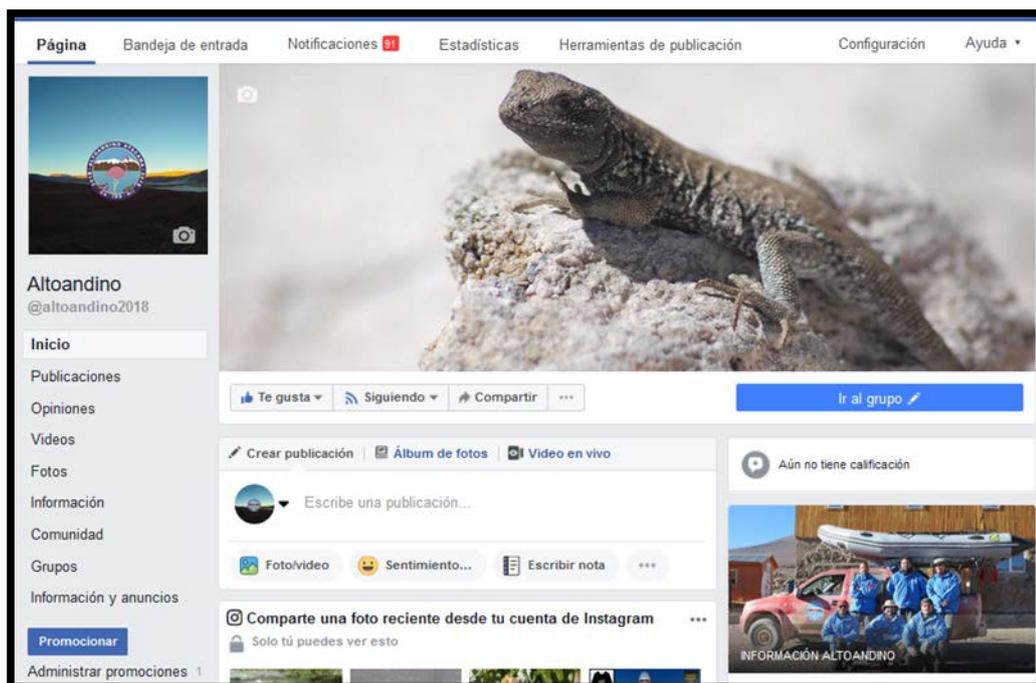


Figura 1: Perfil de la pagina de Facebook.



Figura 2: Perfil de la pagina de Instagram.

En el primer informe (9 de noviembre del 2017) del altoandino se registraron 126 seguidores en Facebook y 771 seguidores en la pagina de Instagram, los fans o seguidores de entonces se mostraron agradecidos por que la pagina mostrara el material fotográfico y de la información que en cada publicación hay. Luego se destaca el avance obtenido en el segundo informe (10 de marzo del 2018) aumentando a 1747 fans en la pagina de facebook y 2244 fans en instagram. Para el tercer informe (24 de julio 2018) los fans de facbook fueron 1830 y en instagram de 3214 fans. Para el dia de hoy en Facebook el numero de fans va en aumento, debido al incentivo de estos por los concursos, en Facebook se registraron hasta el dia de hoy 1854 y en Instagram 3477.

Tabla 1: Resumen del histórico de fans.

Informe N°	Alcance (N° de fans) Facebook	Alcance (N° de fans) Instagram
1 (9 de noviembre del 2017)	126	771
2 (10 de marzo del 2018)	1747	2244
3 (24 de julio del 2018)	1830	3214
4 (21 de agosto del 2018)	1854	3477



Figura 3: Gráfico resumen del histórico de fans desde la creación de la página de Facebook hasta la actualidad.

Se debe destacar que en la página de Facebook hay eventos donde la gente o los fans interactúan de forma activa como lo son los videos y los concursos. A continuación, se detallan los dos concursos hechos, uno que ya fue hecho y otro que es actual.

CONCURSO ALTIPLANICO

1. Dale me gusta a nuestra fan page
2. Comparte esta imagen en modo público
3. Etiqueta a dos personas

PREMIOS:
 2 poleras Planeta Atacama
 2 Stickers de lagartos endémicos
 LIBRO "La Península de Mejillones y sus bahías"

Dale un vistazo al libro en el grupo de Facebook "Altiplano Chileno"






Figura 3: Primer concurso de los fans pages.

¡CONCURSO ALTIPLÁNICO!

- DALE ME GUSTA A NUESTRO FAN PAGE EN FACEBOOK Y COMPARTE ESTA PUBLICACIÓN EN MODO PÚBLICO ETIQUETANDO A DOS PERSONAS
- COMPARTE UNA DE NUESTRAS FOTOS EN TU PERFIL (MODO PÚBLICO)
- PREMIOS: TRES POLERAS, UNA GUÍA DE CAMPO Y UN LIBRO DE PAISAJES ALTIPLÁNICOS



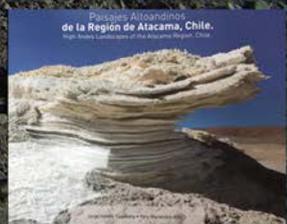



Figura 5: Segundo y actual concurso de los fans page.

Con respecto al alcance y los gustos de los fans:

El mayor alcance en cual sea el fan page (facebook o Instagram) es proporcional al interés del público que desee visitar información o fotografías que tengan que ver con el altiplano chileno. Como ya se demostró en la cuantificación de seguidores, las páginas tienen un potencial para seguir activas, a la gente les gustó mucho las fotografías a gran altura particularmente. En segundo plano las fotografías de animales y plantas.

Conclusión:

Se ha demostrado que los fan pages son buenas herramientas de difusión cuando se les utiliza de manera apropiada y a un público en específico. Se puede concluir que se cumplen los objetivos de la difusión del proyecto, ya que se llegó a miles de personas, ya sea en el territorio de Chile como en el extranjero, esa es una de las ventajas de las redes, la interacción puede ser mundial. La página aún se mantiene activa, y esta actividad se nutre a partir de los fans, uno de los detalles a destacar es que hay un número de personas en las dos páginas que son activas y que siempre están a la espera de más publicaciones. Para finalizar, las dos páginas tuvieron muy buena interacción y día a día crece el número de fans, por lo tanto se sugiere que esta página siga activa para seguir con el crecimiento exponencial que estas páginas han tenido.

ANEXO 4
VIDEOS PROMOCIONALES
(Entregados en formato digital)



ANEXO 5
INFORME DEL POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

Demandante: Proyecto FIC- Altoandino

Director Proyecto: Jorge Valdés – Universidad de Antofagasta

Fecha: Mayo 2018

Analista: Bernardita Valenzuela Guerrero – Doctor en Ciencias Aplicadas

Objetivo General del Proyecto

Analizar la diversidad bacteriana de los sedimentos y agua de las cuencas cerradas altoandinas de la Región de Atacama, como fuente de recursos para la innovación tecnológica.

Objetivos Específicos del Proyecto

- Obtener muestras de sedimentos superficiales de 23 sistemas altoandinos en campañas a terreno.
- Generar librería de ADN 16s bacteriano mediante herramientas de secuenciación masiva.
- Analizar y dimensionar el potencial económico de recursos bacterianos del Altoandino de Atacama.

Objetivo del presente del análisis solicitado:

El objetivo del análisis solicitado por el proyecto corresponde al último objetivo específico de la propuesta:

- Analizar y dimensionar el potencial económico de recursos bacterianos del Altoandino de Atacama.
-

Metodología utilizada

Análisis referencial bibliográfico en revistas científicas de corriente principal e informes de mercado publicados hasta el mes de abril del año 2018.

Análisis del potencial económico de recursos bacterianos del Altoandino de Atacama.

Índice:

Introducción.....	3
Comunidades microbianas y la importancia en este estudio.....	4
Potencial aplicación de enzimas	5
Potencial aplicación industrial en la diversidad bacteriana presente las cuencas cerradas altoandinas de la Región de Atacama	6
Relaciones Generales entre Potencial de Aplicación y Potencial de Mercado.....	33
Proyecciones del análisis del potencial biotecnológico	37
Bibliografía	40

Introducción

La riqueza de un país suele medirse a través de tres aristas: Riqueza material, Riqueza Cultural y Riqueza Biológica. Específicamente esta última se valora a través de la diversidad presente en los sistemas, la que se evalúa mediante: i) Diversidad Ecológica, que corresponde a los diferentes ecosistemas presentes en un área determinada como lagos, ríos, lagunas, océanos, bosques etc. ii) Diversidad de Especies: Correspondiente a la variedad de especies presentes en un área determinada, y iii) Diversidad Genética: Variaciones del conjunto de genes que poseen los individuos que habitan un ecosistema.

El estudio de la riqueza y diversidad de recursos de un país es un área de gran interés a nivel mundial. Sin embargo, en los últimos 30 años, en Chile, se ha evidenciado la pérdida creciente de ecosistemas de alto valor en diversidad en el norte de nuestro país, los que fueron refugio de flora y fauna altamente especializada con adaptaciones a condiciones ambientales extremas. La carencia de estudios relacionados han contribuido al desconocimiento del impacto de los servicios ecosistemáticos que se han perdido junto a estos sistemas.

El V informe Nacional de Biodiversidad de Chile (Ministerio del Medio Ambiente, 2014) indica que Chile no dispone de datos históricos que permitan estimar la diversidad genética y sólo se cuenta con algunos casos de macroorganismos como algas, peces y moluscos de interés comercial por ser considerados recursos pesqueros. Así también como flora de uso agrícola y nativa. Respecto de esta última se estima que el 10,7% de las especies que habitan zonas áridas y semiáridas presentan potencial uso medicinal.

Los microorganismos son componentes importantes de la diversidad biológica y funcional de los sistemas. Los microorganismos participan en el reciclado de la materia en los ecosistemas y por tanto, controlan la evolución de la biosfera al interactuar de forma dinámica en los ciclos biogeoquímicos (Lyautey *et al.* 2005). Su rol ecológico se considera como vital para mantener las condiciones para la vida en el planeta.

Se estima que en planeta Tierra hay cerca de 1 nonillón (1 seguido de 30 ceros) de microorganismos. Sin embargo estos no son considerados en los estudios de las líneas base de diversidad ambiental, lo que genera un problema difícil de cuantificar dada la

cada vez mayor importancia que adquieren estos seres vivos como fuente de diversos productos de aplicación comercial.

Comunidades microbianas y la importancia en este estudio

Los ecosistemas naturales son sistemas dinámicos y en constantes cambios, ya sea por el efecto día/noche o por las estaciones del año, cambios en el clima y/o perturbaciones de tipo naturales o antropogénicas. Las comunidades bacterianas presentes en estos ambientes sufren constantes perturbaciones intermitentes como bajas en el contenido orgánico, falta de agua, congelamiento-descongelamiento, variaciones en las concentraciones de sal y otras alteraciones. Estos factores ambientales estresantes son los gatillantes de las adaptaciones celulares y moleculares que los microorganismos han generado para enfrentarlos (enzimas, exopolisacáridos, aminoácidos, azúcares, ácidos orgánicos, antimicrobianos, lípidos, entre otros), esto crea una diversidad genética única en cada sistema.

Los ambientes “*moderados*” son importantes para sustentar la vida que comúnmente conocemos, entendiendo a ambientes moderados como aquellos que presentan medidas medias de pH cercano al neutro, temperaturas entre los 20 y 40°C, presión atmosférica igual a 1 (nivel del mar) y adecuada disponibilidad de agua, nutrientes y sales. Cuando cualquiera de éstos parámetros ambientales se alejan por sobre o bajo estos rangos, se define entonces a estos ambientes como *Ambientes extremos* (Satyanarayana et al., 2005). Es importante destacar que el término “extremo” es acuñado desde un punto de vista antropocéntrico y no guarda relación a lo que tal vez podríamos definir como vida extrema (Cavicchioli, 2002).

La diversidad de perturbaciones y factores estresantes de los sistemas ecológicos terrestres en el norte de Chile, comúnmente categorizados como ambientes extremos, hacen que los microorganismos que habitan estos lugares sean de gran interés debido a la redundancia funcional y diversidad de genes con potencial aplicación industrial.

Potencial aplicación de enzimas

Los principales metabolitos de aplicación industrial provenientes de microorganismos que habitan ambientes extremos corresponden a las enzimas, catalizadores de origen biológico. Esto se debe a que estos microorganismos están adaptados para sobrevivir en

nichos ecológicos en donde prevalecen valores extremos de temperatura y pH, concentraciones salinas y presiones altas, entre otras condiciones extremas (Jaenicke, 1991; Vieille y Zeikus 2000).

Las enzimas de microorganismos extremófilos son además un objeto de estudio principalmente por el potencial económico de su aplicación en procesos industriales como en la Agricultura, alimentación, cervecería, detergentes, textil y papelería (Kumar, Lokendra, Awasthi, 2011) además de aplicaciones biotecnológicas en el área de identificación genética y diagnóstico (Cowan y Fernandez-Lafuente 2011).

Por esta razón el estudio de la biodiversidad microbiana de ambientes extremos ha tomado un gran auge a nivel mundial principalmente por la utilización de las biomoléculas termoestables (enzimas y metabolitos) en la industria biotecnológica (Bertus van den Burg 2003).

Los avances en esta área han sido posibles gracias al aislamiento de un gran número de microorganismos desde ambientes extremos y la subsecuente extracción y caracterización de sus extremozimas (Antranikian & Giffhorn 1987) (Groboillot et al. 1994) (Niehaus et al. 1999) (Antranikian et al. 2005).

Potencial aplicación industrial en la diversidad bacteriana presente las cuencas cerradas altoandinas de la Región de Atacama

El análisis de datos de la secuenciación del gen 16S RNA muestra que las lagunas altiplánicas prospectadas en el proyecto Altoandino tiene una diversidad de 47 Phylum del dominio Bacteria, distribuidos en 23 sitios de muestreo. La distribución del número de OTUs en estos 47 Phylum se muestran en la figura 1. La abundancia de estos grupos para cada sitio muestreado se ha expresado en porcentajes en la figura 2.

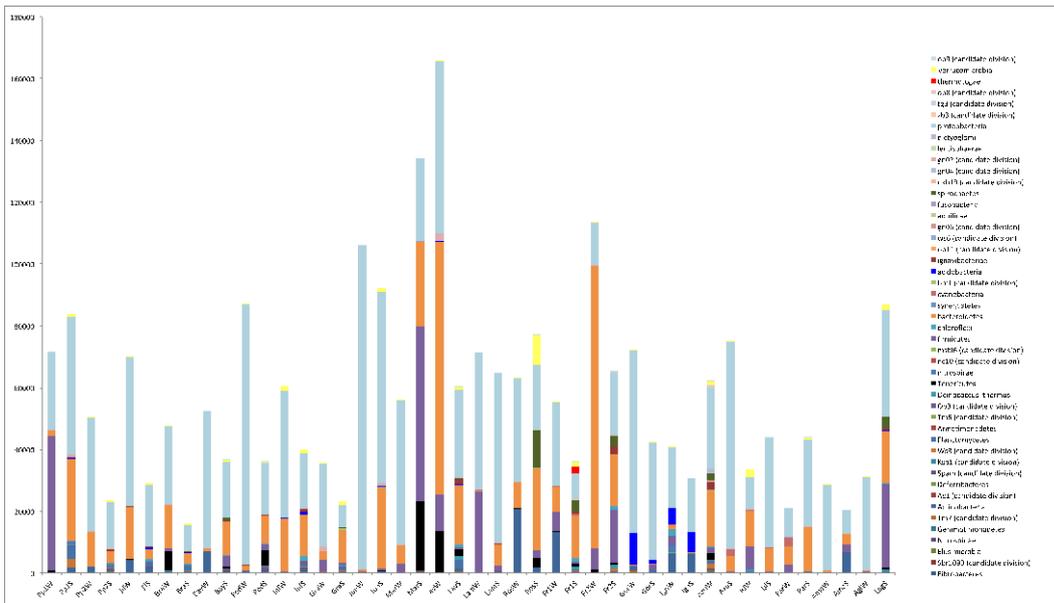


Figura 1: Distribución del número OTUs en los diferentes Phylum por cada muestra.

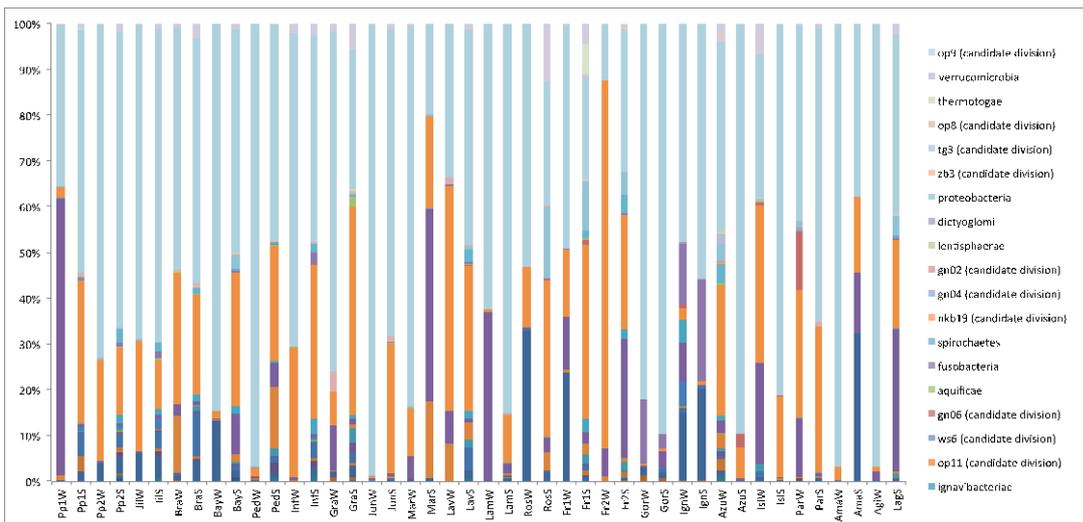


Figura 2: Distribución de la abundancia relativa de los Phylum en cada muestra.

Para tener una aproximación del potencial de esta diversidad a continuación se menciona una breve descripción de cada división filogenética y se destaca el potencial para cada uno de estos Phylum.

Fibrobacter: Este Phylum representa a un grupo de bacterias encontradas generalmente en estómagos de rumiantes, sin embargo también se han detectado en sistemas de agua dulce (Ramson et al., 2012). Este Phylum es conocido por su rol en la degradación de

material lignocelulósico y contienen una serie de enzimas altamente eficientes en la degradación de celulosa, el carbohidrato de origen vegetal más abundante en el planeta. Esto los hace ser atractivos por su potencial uso de sus enzimas en la producción de biocombustibles (Jewell et al., 2013), uno de los mercados con mayor potencial de crecimiento para los siguientes 5 años (Freedonia Group, 2016). Celulasas y Proteasas de microorganismos de este Phylum han sido aisladas y utilizadas como aditivos en detergentes, demostrando una óptima actividad a los 50°C y pH 7 y 8 (Chen y Wuang, 2008).

En la revisión de los datos para Altoandino este Phylum se observa en baja abundancia (0,022%) comparada con la abundancia total en todos los sitios analizados. Estando presente en el sedimento del Salar la Piedra Parada Oriente (Pp2S) con un 0,58% de abundancia relativa, sedimento Laguna del Bayo (BayS) con un 0,9% de la abundancia relativa, agua del Salar de la Azufrera (AzuW) con un 0,09 % de abundancia relativa y en el sedimento del Salar de la Laguna Grande (LagS) donde sólo alcanza el 0,017% de la abundancia relativa para este sitio.

Sbr1093 (candidate division): Se propone como candidato a división ya que se ha identificado por clones con secuencias del gen 16S rRNA, más no se han obtenido microorganismos aislados en cultivo. Se han identificado en bioreactores y lodos de sistemas de tratamiento de aguas municipales donde se le había asignado un rol en la remoción de fosfato (Bond et al., 1995). También se han identificado en sedimentos marinos superficiales (Li et al., 2009) y al interior de esponjas marinas (Smith et al., 2012). Recientemente mediante el análisis de un metagenoma de lodos activados de origen industrial se ha reconstruido un genoma de este Phylum y se ha demostrado que este microorganismos posee una nueva ruta de fijación del carbono, el ciclo de hidroxipropionato-hidroxibutirato (HPHB), el que se había descrito anteriormente como exclusiva para algunos miembros del dominio Archaea. Además se encontraron genes que demuestran que podría ser un mixotrofo aeróbico facultativo con posibles resistencias a diferentes antibióticos y a metales pesados (Wang et al., 2014). Se identifican entonces en este Phylum el mercado de Farmacéutica y Biorremediación.

Este Phylum está presente en una baja abundancia en Salar de La Piedra Parada Occidente (PpS2) y Laguna Jilguero (JilS), ambos con una baja abundancia relativa para cada sitio, con un 0,039% y un 0,034% respectivamente.

Elusimicrobia: Phylum presente sólo en dos sitios: Agua del Salar de la Azufrera (AzuW) y Sedimento de Laguna La Piedra Occidente (Pp1S), en ambos en baja abundancia con 0,021% y 0,029% respectivamente. Los miembros de este Phylum corresponden a microorganismos anaerobios estrictos. Se han identificado en estómagos de insectos (Herlemann et al., 2009). Análisis de genomas indican que fermenta la glucosa para generar lactato, acetato, hidrógeno y CO₂. Además se han identificado genes involucrados en la fijación de nitrógeno (Zheng et al., 2016).

Nitrospinae: Secuencias del gen 16S RNA se han encontrado en sistemas marinos con bajo contenido de oxígeno y su rol ecológico principal consiste en oxidar nitrito (Spieck et al., 2014). También se conoce que estos organismos poseen enzimas que tiene un rol osmoprotector (protegen a los organismos en ambientes salinos) y termoprotectantes (protegen al organismo de los cambios de temperatura) (Ngugi et al., 2015). Estas enzimas poseen diferentes aplicaciones en el área farmacéutica (Sydlik et al., 2009).

Este Phylum se encuentra en baja diversidad en todos los sitios estudiados (0,0015%), destacando en los sitios de: i) Sedimento de Salar Grande (GraS) con un 0,034% de la abundancia relativa en este sistema. ii) Sedimento del Río Lama con un 0,010% de su abundancia relativa. iii) Agua del Salar de la Azufrera con un 0,017% y vi) Agua del Salar de la Isla con un 0,071% de la abundancia relativa del sitio.

Gemmatimonadetes: Microorganismos de este Phylum son unos de los más comunes de encontrar (Janssen, 2006), se han identificado en suelos, lodos activos de desechos municipales y ambientes marinos. Su rol ecológico se relaciona a la acumulación de fosfatos y la remoción de fosforo desde el ambiente (Hanada y Sekiguchi, 2014). Además destacan por la producción de carotenoides rosados y naranjas (Takaichi et al., 2010).

Este Phylum equivale al 0,1 % de la abundancia de Phylum analizados en todos los sitios analizados. Se han identificado en: i) Salar la Piedra Parada Oriente (Pp2S) con un 0,75%. ii) Agua y sedimento del Río Juncalito (Jun) con 0,014% y 0,74% de la abundancia relativa para cada sitio. iii) Agua y Sedimento de Lagunas Bravas (Bra), con un 0,14% y un 0,11% de su abundancia relativa. iv) Sedimento de Laguna del Bayo con un 0,035%. v) Agua y Suelo de Pedernales (Ped) con 0,013% y 0,074% de la abundancia relativa para cada sitio. vi) Sedimento del Salar de Los Infieles con 1,13%. vii) Sedimento del Salar Grande con 0,31%. viii) Sedimento de Laguna Verde con 0,45%. ix) Sedimentos de Laguna del Negro Francisco Fra1 y Fra2 con 0,29 y 0,15% de la abundancia relativa para cada sitio. x) Agua del Salar de la Azufrera con un 0,46% de la abundancia relativa para este sitio.

Tm7 (candidate division): Este Phylum se conoce solamente por las secuencias extraídas desde DNAs ambiental proveniente desde diferentes ecosistemas, (Hugenholtz et al., 2001), incluso desde cavidades orales en el cuerpo humano (Soro et al., 2014). Se conoce que algunos miembros de este Phylum secretan enzimas proteolíticas y lipolíticas y son fermentadores de glucosa, produciendo lactato (Albertsen et al. 2013; Kantor et al. 2013; Kindaichi et al., 2016).

Secuencias de este Phylum se han detectado en todas las muestras analizadas de Altoandino, excepto en el agua de Pedernales (Par) y sedimento de Río Juncalito. Aun así la abundancia relativa de este Phylum en todas las muestras analizadas corresponde al 0,10%. La mayores abundancias relativas por sitio para este Phylum están presentes en: i) Agua de Salar Grande (Gra) con un 0,95%. y ii) Agua del Salar de Gorbea con un 1,5% de la abundancia relativa.

Actinobacteria: Constituyen uno de los Phyla más grandes entre las bacterias y representan bacterias Gram-positivas con alto contenido de G + C en su ADN. Este grupo bacteriano incluye microorganismos que exhiben un amplio espectro de morfologías, desde formas de hifas cocoide hasta fragmentadas, además de poseer propiedades fisiológicas y metabólicas muy variables. Los miembros de *Actinobacteria* han adoptado diferentes estilos de vida, y pueden ser patógenos, habitantes comunes del

suelo (*Streptomyces*), comensales de plantas (*Leifsonia*) o comensales gastrointestinales (*Bifidobacterium*). Se han secuenciado varios genomas de *Actinobacterias*, que revelan una amplia heterogeneidad genómica, probablemente como reflejo de su biodiversidad (Atlas, 1997).

Este Phylum es conocido por que sus miembros producen una serie de metabolitos secundarios importantes en la industria farmacéutica, como lo son los antibióticos, un rasgo que ha convertido a las especies de *Streptomyces* en los principales organismos productores de antibióticos explotados por la industria farmacéutica (Lechevalier y Lechevalier, 1967; Bérdi, 1989; Liu et al., 2008).

Además, se encuentran diversos estilos de vida diferentes entre *Actinobacteria*, que incluye patógenos (por ejemplo, *Mycobacterium spp.*, *Nocardia spp.*, *Tropheryma spp.*, *Corynebacterium spp.*, y *Propionibacterium spp.*), Habitantes del suelo (*Streptomyces spp.*), Plantas comensales (*Leifsonia spp.*), Simbiontes fijadores de nitrógeno (*Frankia*) y habitantes del tracto gastrointestinal (TGI) (*Bifidobacterium spp.*). Las *Actinobacterias* están ampliamente distribuidas en ecosistemas terrestres y acuáticos (incluidos los marinos), especialmente en el suelo, donde juegan un papel crucial en el reciclaje de biomateriales refractarios por descomposición y formación de humus (Goodfellow and Williams, 1983).

Además, muchos miembros de *Actinobacteria* se usan como ingredientes activos en una variedad de alimentos llamados funcionales debido a sus propiedades beneficiosas para la salud o probióticas, como la protección contra patógenos mediados por el proceso de exclusión competitiva, actividad hidrolasa de la sal biliar, modulación inmune, y la capacidad de adherirse al moco o al epitelio intestinal (Stanton et al., 2005).

En las muestras analizadas para Altoandino, este Phylum corresponde al tercero más abundante, con un 3,19% de la abundancia relativa total. Está presente en todas las muestras analizadas y la mayor abundancia está presente en la muestra de agua de la Laguna Santa Rosa (Ros) con un 32 % de la abundancia relativa total para este sitio.

AC1 (candidate division): Hasta el momento se sabe muy poco sobre el metabolismo de este Phylum, sólo se conoce por las secuencias del gen 16S RNA obtenidas desde secuencias ambientales. Generalmente se asocian a sistemas termales moderados

(Cuecas et al., 2014). Representa un Phylum bacteriano no caracterizado que se encuentra en entornos reductores, como en sedimento marino anaeróbico (Durbin y Teske, 2011). La relativamente alta estabilidad y especificidad de AC1 sugiere que pueden llenar un nicho especializado en biorreactores metanogénicos (Werner et al., 2012).

En las muestras analizadas para Altoandino la abundancia relativa de este Phylum es baja (0,0072%). Estando presente sólo en algunos sitios como: i) Sedimento de la Laguna del Bayo (Bay) con un 0,035% de la abundancia para este sitio. ii) Sedimento de Salar de Maricunga con un 0,033%. iii) Agua del Salar de la Azufrera con un 0,054%. Y vi) Sedimento del Salar de la Laguna (Lag) con un 0,082% de la abundancia relativa para este sitio.

Deferribacteres: Los miembros de este grupo son bacterias anaerobias. Hasta ahora se conoce sólo una familia, *Deferribacteraceae*. Su rol funcional está relacionado con el metabolismo del Hierro III, por esta razón se conocen como *Ferrobacteria*. El género más conocido corresponde a *Federribacter*, que corresponden a organismos termófilos estrictos (Huber y Stetter, 2001).

También son conocidos por su asimilación de Selenato (SeO_4), esto los hace atractivos para aplicaciones de biorremediación de aguas y suelos contaminados (Narasingarao y Häggblom, 2007). Un dato interesante al relacionarlo con el norte de Chile y sus problemas de contaminación. A través de la tecnología de lecho móvil, combinado con post-tratamientos químicos tradicionales, generarían una solución tecnológica y económicamente viable para la eliminación de selenio de aguas residuales mineras.

En las secuencias analizadas para todas las muestras de Altoandino este Phylum se encuentra con una baja abundancia (0,0014%). Estando presente sólo en tres muestras de las analizadas: i) Sedimento del Salar de Piedra Parada Occidente con un 0,022% ii) Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salada con un 0,027% y iii) Agua del Salar Las Parinas con un 0,028% de abundancia relativa indicada para cada sitio.

SPAM (candidate division): Este Phylum es poco conocido. Análisis de genomas de células individuales y 39 metagenoma muestran que SPAM tiene un genoma relativamente grande (6-8 Mbps), con un alto contenido de GC (66% -71%) y metabolismo mixotrófico versátil. Con base en estas observaciones se ha propuesto cambiar el nombre de SPAM a "*Solagigasbacteria*". La evidencia actual sugiere que *Solagigasbacteria* se distribuye a nivel mundial en 46 ecosistemas terrestres diversos, incluidos los suelos, la rizósfera, el lodo volcánico, los pozos petrolíferos, los acuíferos 47 y el subsuelo profundo, sin informes de ambientes marinos hasta la fecha (Becraft et al., 2017).

En todas las muestras analizadas para Altoandino se puede identificar a este Phylum con una abundancia relativa baja (0,089%). Estando presentes en mayor abundancia en los sitios: i) Sedimento del Salar de Piedra Parada Oriente con un 0,87%. ii) Sedimento de Laguna de Jilguero con un 0,96%. iii) Sedimento de Salar de Pedernales con un 1,78% y iv) Sedimento del Salar de Los Infieles con un 1,39% de abundancia relativa para cada sitio.

KSB1 (candidate division): KSB1 se ha identificado sólo mediante secuencias y no se tiene mayor información sobre su metabolismo. Junto a otros Phylum como OP10, OP5 y OD1 se han encontrado con mayor abundancia en las zonas de baja concentración de sulfuro de hidrógeno, justo debajo de la capa mínima de oxígeno (Ley et al., 2006). También se han encontrado en sedimentos marinos hidrotermales, donde mediante el análisis de metagenomas se han identificado genes que codifican para enzimas que participan en la degradación anaeróbica de hidrocarburos (Sampiao et al., 2017).

En las muestras analizadas para Altoandino este Phylum representa sólo un 0,0089% de la abundancia relativa total y esto se debe a que se distribuye sólo en algunos sitios como: i) Sedimento del Salar de Piedra Parada Occidente con un 0,07%. ii) Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salobre con un 0,15% y iii) Agua del Salar de la Azufrera, con un 0,66 % de la diversidad relativa de Phylum para cada sitio.

WS3 (candidate division): Este Phylum se conoce actualmente como "*Latescibacteria*" y fue descubierto por primera vez en un acuífero contaminado con hidrocarburos y

solventes clorados (Dojka et al., 1998). Desde entonces, se han detectado en una amplia gama de hábitats terrestres y marinos: por ejemplo, suelo, sedimentos marinos, hidrotermales, lagos anóxicos, ambientes impactados por hidrocarburos y tratamiento de aguas residuales en biorreactores (Pereira et al., 2014; Darling et al., 2014). La secuenciación directa de una célula (Single Cell Sequence) de cuatro miembros de este Phylum sugieren que corresponden a organismos heterótrofos, con un estilo de vida estrictamente fermentativo. Poseen enzimas sacarolíticas y proteolíticas y transportadores para la degradación y absorción de pectina, ulvan, fucano, alginato y polímeros ricos en hidroxiprolina (Frag et al., 2017).

Para las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está presente en todas las muestras, excepto en Agua del Salar Ignorado y Sedimento del Salar de Agua Amarga. Representan el 0,26% de la abundancia de Phylum en el total de muestras. Y la mayor abundancia está presente en i) Sedimento del Salar de Piedra Parada Occidente con un 3,45% y ii) Agua del Salar de la Azufrera con un 2,4% de la abundancia relativa de cada sitio.

Planctomycetes: La mayoría de los miembros del Phylum comparten muchos rasgos inusuales que son únicos para las bacterias, ya que se dividen independientemente del gen FtsZ a través de gemación asimétrica y poseen un ciclo de vida complejo. Además de sus complejas características celulares, son ambientalmente importantes y juegan un papel importante en los flujos de materia a nivel mundial. Tales características se han empleado con éxito en aplicaciones biotecnológicas tales como la oxidación anaeróbica del amonio en plantas de tratamiento de aguas residuales o la utilización de enzimas para procesos biotecnológicos. Los genomas planctomicetales con un tamaño promedio de 6,9 MB, los que los hace objetivos tentadores para el descubrimiento de nuevos fármacos (Jeske et al., 2013; Jeske et al., 2016).

Este Phylum está presente en todas las muestras analizadas de Altoandino, abarcando una diversidad relativa total del 0,65%. La mayor abundancia por sitio está presente en Sedimento de Salar de Piedra Occidente con un 4,87% y Sedimento de Laguna Verde con 4,79% de la abundancia relativa para cada sitio.

Armatimonadetes: Constituye un Phylum bacteriano moderadamente abundante y filogenéticamente diverso. Antes de la descripción oficial del Phylum por Tamaki et al. 2011, los filotipos de *Armatimonadetes* se clasificaron como la división candidata OP10, identificada por primera vez por Hugenholtz et al. 1998 en un estudio molecular realizado en Obsidian Pool, Parque Nacional de Yellowstone, por lo que se creía exclusiva de ambientes termales. Actualmente hay más de 500 secuencias de genes 16S RNA en la base de datos pública, agrupadas en hasta 12 agrupaciones de nivel de Clase dentro de este Phylum, pero solo se han descrito hasta ahora cuatro representantes cultivados. Su metabolismo se relaciona a la fermentación de azúcares no derivados de la celulosa (Lee et al., 2011).

En las muestras analizadas para Altoandino este Phylum representa una baja abundancia relativa con un 0,007%, esto debido a que sólo está presente en 7 sitios. La muestra con mayor abundancia corresponde a Agua del Salar Ignorado con un 0,26% de la abundancia relativa de este sitio.

Tm6 (candidate division): Este es un linaje bacteriano reconocido sólo a través de estudios independiente del cultivo, generalmente están en baja abundancia en una amplia gama de hábitats. Este Phylum está muy extendidos en el medio ambiente. Las secuencias de TM6 se describieron por primera vez en turberas (Rheims et al., 1996) y posteriormente se encontraron en diversos hábitats tales como tapetes microbianos hipersalinos (Sørensen et al., 2005), fuentes de azufre (Youssef et al., 2012), sedimentos ricos en arsénico (Escudero et al., 2013) y también en biofilms (Feazel et al., 2009), sumideros (McLean et al., 2013) y sistemas de suministro de agua potable (Henne et al., 2012).

Dos estudios genómicos recientes de bacterias TM6 revelaron que tienen genomas pequeños y un repertorio genético limitado, consistente con la dependencia de huéspedes eucarióticos para sus necesidades metabólicas. Estos carecen de rutas biosintéticas completas para varios componentes básicos celulares esenciales, incluidos aminoácidos, lípidos y nucleótidos. Además de tener una envoltura celular degenerada, translocaciones de ATP / ADP para parasitar reservorios de ATP del hospedador y motivos de proteínas para facilitar las interacciones de hospedadores eucariotas indican

que el parasitismo está muy extendido en este Phylum. Es por esta razón que se ha propuesto el nombre *Dependentiae* (phyl. Nov.) (Yeoh et al., 2016).

En las muestras analizadas para Altoandino este Phylum representa sólo el 0,018% de la abundancia total, lo que se relaciona también con la abundancia relativa por sitio. Destacando la mayor abundancia en las muestras de agua del Salar Ignorado con un 0,31% y en Sedimento del Salar de los Infieles con un 0,26%.

OP3 (candidate division): A excepción de las secuencias del gen 16S RNA ambientales, no hay mayor información disponible para los miembros de esta división. Sus miembros parecen prosperar en ambientes anóxicos, como en sedimentos marinos, aguas profundas hipersalinas, lagos de agua dulce, acuíferos, suelos de arrozales inundados y biorreactores metanogénicos. La secuenciación de genes ambientales de OP3 muestra como resultado una enzima NADH deshidrogenasa I, lo que puede sugerir un modo de respiración anaeróbica (Glöckner et al., 2010).

En las muestras analizadas para Altoandino este Phylum representa el 0,085% de la abundancia relativa total. La mayor abundancia relativa por sitio está presente en la muestra de agua del Salar de la Azufrera con un 0,85% y sedimento del Salar Grande con 1,94%.

Deinococcus_thermus: Corresponde al Phylum más ubicuo en fuentes termales. Sus miembros tienen una "convergencia termófila", del resultado de una composición de G + C inusualmente alta en los ARNr de las bacterias termófilas (Weisburg et al., 1989).

Este Phylum es bien conocido por su extrema resistencia a UV, desecación y radiación ionizante (Minton 1994; Battista, 1997). Se han encontrado en carne enlatada, suelo, heces de animales, polvo y instrumentos médicos irradiados (Master et al., 1991; Murray 1992; Nold y Ward, 1995). Algunos son resistentes al peróxido de hidrógeno y otros agentes que dañan el ADN debido a una alta eficiencia en su sistema de reparación del ADN (Minton 1994; Battista, 1997). Debido a sus características de resistencia a la radiación, han sido de gran interés con respecto a la biorremediación de sitios

contaminados con radiación y productos químicos tóxicos (Battista, 1997; Brim et al., 2000).

También hay mucho interés en este grupo debido a la producción de una serie de enzimas termoestables de gran parte de la biotecnología importancia, por ejemplo, Taq polimerasa (Karlin y Mrazek 2001).

Para las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está presente en todos los sitios analizados y representa el 0,28 % de la abundancia relativa total. La mayor abundancia de este Phylum está en Sedimento de Salar de Piedra Parada Oriente con un 1,9% de la abundancia relativa para este sitio.

Tenericutes: Los *Tenericutes* son una clase única de bacterias que carecen de pared celular y son típicamente parásitos o comensales de huéspedes eucarióticos. Las prospecciones del gen 16S RNA en DNA ambiental han identificado una serie de clados en diversos entornos, lo que introduce la posibilidad de que *Tenericutes* puedan representar microorganismos de vida libre no asociados con el huésped. La secuenciación metagenómica de sedimentos con metano en aguas profundas resultó en el ensamblaje de dos genomas de un clado afiliado a *Tenericutes* actualmente conocido como 'NBI-n' (taxonomía SILVA) o 'RF3' (taxonomía Greengenes). La reconstrucción metabólica reveló que carecen de un ciclo de ácido tricarbóxico y en su lugar utilizan la fermentación anaeróbica de azúcares simples para la fosforilación a nivel de sustrato. (Skennerton et al., 2016).

En las muestras analizadas para Altoandino este Phylum representa el 5to más abundante con un 2,33% de la abundancia relativa total. Las muestras que tienen la mayor abundancia relativa por sitio de este grupo corresponden a Sedimento del Salar de Maricunga con un 16,6% y Agua de Laguna Verde con un 8,24%.

Nitrospirae: El *Phylum Nitrospirae* se basa principalmente en motivos filogenéticos. En la actualidad, consiste en una sola clase, orden y familia de Bacteria y environtaxa que se ramifican profundamente en los principales árboles de referencia. Son Gram-negativas, curvas, vibrioides o células en forma de espiral. Metabólicamente son

diversos, la mayoría de los géneros son quimiolitótrofos aeróbicos, incluidos nitrificadores, reductores disimilatorios de sulfato y formas magnetotácticas. Posee además un género (*Thermodesulfobrio*) que es termófilo y obligadamente acidófilo y anaeróbico (Garrity et al., 2001).

Este Phylum representa el 0,16% de la abundancia relativa encontrada en las muestras de Altoandino y el sitio que contiene la mayor abundancia relativa para este grupo corresponde a Agua del Salar Ignorado con un 5,51%.

NC10 (candidate division): El Phylum NC10 fue propuesto por primera vez en base a las secuencias de genes 16S rRNA ambientales de cuevas inundadas. En 2006, se descubrió que las bacterias NC10 estaban conectadas con un nuevo bioproceso: la oxidación anaeróbica de metano (AOM) acoplado a la desnitrificación. Posteriormente, demostraron que las bacterias NC10 median el proceso de AOM acoplado a la reducción de nitrito y estas bacterias funcionarían como metanótrofos desnitrificantes (He et al., 2016).

Este Phylum representa el 0,006 % de la abundancia relativa en los Phylum encontrados en las muestras analizadas para Altoandino. El sitio que presenta la mayor abundancia de este grupo corresponde a Agua del Salar La Azufrera con un 0,05%.

MSBL6 (candidate division): Este grupo se denomina grupo del Mediterráneo Seafloor Brine Lake 6 (MSBL6), ya que se encontró inicialmente en estudios de secuenciación del gen 16S rRNA en cuencas de salmuera del Mediterráneo (Daffonchio et al., 2006). Desde entonces, secuencias de MSBL6 se ha encontrado en ambientes contaminados por hidrocarburos, incluyendo filtraciones frías, sedimentos cerca de las zonas de transición sulfato-metano, y en un lago salobre influenciado por metano (Rinke et al., 2013).

La abundancia de este Phylum en las muestras analizadas en Altoandino es de 0,0035% de la abundancia total. La muestra que tiene mayor abundancia relativa de este grupo corresponde al Agua del Salar la Azufrera con un 0,13%.

Firmicutes: Generalmente se encuentran habitando ambientes en condiciones ricas en nutrientes. Cuando las condiciones ambientales no son favorables tienen la capacidad de formar esporas. La formación de endosporas resistentes es una propiedad específica de los miembros de *Firmicutes* (bacterias Gram-positivas con bajo contenido de G + C). Se encuentra en representantes de cuatro clases diferentes de *Firmicutes*: *Bacilli*, *Clostridia*, *Erysipelotrichia* y *Negativicutes*, que codifican conjuntos similares de proteínas de esporulación central. Cada una de estas clases también incluye organismos que no forman esporas. La habilidad para formar esporas les da un gran interés, ya sea como organismos modelo de estudio para las enfermedades que causan, o debido a su posible uso en biotecnología, biorremediación y control de insectos (Galperin, 2013).

La fisiología y metabolismo que presentan los miembros de este Phylum los hace ser uno de los grupos más utilizados para prospecciones biotecnológicas. Esto debido a que *Firmicutes* incluye tanto autótrofos como heterótrofos, los quimiolitioautótrofos incluyen una variedad de bacterias oxidantes de hidrógeno o formiatos que crecen al reducir el azufre, el sulfato o el nitrato (Chivian et al., 2008). Otras cepas crecen oxidando minerales, incluido hierro ferroso (Li et al., 2006). Varios formadores de esporas son capaces de utilizar monóxido de carbono. Como su nombre indica, *Carboxydotherrnus hydrogenoformans* produce hidrógeno molecular (Wu et al., 2005), mientras que *Clostridium ljungdahlii* puede usar mezclas de CO / H₂ y CO₂ / H₂ (Kopke et al., 2010). La familia *Heliobacteriaceae* incluye miembros fototróficos que usan la fotosíntesis anoxigénica como fuente de energía; también pueden fijar nitrógeno (Asao y Madigan, 2010; Tang et al., 2010). *Bacillus metanolicus* es un formador de esporas que puede utilizar metanol como su única fuente de carbono y energía (Heggeset et al., 2012).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa el tercero más abundante con 9,2 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar La Piedra Occidente con un 60,32% y Sedimento del Salar de Maricunga con un 42,14% de la abundancia total para estos sitios.

Chloroflexi: Este Phylum es uno de los que contienen organismos con características metabólicas muy diversas. Incluye seis clases, *Chloroflexi*, *Anaerolineae*, *Caldilineae*,

Ktedonobacteria, *Dehalococcoidetdia* y *Thermomicrobia*. La morfología filamentosa es la característica típica de la mayoría. De estas seis clases, solo la clase *Chloroflexi* consiste en bacterias fototróficas. Este grupo fototrófico, llamado bacterias fotótrofas anóxicas filamentosas, se distribuyó en tres familias (*Chloroflexaceae*, *Oscillochloridaceae* y *Roseiflexaceae*) en la clase y comparte las siguientes características en común: la morfología filamentosa multicelular, la motilidad de deslizamiento y la actividad fotosintética anoxigénica (Hanada, 2014).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,41 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Ignorado con un 5,14% y Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salobre con un 2,08%.

Bacteroidetes: Los *Bacteroidetes* varían en abundancia relativa, pero generalmente constituyen la mitad o más del microbioma intestinal de los seres humanos (Qin et al., 2010). Los miembros de los Bacteroidetes viven principalmente en el intestino distal, donde participan en el suministro de energía del huésped al obtenerla desde la dieta a través de la fermentación de polisacáridos indigeribles. Esta actividad produce ácidos grasos de cadena corta (AGCC) que pueden suministrar hasta 10% de calorías diarias cuando la dieta es rica en fibra (Cummings, 1981; Johnson et al., 2017). Este Phylum se asocia a la fermentación de diferentes compuestos, como azúcares simples, ácidos orgánicos y compuestos nitrogenados. La fermentación genera como productos metabólicos principalmente H₂ y CO₂, compuestos que son utilizados por las comunidades de microorganismos metanógenos. Esta relación se ha demostrado en experimentos con rumen de ganado (Mangel, 1980; Lin et al., 2013).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa el segundo con mayor abundancia, con un 22,03% de la abundancia total. Están presentes en todas las muestras y los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponde a Agua de Laguna Verde con un 49,39%.

Synergistetes: Este Phylum actualmente agrupa bacterias Gram negativas, anaeróbicas con diversas morfologías y metabolismos. Las células son principalmente varillas con

diversas formas y se caracterizan por su capacidad de utilizar aminoácidos como fuente de energía. La baja capacidad de cultivo explica la falta global de conocimiento sobre la mayoría de los miembros de este Phylum, y los datos actualmente disponibles provienen principalmente de estudios independientes del cultivo. Es un Phylum ampliamente distribuido, pero generalmente representan una población menor dentro de los ecosistemas habitados. Se podrían delinear cuatro tipos de hábitats dependiendo del origen aislado o clonado, incluyendo lodo y aguas residuales de digestores anaeróbicos, manantiales naturales, agua de mar natural y esteras de azufre, agua relacionada con instalaciones de producción de petróleo y producción de biogas con alto contenido en hidrógeno (Rivieri et al., 2009; Marchandin et al., 2010; Jumas-Bilak y Marchandin, 2014).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, estando presentes sólo en tres muestras del total, representado un 0,0017 % de la abundancia total. El sitio que reúne el mayor número de este grupo corresponde a Sedimento de Laguna Santa Rosa con un 0,04% de la abundancia relativa para este sitio.

Cianobacteria: Los miembros de este Phylum son los principales contribuyentes a los ciclos biogeoquímicos globales. Las cianobacterias emergieron hace unos 3.000 millones de años, dando paso a la transición de la Tierra de condiciones anoxigénicas a oxigénicas a través de la fotosíntesis (Schirmer et al., 2011). A lo largo de su evolución, las cianobacterias se convirtieron en uno de los organismos procariontes más diversos y ampliamente distribuidos, ocupando muchos nichos dentro de hábitats terrestres, planctónicos y bentónicos. Su larga historia evolucionó en una amplia heterogeneidad que comprende unicelulares y multicelulares, fotosintéticas y no fotosintéticas (es decir, Melanobacteria) (Schirmer et al., 2011; Di Rienzi et al., 2013; Soo et al., 2014), vida libre, organismos simbióticos, tóxicos y depredadores (Soo et al., 2015), con tamaños de genomas que van de 1 a 10 Mb (Shih et al., 2013).

Se reconoce el fuerte potencial biotecnológico de este Phylum, al ser una excelente plataforma productora de vitaminas y proteínas y, como tales, se encuentran en las tiendas naturistas de América del Norte y otros lugares. También tienen un gran potencial como fuente de sustancias químicas finas, como biofertilizantes y como fuente de combustible renovable (lípidos) (Lem y Glick, 1985). En los últimos 30 años este

Phylum ha ganado mucha atención como una rica fuente de compuestos bioactivos y son considerados como uno de los grupos más prometedores para su producción masiva (Bhadury et al., 2004; Dahms et al. 2006). Estos metabolitos incluyen compuestos antibacterianos (Jaki et al., 2000), antimicóticos (Kajiyama et al. 1998), antivirales (Patterson et al., 1994), anticancerígenos (Gerwick et al. 1994), antiplasmodiales (Papendorf et al., 1998), Alguicidas (Papke et al., 1997) y agentes inmunosupresores (Koehn et al., 1992).

Las cianobacterias tienen muchos más biotecnológicos aplicaciones que esperan posibles usos en maricultura, alimentos, combustible, fertilizantes, colorantes y producción de varios metabolitos secundarios incluyendo toxinas, vitaminas, enzimas y productos farmacéuticos (Abed et al., 2008).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,26 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Las Parinas con un 12,69% y Sedimento Salar La Azufrera con un 2,96%.

BRC1 (candidate division): Se conoce muy poco sobre este Phylum, contando solamente con secuencias del gen 16S RNA. Se detectaron por primera vez en lodos anóxicos de plantaciones de arroz provenientes de Italia (Derakshani et al., 2000). Sus secuencias se asocian a lodos anóxicos, más su participación ecológica o metabólica no se ha demostrado aún.

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,06 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Sedimento del Salar Grande con un 52,27 % y Agua del Salar de las Azufreras con un 0,38%.

Acidobacterias: Las *Acidobacterias* fueron reconocidas como Phylum recientemente, abundan en una variedad de ecosistemas, especialmente los suelos. Enfoques basados en el gen 16S RNA así como los análisis metagenómicos han revelado que *Acidobacteria* representa un Phylum muy diverso y residente en una amplia gama de hábitats en todo

el mundo (Kuske et al., 2002; Gremion et al. al., 2003; Fierer et al., 2005; DeAngelis et al., 2009; Zhang et al., 2014).

Los primeros genomas secuenciados muestran cinco aspectos de la fisiología recibieron atención particular: (i) uso de carbono, (ii) asimilación de nitrógeno, (iii) metabolismo de hierro, (iv) antimicrobianos, y (v) abundancia de transportadores (Ward et al., 2009). La data genómica actual muestra la capacidad ecológica relevante para algunas *Acidobacterias*, incluidas la capacidad de: utilizar nitrito como fuente de N, responder a los macro y micronutrientes del suelo y la acidez del suelo, expresar múltiples transportadores activos, degradar la goma Gellan y producir exopolisacáridos (EPS) (Kielak et al., 2016). Estas características definen a los miembros de este grupo como potenciales productores de biocompuestos con aplicación biotecnológica.

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa un 1,06 % de la abundancia relativa total. Sin embargo hay muestras que reúnen una mayor abundancia relativa, como Agua del Salar de Gorbea con un 14,04% y Sedimento del Salar Ignorado con un 22,38%.

Ignavibacteriae: Este Phylum contiene bacterias quimioorganotróficas, termófilas facultativas y anaeróbicas facultativas a la vez. Se han aislado en sistemas acuáticos termales (42 a 46 ° C) y en pozos termales en exploraciones de petróleo a 2.775 m de profundidad. Presentan respiración aeróbica, son fermentadores y reducen diversos aceptores de electrones como nitrito, Fe (III), As (V) (Lino et al., 2010; Podosokorskaya et al., 2012). Aunque aún no se ha publicado el uso de un metabolito de este grupo de microorganismos en aplicaciones industriales o biotecnológicas, presentan un potencial a desarrollar, ya que el uso de termoenzimas en etapas de fermentación ya se ha demostrado en otros organismos termófilos (Currie et al., 2014; Peng., 2015; Yu et al., 2016), así como la utilización de bacterias termófilas en biorremediación de As en agua (Umrana, 2006).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,44 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar de la Azufrera con un 4,25% y Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salobre con un 3,96%.

Op11 (candidate division): Los miembros OP11 están ampliamente distribuidos en los ecosistemas terrestres y marinos, sin embargo, actualmente hay poca información disponible sobre su capacidad metabólica y su función ecológica en dichos hábitats. Análisis de pirosecuenciación y análisis genómicos de una sola célula (Single Cell Sequence) muestran un genoma parcial de ~270 kb. El 46% de sus genes no tiene predicción de función. Su estilo de vida correspondería a heterotrófico, con genes que codifican las enzimas endoglucanasa, amilopullulanasa y lacasa, lo que sugiere una capacidad para la utilización de celulosa, almidón y, potencialmente, lignina, respectivamente. Se identificaron los genes que codifican varias enzimas de glucólisis y la utilización de formiato. El genoma parcial también proporciona evidencia de resistencia a los antibióticos (β -lactamasa, aminoglucósido fosfotransferasa), así como producción de antibióticos (bacteriocina) y peptidasas bactericidas extracelulares (Youssef et al., 2011).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,011 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar de la Azufrera con un 0,25% y Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salobre con un 0,12%.

WS6 (candidate division): Se conoce muy poco sobre el metabolismo de los miembros de este Phylum. Sólo se conoce por secuencias del gen 16S RNA, las que se han encontrado en mayor abundancia en acuíferos anaeróbicos contaminados con hidrocarburos. Los resultados de metagenoma indican que están ampliamente distribuidos y en algunos entornos son lo suficientemente abundantes como para ser probablemente importantes en los procesos biogeoquímicos (Dojka et al., 2000).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, encontrándose sólo en dos muestras, las que representan con un 0,0009 % de la abundancia total. Estas muestras corresponden a Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salobre con un 0,015% y Agua del Salar de las Azufreras con un 0,016%.

Gn06 (candidate division): Se conoce muy poco sobre el metabolismo de los miembros de este Phylum. Sólo se conoce por secuencias del gen 16S RNA. Sus secuencias se han identificado en fuentes de sedimentos de Zodletone Spring, un manantial rico en sulfuros y azufre en el suroeste de Oklahoma, Junto a los candidatos a Phylum BRC1, GN12, TM6, TM7, LD1, WS2, and GN06 se consideran biosfera rara, en muy poca abundancia y no cultivables (Youssef et al., 2012).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,021 % de la abundancia total. Este grupo sólo está presente en 5 muestras y los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar de las Azufreras con un 0,067% y Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salada con un 0,013%.

Aquificae: El Phylum *Aquificae* está compuesto por bacterias termófilas e hipertermófilas, que habitan en ambientes hidrotermales marinos y terrestres. La mayoría de las especies de *Aquificae* son chemolito-autótrofos; sin embargo, algunos también crecen heterotróficamente. El Phylum contiene actualmente una sola clase y una sola orden con tres familias. De estas familias, *Aquificaceae* e *Hydrogenothermaceae* son bacterias aeróbicas o microaerófilas que obtienen energía por oxidación de hidrógeno o compuestos reducidos de azufre por oxígeno molecular. Por el contrario, la familia de las *Desulfurobacteriaceae* está compuesta de anaerobios estrictos y obtienen energía mediante la reducción de sulfato, nitrato, azufre elemental u otros compuestos mediante hidrógeno molecular (Gupta et al., 2014).

Los miembros de este Phylum, debido a su capacidad para crecer a una temperatura > 80 ° C por oxidación de hidrógeno, también proporcionan un recurso importante para muchas aplicaciones biotecnológicas.

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,008 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua Lagunas Bravas con un 0,079% y Agua de Salar de Piedra Parada Occidente con un 0,05%.

Fusobacteria: Los miembros del Phylum *Fusobacteria* y sus dos familias, *Fusobacteriaceae* y *Leptotrichiaceae*, se distinguen en la actualidad principalmente sobre la base de su ramificación en los árboles del gen 16S rRNA y el análisis de las secuencias espaciadoras transcritas internas en el rDNA 16S-23S. Sin embargo, no se conocen características bioquímicas o moleculares que sean compartidas de manera única por la mayoría de los miembros de estos grupos de bacterias. Análisis de 45 genomas secuenciados de *Fusobacteria* mostraron que presentan proteínas implicadas en una amplia gama de funciones que son específicas para este Phylum (Gupta y Sethi, 2014). Corresponden a microorganismos Anaerobios y presentan genes asociados al metabolismo y transporte de hidratos de carbono, algunos son comensales de la cavidad oral en humanos y en intestinos de insectos y animales rumiantes. Donde se ha predicho que estaría relacionado con una alta producción de vitamina B12, vitamina esencial para el correcto funcionamiento del sistema nervioso humano y que sólo puede ser sintetizado por microorganismos (Rouland et al., 2018).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,016 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar de Las Parinas con un 0,76% y Agua del Salar de Las Azufreras 0,19%.

Spirochaetes: Este Phylum de bacterias corresponde a organismos Gram-negativos que tienen células alargadas y enrolladas helicoidalmente. Poseen una membrana externa y destacan por la presencia de flagelos especializados denominados filamentos axiales que producen un movimiento giratorio que permite a la bacteria desplazarse hacia delante. Son organismos quimioheterótrofos, la mayoría anaerobios que viven libremente, pero hay numerosas excepciones de parásitos (Ryan y Ray, 2004; Gupta et al., 2013).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está presente con un 1,09 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Sedimento de Laguna Santa Rosa con un 15,94% y Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salada con un 10,52%.

Nkb19 (candidate division): Phylum recientemente propuesto como “*Hydrogenetes*”. Los análisis genéticos de las secuencias extraídas del medio ambiente sugieren que estos organismos juegan un rol importante en la degradación del glicerol y lípidos en la biomasa del detritus (Nobu et al., 2015).

Los *Hydrogenedentes* a menudo se asocian con ambientes metanogénicos (Riviere et al., 2009; Narihiro et al., 2014), pero su función ecológica ha permanecido enigmática. Análisis de pangenoma y transcriptoma de *Hydrogenedentes* revelan la expresión de lipasas extracelulares, sistemas de secreción tipo II y el sistema Sec para la hidrólisis extracelular de triacilgliceroles a glicerol y ácidos grasos de cadena larga. Este organismo también expresa genes para oxidar glicerol a acetato y CO₂. Además de ser productores de H₂. A pesar de que comúnmente existe una baja abundancia poblacional de *Hydrogenedentes* en el ambiente, el nivel de expresión es alta, lo que sugiere que la lipólisis de *Hydrogenedentes* y la degradación de glicerol es un componente importante del flujo del carbono ambiental (Nobu et al., 2015).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,02 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Sedimento del Salar Grande con un 0,48% y Sedimento del Salar Pedernales con un 0,18%.

GN04 (candidate division): Poca información se tiene aun de este Phylum, se consideran como Biosfera Rara. Secuencias del gen 16S RNA se han encontrado en sedimentos de las cuevas de Mizoram, noreste de India (DeMandal et al., 2017). Además de lodos activados para tratar las aguas residuales y lograr la saponificación de óxido de propileno (PO).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está en baja abundancia, con un 0,066 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Ignorado con un 5,14% y Sedimento de la Laguna del Negro Francisco Salobre con un 0,23%.

GN02 (candidate division): La división GN02 se describió por primera vez en un estudio de tapetes microbianos en sistemas hipersalinos de Guerrero Negro, México (Ley et al., 2006). No se han cultivado bacterias de esta división, y se han encontrado secuencias en cavidades orales de humanos y de animales. Recientemente, los genomas de células individuales para 201 taxones fueron descritos (Rinke et al. 2013). Los autores propusieron el nombre '*Gracilibacteria*' para GN02 y su rol metabólico se relacionaría con el metabolismo de los hidratos de carbono (Camanocha y Dewhirst, 2014).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum presenta un 0,33 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Grande 4,5 %, Agua de Laguna Verde con un 1,81%, y Sedimento del Río Juncalito con un 1,1%.

Lentisphaerae: Este Phylum fue planteado por Cho et al. (2004) utilizando el análisis filogenético basado en el gen 16S rRNA de secuencias de tres organismos cultivados y secuencias de clones ambientales recuperados de hábitats marinos y de agua dulce, digestores anaerobios y heces (Choi et al., 2013).

Miembros de este Phylum son conocidos por la producción de Exopolímeros transparentes (TEP) en sistemas acuáticos marinos. Lo que presenta una gran oportunidad desde el punto de vista del potencial biotecnológico que presenta, ya que los exopolímeros son ampliamente útiles en la industria de alimentos, empleándose como estabilizantes, texturizantes y gelificantes, utilizándose para gelatinas, postres de leches, salsas y almíbar (Sutherland, 2001).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum presenta un 0,43 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar La Azufrera 0,57 % y Sedimento del Salar de La Laguna con un 0,14%,

Dictyoglomi: Este Phylum consiste en un solo género, *Dictyoglomus*. Todos los aislamientos son Gram negativas y termófilas anaeróbicas. La mayoría son

fermentativos usando una variedad de carbohidratos simples, pero algunos aislados pueden crecer en celulosa cristalina y quimiolitotrofia usando monóxido de carbono principal fuente de energía para un cultivo puro.

Ha habido relativamente pocas aplicaciones para las enzimas *Dictyoglomus*. Aunque muchas de sus propiedades cinéticas son excepcionales, han tenido que clonarse y expresarse en cepas de fermentación convencionales como huéspedes, debido al bajo contenido de G:C ha requerido una manipulación genética significativa para su expresión. Algunas de las aplicaciones principales son en blanqueo de pulpa de papel. Las principales aplicaciones han implicado glucosil hidrolasas, pero recientemente se han informado nuevos usos en productos de valor agregado que implican transformaciones de precursores de fármacos (Bergquist y Morgan, 2014).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está presente sólo en 2 muestras, representando un 0,0003% de la abundancia total. Estas muestras corresponden a: Sedimento de la Laguna del Bayo 0,008 %, y Sedimento del Salar de La Laguna con un 0,0023%.

Proteobacteria: Este Phylum generalmente corresponde a uno de los más abundantes en la comunidades microbianas (Spain et al., 2009) tiene su origen taxonómico como el 'Bacterias púrpuras', definidas como cuatro grupos bacterianos (alfa, beta, gamma y delta), que fueron clasificados por la secuencia del gen rRNA (Woese, 1987; Garrity et al. 2005). Constituyéndose con los conocidos grupos de Bacterias Gram-negativas, *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria*, *Deltaproteobacteria* y *Epsilonproteobacteria* (Williams y Kelly, 2013). Este Phylum es uno de las más grandes del dominio bacteria. Incluyen una amplia variedad de patógenos, como *Escherichia*, *Salmonella*, *Vibrio*, *Helicobacter*, *Yersinia* y *Legionellales* (Madigan y Martinko, 2005). Algunos miembros son bacterias responsables de la fijación de nitrógeno (Chen et al., 2003).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum presenta el Phylum con mayor abundancia relativa, un 56,14 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Río Juncalito con un 98,67%. Agua del Salar Pedernales 96,73 % y Sedimentos del Salar Las Azufreras con un 89,34%.

ZB3 (candidate division): Este Phylum está formado por secuencias del gen 16S RNA provenientes desde sedimentos de Zodletone Spring y la interfaz óxica-anóxica del lago hipersalino Mono Lake. No se ha determinado su rol funcional, pero se asocia a la mineralización de bencenos en ambientes ricos en sulfatos (Elshahed et al., 2003).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum está presente sólo en 5 muestras y representa sólo un 0,003 % de la abundancia total. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Suelo de la Laguna El Bayo con un 0,38 % y Agua del Salar Las Azufreras con un 0,1%.

Tg3 (candidate division): Denominado de esta forma por que las secuencias del gen 16S RNA que lo representan provienen de intestinos de termitas (Termite Group 3). Se pueden dividir en dos subphyla. El subfilo 1 se encontró abundantemente en los clones analizados de las termitas *Microcerotermes*, además de varios clones de otros ambientes, como el suelo de arroz y el sedimento de marismas (Hongoh et al., 2005). Subphylum 2 contiene algunos filotipos que se encontraron raramente en *Microcerotermes* spp. y la termita *Macrotermes gilvus* (Hongoh et al., 2006) y que se relacionan con unos pocos clones obtenidos desde muestras de ecosistemas marinos. No se ha obtenido ningún aislado de estos grupos. De hecho, aunque el número de clústeres de nivel de Phylum ha ido aumentando a medida que se acumulan los datos de la secuencia 16S, la mayoría de ellos nunca se han investigado, ni siquiera por su localización y diversidad (Hongoh et al., 2006).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa al 0,023 % de la abundancia total de Phylum. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Las Azufreras con un 0,59% y Sedimento del Salar de la Laguna con un 0,097 %.

Op8 (candidate division): El Phylum OP8 se identificó por primera vez en los sedimentos del Fondo de Obsidiana en el Parque Nacional Yellowstone (Hugenholtz et

al., 1998). Desde entonces, se ha identificado en una amplia gama de hábitats terrestres y marinos (Chouari et al., 2005). Un estudio reciente ha descrito dos ensamblajes de genoma para este Phylum con 38 genomas parciales de células individuales obtenidos desde sedimentos profundos de un lago salobre (Lago Sakinaw, Columbia Británica, Canadá), y se propuesto el nombre de “*Aminicenantes*” para resaltar la alta proporción de genes que codifican para enzimas aminolíticas. Las diversas condiciones ambientales que afectan su abundancia y distribución global en diversos hábitats sugieren que, colectivamente, los miembros de los *Aminicenantes* exhiben un alto nivel de diversidades metabólicas y adaptativas y por lo tanto son capaces de sobrevivir y crecer en una amplia gama de ambientes extremos (Frag et al., 2014).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa al 0,046 % de la abundancia total de Phylum. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Las Azufreras con un 0,93% y Sedimento del La Laguna del Negro Francisco Salobre con un 0,54% de la abundancia total para cada sitio.

Thermotogae: Este Phylum está compuesto por bacterias anaerobias, termófilas y mesófilas que están rodeadas por una envoltura externa similar a una envoltura conocida como "toga". Este Phylum actualmente contiene 10 géneros que albergan 41 especies validadas que son todas parte de una familia única, *Thermotogaceae*, dentro del orden *Thermotogales*. Algunos miembros de este Phylum tienen la capacidad de metabolizar de manera eficiente numerosos sustratos orgánicos y producen biogás, específicamente H₂ como subproducto (Bhandari y Gupta, 2014).

La capacidad de producir H₂, sumado a la termoestabilidad de sus enzimas, los convierte en un punto focal para diferentes aplicaciones biotecnológicas, especialmente para producción de biocombustibles (Xu et al., 2017).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa al 0,098 % de la abundancia total de Phylum. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Agua del Salar Las Azufreras con un 0,025% y Sedimento del La Laguna del Negro Francisco Salada con un 6,71%.

Verrucomicrobia: Este Phylum está caracterizado por que sus miembros están ampliamente distribuidos en suelos y hábitats acuáticos. Las células de algunas especies como *Verrucomicrobium spinosum* y *Prostheco bacter dejongei* poseen extensiones celulares denominadas prosthecae y las células de otras cepas se encuentran en un rango de tamaño de ultramicrobacterias (Hedlund et al., 1997; Janssen et al., 1997).

Recientemente se ha descubierto que algunos miembros de la *Verrucomicrobia* oxidan metano y usan metano como única fuente de carbono y energía, lo que los convierte en los únicos metanótrofos aeróbicos conocidos fuera de las *Proteobacterias*, y los únicos metanótrofos acidofílicos extremos conocidos (Dunfield et al., 2007; Pol et al., 2007; Le et al., 2009).

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa al 1,1 % de la abundancia total de Phylum. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Sedimento de la Laguna Santa Rosa con un 12,41%, Sedimento del Salar La Laguna con un 2,17% y Sedimento del La Laguna del Negro Francisco Salada con un 4,31%.

Op9 (candidate division): Actualmente, Junto a y JS1 (candidate division) se han propuesto dentro de '*Atribacteria*' (candidate division) (Carr et al., 2015). OP9 están distribuidos globalmente, y en algunos casos abundan en sedimentos marinos anaeróbicos, ambientes geotérmicos, digestores y reactores anaerobios y reservorios de petróleo. Sin embargo su fisiología y ecología siguen siendo en gran medida enigmáticas debido a la falta de representantes cultivados. Análisis metagenómicos han permitido identificar características conservadas dentro del Phylum, incluyendo un clúster de genes implicados en el metabolismo del aldehído y el azúcar, la conservación de energía y el almacenamiento de carbono. Su metabolismo probablemente sea anaerobios heterotrófico. Algunos linajes se especializarán en la fermentación primaria de carbohidratos o en la fermentación secundaria de ácidos orgánicos, tales como propionato (Nobu et al., 2016). Este Phylum es común de identificarse en sedimentos anóxicos ricos en metano. Un genoma parcial de células individuales indicó que los miembros del linaje OP9 exhiben estilos de vida fermentativos y sacarolíticos (Dodsworth et al., 2013). Los posibles productos de fermentación pueden a su vez soportar a los microorganismos metanógenos dentro de la comunidad microbiana en el

sedimento (Carr et al., 2015), desempeñando así un papel potencial en el ciclo del carbono en los sedimentos profundos.

En las muestras analizadas en Altoandino este Phylum representa al 0,012 % de la abundancia total de Phylum. Los sitios que reúnen el mayor número de este grupo corresponden a Sedimento del Salar la Laguna con un 0,037% y Sedimento del La Laguna del Negro Francisco Salobre con un 0,33%.

Relaciones Generales entre Potencial de Aplicación y Potencial de Mercado

Considerando el anterior análisis el potencial biotecnológico es bastante amplio. Sólo para destacar, se ha seleccionado tres potenciales aplicaciones presente en las bacterias identificadas en las diferentes muestras de Altoandino, esto considerando el potencial de mercado global.

- i) Enzimas involucradas en la hidrólisis de carbohidratos y lípidos.
- ii) Producción de Biogas (H₂ y Metano).
- iii) Aplicación en el área farmacéutica.

I. Enzimas involucradas en la hidrólisis de carbohidratos, lípidos y proteínas:

Las enzimas involucradas en estos procesos actualmente son las más utilizadas hasta en procesos industriales y en diferentes productos biotecnológicos. Las proteasas extracelulares son importantes para la hidrólisis de proteínas externas cuya función es ayudar a la célula a utilizar los productos de la hidrólisis como nutrientes. Éstas tienen gran importancia en la industria enzimática y constituyen aproximadamente el 40% del mercado total de enzimas (Gupta et al. 2002) y tienen aplicaciones en varias industrias como los detergentes, alimentación, farmacéutica, cuero, seda y diagnóstico (Kumar y Takagi 1999; Sellami-Kamoun et al. 2008).

La demanda de la industria por enzimas proteolíticas es principalmente por aquellas con propiedades específicas y estabilidad a pH altos, temperatura, iones metálicos, surfactantes y solventes orgánicos, lo que estimula la búsqueda de nuevas enzimas. Proteasas con alta actividad y estabilidad en rangos altos de alcalinidad y temperatura son de interés para la bioingeniería y aplicaciones biotecnológicas, siendo la mayor aplicación por parte de la industria de los detergentes, debido a que el pH de los

detergentes es generalmente en el rango de los 9,0-12,0 (Sellami-Kamoun et al. 2008).

Otro tipo de enzimas altamente utilizadas en procesos biotecnológicos son las amilasas. Las amilasas hidrolizan almidón, glicógeno y algunos polisacáridos clivándolos en el enlace interno 1,4-glicosídico (Gupta et al. 2003). Estas enzimas han sido utilizadas como aditivos en detergentes y licuefacción (dilución en solución acuosa a alta temperatura) del almidón (De Souza y De Oliviera 2002).

Otro grupo de enzimas altamente requerida son las lipasas, las cuales constituyen la más amplia clase de enzimas usadas en aplicaciones biotecnológicas y en química orgánica. Las lipasas son utilizadas con aplicaciones biotecnológicas por sus propiedades para hidrolizar a elevados rangos de temperaturas, pH, y en presencia de solventes orgánicos. Sus aplicaciones van desde la desimetrización de mezclas racémicas para la síntesis de químicos finos de la industria farmacéutica (Panda y Gowrishankar, 2005) modificaciones de las propiedades fisiológicas de los triglicéridos de las grasas y aceites y la síntesis de biopolímeros y biodiesel (Jaeger y Eggert 2002).

Otra de las aplicaciones de lipasas incluyen la hidrólisis de la grasa de la leche en la industria láctea, la remoción de impurezas no celulósicas a partir del algodón en rama, antes de futuros procesamientos de productos tinturados o terminados; formulaciones de medicamentos en la industria farmacéutica y en la remoción de grasa subcutánea en la industria de cuero (Haki and Rakshit 2003). En la industria papelera, las lipasas son empleadas para remover el “pitch” (componentes hidrofóbicos de la madera, principalmente triglicéridos y ceras) de la pulpa producida en la fabricación del papel, los que causan graves problemas en la fabricación del papel y pulpa (Sharma et al. 2001).

El mercado mundial de enzimas es relativamente importante, en el año 2008 fue de 5,1 billones de dólares anuales, con una demanda para Norte América de un 46%. Aquí el mercado de las enzimas utilizadas solamente en este sector del mercado (USA) es cercano a los \$2.2 billones de dólares (Freedonia Group 2009). Este mercado tiene aplicaciones en farmacéuticas [29%], biocombustibles [18%], alimento y bebidas [14%], investigación y biotecnología [11%], y otros mercados [28%] (Freedonia Group

2012).

El mercado mundial de enzimas para la industria fue valorado en USD 4,2 Billiones en el año 2014 y se proyecta una tasa de crecimiento anual (CAGR) de 7.0 % desde el año 2015 hasta el año 2020. Actualmente, el fragmento del mercado que domina y que presenta mayores demandas en proyecciones al futuro cercano son las enzimas de uso en comida y bebidas, con un 35 % del volumen del mercado, proyectándose un total de USD 2.0 Billiones para el año 2020 (Markets and Markets 2015).

Los segmentos del mercado pueden dividirse según: i) Aplicación (Alimenticia, cuidado del hogar, Bioenergía, Biotecnología y Farmacéutica, alimento para animales, otros) ii) Fuente (Microorganismos, Animales y Plantas). iii) Tipo (Proteasas, Carbohidrasas, lipasas, Polimerasas y Nucleasas, otras). iv) Geografía (América del Norte, Europa, Asia Pacífico, LAMEA) (Allied Market Research 2015).

Miembros del Phylum *Proteobacteria* son los predilectos a la hora de identificar enzimas con aplicaciones industriales, éste corresponde al más abundante encontrado en todos los sitios de estudio. Sin embargo, algunos Phylum como *Deinococcus-Thermus*, *Nitrospirae*, *Ignavibacteria* y *Thermotogae*, los que están en menor abundancia, presentan el mayor potencial para la identificación de nuevas enzimas de este tipo. Considerando la distribución de estos grupos, los sitios de estudio con mayor potencial para esto serían: Salar de la Azufrera, Laguna del Negro Francisco Salada.

II. Producción de Biogás (H₂ y Metano):

En este análisis se ha identificado 9 Phylum bacterianos asociados a la producción de Biogás. Específicamente H₂ y CH₄. Destacando por su abundancia a los candidatos a Phylum: AC1 (candidate division), OP3 (candidate division), *Tenericutes*, NC10 (candidate división).

Esto es de gran importancia, ya que generalmente estos microorganismos están en baja abundancia en el ambiente y algunos se consideran biósfera rara debido ya que representan las abundancias más bajas. Sin embargo, en algunas muestras de lagunas altiplánicas analizadas en Altoandino se han identificado en abundancias superiores al

0,99 %, que aunque sigue siendo baja esto es prometedor para realizar metodologías de enriquecimientos para utilizarlos como productores de biogás en biodigestores.

El hidrógeno es un portador vital de energía que puede soportar el requisito futuro de energía limpia en todo el mundo. Esto puede apoyar la iniciativa de reducción de emisiones de gases de efecto invernadero y también la dependencia de los combustibles fósiles para la energía (Zion Market Research, 2017).

Además se prevé que el mercado global de H₂ crecerá a un ritmo sólido para alcanzar un valor significativo. El mercado del hidrógeno ha experimentado un crecimiento constante durante la línea de tiempo 2012-2016. Se proyecta que crecerá a una CAGR de valor del 6,1% durante todo el período de evaluación, para alcanzar un valor de mercado de más de 200.000 millones de dólares estadounidenses a finales de 2025 a partir de una valoración del mercado de aproximadamente 130 millones de dólares en 2017 (Persistence Market Research., 2018).

Considerando la distribución de bacterias asociadas a la producción de metano en los sitios de estudio, el mayor potencial para este fin lo representa los sitios de Salar Maricunga, Salar de la Azufrera, Laguna del Bayo (Bay) y Laguna Verde.

III. Aplicación en el área farmacéutica:

El alto porcentaje de secuencias de Phylum bacterianos relacionados a la producción de biocompuestos como los antibióticos representa una oportunidad para la búsqueda de nuevos antibióticos. Esto es prometedor, ya que el mercado global de estos biocompuestos debería alcanzar casi \$ 44.7 billones en el año 2020 desde casi \$ 40.6 billones valorados en el año 2015 a una tasa compuesta de crecimiento anual (CAGR) de 2.0% entre los años 2015 a 2020 (BC Research, 2016).

Además de esto, enzimas del tipo lipasas y esterases son utilizadas en farmacéutica para la síntesis de medicamentos (Panda y Gowrishankar 2005). Estas enzimas en condiciones micro-acuosas catalizan reacciones sintéticas que conducen a la obtención de productos farmacéuticos enantiopuros tales como fármacos antihipertensivos y antiinflamatorios. Varias drogas sintetizadas químicamente como ibuprofeno, ketoprofeno y atenolol se encuentran como mezclas racémicas. Sin embargo, en la

mayoría de los casos, solo uno de los enantiómeros presenta las propiedades terapéuticas, mientras que el otro isómero puede ser inactivo o incluso tóxico. En este contexto, el uso de lipasas para catalizar enantioméricamente la resolución de estos productos farmacéuticos o precursores de fármacos se ha mostrado como una de las aplicaciones más refinadas de altoandinas de la Región de Atacama.

Entre los microorganismos identificados en este estudio, el Phylum *Acidobacterias* y el *Actinobacteria* corresponden a los que presentan el mayor potencial para estos fines, tomando gran relevancia por su potencial los sitios de Salar de Gorbea y Salar Ignorado.

Proyecciones del análisis del potencial biotecnológico

La diversidad microbiana presente en sistemas acuáticos generalmente es desestimada y en muchos casos es completamente desconocida por los evaluadores de impacto ambiental. En los últimos 50 años, científicos de todo el mundo se han realizado múltiples esfuerzos para conocer el rol ecológico que cumplen los microorganismos en los diferentes ambientes de nuestro planeta. Este conocimiento es esencial para la protección y cuidado de los ecosistemas, en pro de reguardar el equilibrio natural en nuestro planeta.

El capturar el interés público y privado por realizar estudios en microbiología muchas veces se torna difícil, principalmente porque es algo que no se ve a simple vista y se requieren de tecnologías especializadas. Sin embargo, los estudios científicos han demostrado que sin la importante participación microbiana ningún sistema funciona, entre ellos incluido el cuerpo humano.

Estudios de microbiología básica han permitido aislar y mantener en cultivo una serie de microorganismos, desde donde se han identificado una serie de moléculas con un alto potencial en la industrial y biotecnológico. Sin embargo, estima que con estas técnicas tan solo se conoce entre el 0.1 al 10 % de las bacterias del medioambiente (Torsvik *et al.* 2002), debido principalmente a que la mayor parte de los microorganismos no pueden ser aislados e identificados con los métodos de cultivo tradicionales (Barer y Harwood 1999), subestimándose la diversidad y riqueza de especies en la comunidad microbiana.

Las técnicas de secuenciación masiva del gen 16S RNA, como la utilizada en el análisis de este proyecto, han revelado que la diversidad microbiana es mucho más amplia de lo que se imaginaba. Estas técnicas permiten acceder a microorganismos no cultivables, la mayoría con metabolitos desconocidos y que además presentan una baja abundancia.

Estas técnicas nos permiten asociar la diversidad microbiana a las funciones que cumplen los microorganismos en el ambiente (Giraffa y Neviani 2001; Torsvik y Ovreas 2002). Esto también permite dimensionar el potencial que tendrían esta diversidad para aplicaciones biotecnológicas. Esto es posible por la cercanía con microorganismos en las bases de datos genómicas, sin embargo se requieren de mayores estudios para demostrar este potencial.

En los últimos años, se ha incrementado la demanda de nuevos productos que permitan solucionar el constante aumento de energía, disminuir las materias primas cada día más difíciles de obtener debido a la explotación indiscriminada de recursos naturales no renovables y mejorar salud y calidad de vida humana. Es entonces aquí donde la diversidad microbiana, tan poco conocida y generalmente poco valorada, toma relevancia y abre una gran expectativa para la biotecnología.

El uso de microorganismos para producir compuestos es altamente atractivo, ya que producen grandes cantidades de metabolitos valiosos y cuya producción vía síntesis química puede ser muy compleja y costosa (Tang y Zhao, 2009). Con ellos se pueden obtener altos rendimientos en la producción de sustancias químicas, ya que tienen una alta relación área/volumen, lo que facilita la adquisición de los nutrientes requeridos para sostener altos niveles de biosíntesis. Además, pueden llevar a cabo una gran variedad de reacciones en diversos ambientes y medios de cultivo, produciendo compuestos de alto valor agregado a partir de materiales biológicos y sin la generación de residuos tóxicos (Demain y Adrio, 2008).

Es por esta razón que el trabajo realizado por los investigadores de la Universidad de Antofagasta en el proyecto Altoandino es de gran relevancia. Ahora se conocen los parámetros físico-químicos de diferentes sistemas acuáticos extremos y la diversidad microbiana asociada. Con eso se ha logrado tener una idea del valor potencial de estos microorganismos para aplicaciones industriales, lo que en caso de explorarse pueden llevar a la generación de herramientas innovadoras aplicadas, lo que impulsaría el desarrollo de la industria biotecnológica nacional, y lo más importante a destacar es que

es valorando la diversidad microbiana de sistemas acuáticos de altura de la región de Atacama.

El siguiente paso para el desarrollo de este potencial es la exploración de la genómica de los ambientes destacados en el capítulo anterior. Para ello, hay varios métodos que permiten el acceso a todo el conjunto de genes de los microorganismos. En este caso se sugiere como siguiente paso el uso herramientas moleculares como lo es el análisis de metagenómica, que es el análisis funcional y de secuencias de los genomas de los microorganismos en una muestra ambiental (Purohit y Singh, 2009; Culligan et al., 2014). Esta técnica permite establecer los metabolismos asociados a estas comunidades, y específicamente cuales son los genes involucrados en la producción de algún producto de interés biotecnológico. Para ello, el ADN de las muestras de interés se debe utilizar para constituir una biblioteca genómica o genoteca, la que es su vez secuenciada para posteriormente en ella buscar genes específicos, los que pueden ser clonados en vectores que son expresados en un microorganismo de uso cotidiano en laboratorio (Stewart, 2012). De esta forma, no hay necesidad de realizar esfuerzos de cultivo y se pueden generar productos nuevos posteriormente generando mejoras en las estructuras de estos genes (Demain y Adrio, 2008).

Considerando la fragilidad de los ecosistemas estudiados, se hace imperativo el rescate del valor genómico presente en estos ecosistemas. El desarrollo y financiamiento de nuevas iniciativas multidisciplinarias que desarrollen este potencial biotecnológico contribuirían en esto.

Bibliografía

Abed, R. , Dobretsov, S. and Sudesh, K. 2009. Applications of cyanobacteria in biotechnology. *Journal of Applied Microbiology*, 106: 1-12.

Antranikian, G. & Giffhorn, F., 1987. Citrate metabolism in anaerobic bacteria. *FEMS Microbiology Letters*, 46(2), pp.175–198.

Antranikian, G., Vorgias, C.E. and Bertoldo, C., 2005. Extreme environments as a resource for microorganisms and novel biocatalysts. *Advances in Biochemical Engineering/Biotechnology*, 96, pp.219–262.

- Albertsen M, Hugenholtz P, Skarshewski A, Nielsen KL, Tyson GW, Nielsen PH. 2013. Genome sequences of rare, uncultured bacteria obtained by differential coverage binning of multiple metagenomes. *Nat Biotechnol.* 31(6):533-8.
- Asao M, Madigan MT. 2010. Taxonomy, phylogeny, and ecology of the heliobacteria. *Photosynth Res.* m104(2-3):103-11.
- Atlas, R. M. 1997. *Principles of Microbiology*. New York: WCBMcGraw-Hill.
- Barer MR, Harwood CR. 1999. Bacterial viability and culturability. *Adv Microb Physiol.* 41:93-137.
- Battista JR. Against all odds, 1997: the survival strategies of *Deinococcus radiodurans*. *Annu Rev Microbiol.* 51:203-24.
- Becraft, E. D., Dodsworth, J. A., Murugapiran, S. K., Thomas, S. C., Ohlsson, J. I., Stepanauskas, R., ... Swingley, W. D. 2017. Genomic Comparison of Two Family-Level Groups of the Uncultivated NAG1 Archaeal Lineage from Chemically and Geographically Disparate Hot Springs. *Frontiers in Microbiology*, 8, 2082.
- Bèrdi J. 1989. The discovery of new bioactive microbial metabolites: screening and identification. In: Bushell ME, Grafe U, editors. *Bioactive microbial metabolites, progress in industrial microbiology*. Vol. 27. Amsterdam, Netherlands: Elsevier. p. 3-25.
- Bertus van den Burg, 2003: Extremophiles as a source for novel enzymes. *Current opinion in Microbiology* 6: 213-218.
- Bergquist, P. L., & Morgan, H. W. 2014. The phylum dictyoglomi. In E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt, & F. Thompson (Eds.), *The Prokaryotes: Other Major Lineages of Bacteria and The Archaea* (4th ed., pp. 627-636). Heidelberg, Germany: Springer, Springer Nature.
- Bhandari V, Gupta RS. 2014. Molecular signatures for the phylum (class) Thermotogae and a proposal for its division into three orders (Thermotogales, Kosmotogales ord. nov. and Petrotogales ord. nov.) containing four families (Thermotogaceae, Fervidobacteriaceae fam. nov., Kosmotogaceae fam. nov. and Petrotogaceae fam. nov.)

and a new genus *Pseudothermotoga* gen. nov. with five new combinations. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 105(1):143-68.

Bhadury, P. and Wright, P.C. 2004. Exploitation of marine algae: biogenic compounds for potential antifouling applications. *Planta* 219, 561–578.

Bond PL, Hugenholtz P, Keller J, Blackall LL.. 1995. Bacterial community structures of phosphate-removing and non-phosphate-removing activated sludges from sequencing batch reactor. *Appl Environ Microbiol* 61: 1910-1916.

Brim H, McFarlan SC, Fredrickson JK, Minton KW, Zhai M, Wackett LP, Daly MJ. 2000. Engineering *Deinococcus radiodurans* for metal remediation in radioactive mixed waste environments. *Nat Biotechnol*. 18(1):85-90.

Camanocha A, Dewhirst FE. 2014. Host-associated bacterial taxa from Chlorobi, Chloroflexi, GN02, Synergistetes, SR1, TM7, and WPS-2 Phyla/candidate divisions. *J Oral Microbiol*. 8:6.

Carr, S. A., Orcutt, B. N., Mandernack, K. W., and Spear, J. R. 2015. Abundant Atribacteria in deep marine sediment from the Adélie Basin, Antarctica. *Frontiers in Microbiology*, 6, 872.

Cavicchioli, R., 2002. Extremophiles and the search for extraterrestrial life. *Astrobiology*, 2(3), pp.281–292.

Cowan, D.A. and Fernandez-Lafuente, R., 2011. Enhancing the functional properties of thermophilic enzymes by chemical modification and immobilization. *Enzyme and Microbial Technology*, 49(4), pp.326–346.

Cuecas A, Portillo M.C, Kanoksilapatham W., Gonzalez J.M. 2014. Bacterial Distribution Along a 50 °C Temperature Gradient Reveals a Parceled Out Hot Spring Environment. *Microbial Ecology*, Vol 68, Issue 4 pp 729–739.

Cummings JH. 1981. Short chain fatty acids in the human colon. *Gut*. 22(9):763-79.

Currie, D., Guss, A. M., Herring, C., Giannone, R. J., Johnson, C. M., Lankford, P. K., ... Lynd, L. R. 2014. Profile of secreted hydrolases, associated proteins, and SlpA in

Thermoanaerobacterium saccharolyticum during the degradation of hemicellulose. *Applied and Environmental Microbiology*, 80(16), 5001–5011.

Chen, Bo-Yuan & Wang, Han-Tsung. 2008. Utility of enzymes from *Fibrobacter succinogenes* and *Prevotella ruminicola* as detergent additives. *Journal of industrial microbiology & biotechnology*. 35. 923.

Chivian D., Brodie E., Alm E., Culley D., Dehal P., DeSantis T., et al. 2008. Environmental genomics reveals a single-species ecosystem deep within Earth. *Science* 322, 275–278.

Chen WM, Moulin L, Bontemps C, Vandamme P, Béna G, Boivin-Masson C. 2003. Legume symbiotic nitrogen fixation by beta-proteobacteria is widespread in nature. *J Bacteriol*. 185(24):7266-72.

Cho, J.-C., Vergin, K. L., Morris, R. M. & Giovannoni, S. J. 2004. *Lentisphaera araneosa* gen. nov., sp. nov, a transparent exopolymer producing marine bacterium, and the description of a novel bacterial phylum, *Lentisphaerae*. *Environ Microbiol* 6, 611–621.

Choi, A., Yang, S. J., Rhee, K. H. & Cho, J.-C. 2013. *Lentisphaera marina* sp. nov., and emended description of the genus *Lentisphaera*. *Int J Syst Evol Microbiol* 63, 1540–1544.

Chouari, R., Le Paslier, D., Dauga, C., Daegelen, P., Weissenbach, J., and Sghir, A. 2005. Novel Major Bacterial Candidate Division within a Municipal Anaerobic Sludge Digester. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(4), 2145–2153.

Culligan, E. P., Sleator, R. D., Marchesi, J. R., and Hill, C. 2014. Metagenomics and novel gene discovery: Promise and potential for novel therapeutics. *Virulence*, 5(3), 399–412.

Daffonchio D., Borin S., Brusa T., Brusetti L., van der Wielen P. W. J. J., Bolhuis H., et al. 2006. Stratified prokaryote network in the oxic–anoxic transition of a deep-sea halocline. *Nature* 440 203–207.

Dahms H. U., Xu Y., Pfeiffer C. 2006. Antifouling potential of cyanobacteria: a mini-review. *Biofouling* 22 317–327.

- Darling AE, Jospin G, Lowe E, Matsen FA, Bik HM, Eisen JA. 2014. Phyllosift: phylogenetic analysis of genomes and metagenomes. *PeerJ* 2:e243.
- DeAngelis K. M., Brodie E. L., DeSantis T. Z., Andersen G. L., Lindow S. E., Firestone M. K. 2009. Selective progressive response of soil microbial community to wild oat roots. *ISME J.* 3 168–178.
- De Mandal, S., Chatterjee, R., and Kumar, N. S. 2017. Dominant bacterial phyla in caves and their predicted functional roles in C and N cycle. *BMC Microbiology*, 17, 90.
- De Souza, P. M., y de Oliveira Magalhães, P. 2010. Application of microbial α -amylase in industry. *Brazilian Journal of Microbiology*, 41(4), 850–861.
- Demain AL, Adrio JL. 2008. Contributions of microorganisms to industrial biology. *Mol Biotechnol.*38(1):41-55.
- Derakshani, M., Lukow, T., and Liesack, W. 2001. Novel Bacterial Lineages at the (Sub)Division Level as Detected by Signature Nucleotide-Targeted Recovery of 16S rRNA Genes from Bulk Soil and Rice Roots of Flooded Rice Microcosms. *Applied and Environmental Microbiology*, 67(2), 623–631.
- Di Rienzi SC, Sharon I, Wrighton KC, Koren O, Hug LA, Thomas BC, Goodrich JK, Bell JT, Spector TD, Banfield JF, Ley RE. 2013. The human gut and groundwater harbor non-photosynthetic bacteria belonging to a new candidate phylum sibling to Cyanobacteria. *Elife.*1;2:e01102.
- Dodsworth JA, Blainey PC, Murugapiran SK, Swingley WD, Ross CA, Tringe SG, Chain PS, Scholz MB, Lo CC, Raymond J, Quake SR, Hedlund BP. 2013. Single-cell and metagenomic analyses indicate a fermentative and saccharolytic lifestyle for members of the OP9 lineage. *Nat Commun.* 4:1854.
- Dojka, M. A., Hugenholtz, P., Haack, S. K., and Pace, N. R. 1998. Microbial Diversity in a Hydrocarbon- and Chlorinated-Solvent-Contaminated Aquifer Undergoing Intrinsic Bioremediation. *Applied and Environmental Microbiology*, 64(10), 3869–3877.
- Dojka, Michael A Harris, J Kirk Pace, Norman R. 2000. Expanding the Known Diversity and Environmental Distribution of an Uncultured Phylogenetic Division of Bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 66, 4, 1617-1621.

Dunfield PF, Yuryev A, Senin P, Smirnova AV, Stott MB, Hou S, Ly B, Saw JH, Zhou Z, Ren Y, Wang J, Mountain BW, Crowe MA, Weatherby TM, Bodelier PL, Liesack W, Feng L, Wang L, Alam M. 2007. Methane oxidation by an extremely acidophilic bacterium of the phylum Verrucomicrobia. *Nature*. 6 ;450 (7171) : 879-82.

Durbin, A. M. and Teske, A. 2011. Microbial diversity and stratification of South Pacific abyssal marine sediments. *Environmental Microbiology*, 13: 3219-3234.

Elshahed, M. S., Senko, J. M., Najar, F. Z., Kenton, S. M., Roe, B. A., Dewers, T. A., Krumholz, L. R. 2003. Bacterial Diversity and Sulfur Cycling in a Mesophilic Sulfide-Rich Spring. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(9), 5609–5621.

Escudero LV, Casamayor EO, Chong G, Pedrós-Alió C, Demergasso C. 2013. Distribution of microbial arsenic reduction, oxidation and extrusion genes along a wide range of environmental arsenic concentrations. *PLoS One* 8:e78890.

Farag IF, Davis JP, Youssef NH, Elshahed MS. 2014. Global patterns of abundance, diversity and community structure of the Aminicenantes (candidate phylum OP8). *PLoS One*. 17;9(3):e92139.

Farag M., Al-Mahdy D., Meyer A., Westphal H., and Wessjohann L. 2017. Metabolomics reveals biotic and abiotic elicitor effects on the soft coral *Sarcophyton ehrenbergi* terpenoid content. *Scientific Reports* volume 7, Article number: 648.

Feazel LM, Baumgartner LK, Peterson KL, Frank DN, Harris JK, Pace NR. 2009. Opportunistic pathogens enriched in showerhead biofilms. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 106:16393–16399.

Fierer N., Bradford M. A., Jackson R. B. 2007. Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology* 88 1354–1364.

Galperin MY. 2013. Genome Diversity of Spore-Forming Firmicutes. *Microbiol Spectr*. 1(2).

Garrity G.M., Holt H.G., Spieck E., Bock E., Johnson B.D., Spring S., Schleifer K-H., Maki J.S. 2001. Phylum BVIII. Nitrospirae *phy. nov.*. In: Boone D.R., Castenholz R.W., Garrity G.M. (eds) *Bergey's Manual® of Systematic Bacteriology*. Springer, New York, NY.

Garrity, G. M., Bell, J. A. & Lilburn, T. 2005. Order XIV. Pasteurellales ord. nov. In

Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, 2nd edn, vol. 2 (The Proteobacteria), part B (The Gammaproteobacteria), p. 850. Edited by D. J. Brenner, N. R. Krieg, J. T. Staley & G. M. Garrity. New York: Springer.

Gerwick, W.H., Roberts, M.A., Proteau, P.J. et al. 1994. Screening cultured marine microalgae for anticancer-type activity. *Appl Phycol* 6: 143.

Giraffa G. and Neviani E. 2001. DNA-based, culture-independent strategies for evaluating microbial communities in food-associated ecosystems. *International Journal of Food Microbiology* 67: 19-34.

Goodfellow M., Williams S. T. (1983). Ecology of actinomycetes. *Annu. Rev. Microbiol.* 37 189–216. 10.1146/annurev.mi.37.100183.001201.

Glöckner J, Kube M, Shrestha PM, Weber M, Glöckner FO, Reinhardt R, Liesack W. 2010. Phylogenetic diversity and metagenomics of candidate division OP3. *Environ Microbiol.* 12(5):1218-29.

Gremion F., Chatzinotas A., Harms H. 2003. Comparative 16S rDNA and 16S rRNA sequence analysis indicates that Actinobacteria might be a dominant part of the metabolically active bacteria in heavy metal-contaminated bulk and rhizosphere soil. *Environ. Microbiol.* 5 896–907.

Groboillot, et al., 1994. Immobilization of cells for application in the food industry. *Critical reviews in biotechnology*, 14(2), pp.75–107.

Gupta R, Beg QK, Lorenz P. 2002. Bacterial alkaline proteases: molecular approaches and industrial applications. *Appl Microbiol Biotechnol.* 59(1):15-32.

Gupta R., Mahmood S., Adeolu M. 2013. A phylogenomic and molecular signature based approach for characterization of the phylum Spirochaetes and its major clades: proposal for a taxonomic revision of the phylum. *Frontiers in Microbiology* 4:1-18.

Gupta RS, Sethi M. 2014. Phylogeny and molecular signatures for the phylum Fusobacteria and its distinct subclades. *Anaerobe.* 28:182-98.

Hanada, Satoshi and Sekiguchi, Yuji. 2014. The Phylum Gemmatimonadetes. The Prokaryotes: Other Major Lineages of Bacteria and The Archaea. 677-681.

Haki GD, Rakshit SK. 2003. Developments in industrially important thermostable enzymes. *Bioresour Technol.* 89(1):17-34.

He, Z., Cai, C., Wang, J., Xu, X., Zheng, P., Jetten, M. S. M., and Hu, B. 2016. A novel denitrifying methanotroph of the NC10 phylum and its microcolony. *Scientific Reports*, 6, 32241.

Hedlund BP, Gosink JJ, Staley JT. 1997. Verrucomicrobia div. nov., a new division of the bacteria containing three new species of Prostheco bacter.. *Antonie Van Leeuwenhoek.*72(1):29-38.

Henne K, Kahlisch L, Brettar I, Höfle MG. 2012. Analysis of structure and composition of bacterial core communities in mature drinking water biofilms and bulk water of a citywide network in Germany. *Appl Environ Microbiol.* 78:3530–3538.

Heggeset TM, Krog A, Balzer S, Wentzel A, Ellingsen TE, Brautaset T. Genome sequence of thermotolerant *Bacillus methanolicus*: features and regulation related to methylotrophy and production of L-lysine and L-glutamate from methanol. *Appl Environ Microbiol.* 2012 Aug;78(15):5170-81.

Hongoh, Y., P. Deevong, T. Inoue, S. Moriya, S. Trakulnaleamsai, M. Ohkuma, C. Vongkaluang, N. Noparatnaraporn, and T. Kudo. 2005. Intra and interspecific comparisons of bacterial diversity and community structure support coevolution of gut microbiota and termite host. *Appl. Environ. Microbiol.* 71:6590-6599.

Hongoh Y, Deevong P, Hattori S, Inoue T, Noda S, Noparatnaraporn N, Kudo T, Ohkuma M. 2006. Phylogenetic diversity, localization, and cell morphologies of members of the candidate phylum TG3 and a subphylum in the phylum Fibrobacteres, recently discovered bacterial groups dominant in termite guts. *Appl Environ Microbiol.* 72(10):6780-8.

Huber R, Stetter KO. 2001. Discovery of hyperthermophilic microorganisms. *Methods Enzymol.* 330:11-24.

Hugenholtz P, Goebel BM, Pace NR. 1998. Impact of culture-independent studies on the emerging phylogenetic view of bacterial diversity. *J Bacteriol.* 180(18):4765-74. Review. Erratum in: *J Bacteriol* 1998 Dec;180(24):6793.

Hugenholtz, P., Pitulle, C., Hershberger, K. L., & Pace, N. R. (1998). Novel Division Level Bacterial Diversity in a Yellowstone Hot Spring. *Journal of Bacteriology*, 180(2), 366–376.

Hugenholtz P, Tyson GW, Webb RI, Wagner AM, Blackall LL. 2001. Investigation of candidate division TM7, a recently recognized major lineage of the domain Bacteria with no known pure-culture representatives. *Appl Environ Microbiol*. 67(1):411-9.

Jaenicke R. 1991. Protein stability and molecular adaptation to extreme conditions. *Eur. J. Biochem*. 202: 715–728.

Jaeger KE, Eggert T. Lipases for biotechnology. 2002. *Curr Opin Biotechnol*. 13(4):390-7.

Janssen, P.H. 2006. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. *Appl. Environ. Microbiol*. 72, 1719–1728.

Jaki B., Orjala J., Heilmann J., Linden A., Vogler, B., Sticher O. 2000. Novel extracellular diterpenoids with biological activity from the cyanobacterium *Nostoc commune* J. *Nat. Prod.*, 63 pp. 339-343.

Janssen PH, Schuhmann A, Moerschel E, Rainey FA. 1997. Novel anaerobic ultramicrobacteria belonging to the *Verrucomicrobiales* lineage of bacterial descent isolated by dilution culture from anoxic rice paddy soil. *Applied and Environmental Microbiology*. 63:1382–1388

Jeske O., Jogler M., Petersen J., Sikorski J., Jogler C. 2013. From genome mining to phenotypic microarrays: planctomycetes as source for novel bioactive molecules. *Antonie Van Leeuwenhoek* 104 551–567.

Jeske, O., Surup, F., Ketteniß, M., Rast, P., Förster, B., Jogler, M., ... Jogler, C. 2016. Developing Techniques for the Utilization of Planctomycetes As Producers of Bioactive Molecules. *Frontiers in Microbiology*, 7, 1242.

Jewell, J. and Russell, R. 2013. Amino acid signalling upstream of mTOR. *Guan Nat. Rev. Mol. Cell Biol.*, 14, pp. 133-139.

Johnson, E. L., Heaver, S. L., Walters, W. A., & Ley, R. E. 2017. Microbiome and metabolic disease: revisiting the bacterial phylum Bacteroidetes. *Journal of Molecular Medicine (Berlin, Germany)*, 95(1), 1–8.

Lino, Takao. 2014. The Family Ignavibacteriaceae. The Prokaryotes: Other Major Lineages of Bacteria and The Archaea. 701-703.

Ngugi DK, Blom J, Alam I, Rashid M, Ba-Alawi W, Zhang G *et al.* (2015). *Comparative genomics reveals adaptations of a halotolerant thaumarchaeon in the interfaces of brine pools in the Red Sea. ISME J* 9: 396–411.

Kantor PF, Loughheed J, Dancea A, McGillion M, Barbosa N, Chan C, Dillenburg R, Atallah J, Buchholz H, Chant-Gambacort C, Conway J, Gardin L, George K, Greenway S, Human DG, Jeewa A, Price JF, Ross RD, Roche SL, Ryerson L, Soni R, Wilson J, Wong K; Children's Heart Failure Study Group. 2013. Presentation, diagnosis, and medical management of heart failure in children: Canadian Cardiovascular Society guidelines. *Can J Cardiol.* 29(12):1535-52.

Kielak, A. M., Barreto, C. C., Kowalchuk, G. A., van Veen, J. A., & Kuramae, E. E. 2016. The Ecology of *Acidobacteria*: Moving beyond Genes and Genomes. *Frontiers in Microbiology*, 7, 744.

Kajiyama S, Kanazaki H, Kawazu K and Kobayashi A. 1998 Nostifungicide, an antifungal lipopeptide from the field grown terrestrial blue-green *alga*, *Nostoc commune*. *Tetrahedron lett.*, 39; 37-40.

Karlin S, Mrazek J. 2001. Predicted highly expressed and putative alien genes of *Deinococcus radiodurans* and implications for resistance to ionizing radiation damage. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2001 Apr 24;98(9):5240-5.

Kindaichi T, Yamaoka S, Uehara R, Ozaki N, Ohashi A, Albertsen M, Nielsen PH, Nielsen JL. 2016. Phylogenetic diversity and ecophysiology of Candidate phylum Saccharibacteria in activated sludge. *FEMS Microbiol Ecol.* 2016 Jun;92(6):fiw078.

Köpke M, Held C, Hujer S, Liesegang H, Wiezer A, Wollherr A, Ehrenreich A, Liebl W, Gottschalk G, Dürre P. 2010. *Clostridium ljungdahlii* represents a microbial production platform based on syngas. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 20;107(29):13087-92.

Kumar CG, Takagi H. 1999. Microbial alkaline proteases: from a bioindustrial viewpoint. *Biotechnol Adv.* 15;17(7):561-94.

Kumar, Lokendra. Awasthi, G.S.B., 2011. Extremophiles: A Novel Source of Industrially Important Enzymes. 121-135.pdf. *Biotechnology*, 10(2), pp.121–135.

Kuske C. R., Ticknor L. O., Miller M. E., Dunbar J. M., Davis J. A., Barns S. M., et al. 2002. Comparison of soil bacterial communities in rhizospheres of three plant species and the interspaces in an arid grassland. *Appl. Environ. Microbiol.* 68 1854–1863.

- Koehn, F. E.; Longley, R. E. and Reed, J. K. 1992. Microcolins A and B, new immunosuppressive peptide from the blue-green alga *Lyngbya majuscula*. *Journal of Natural Products*, 55, 613-619.
- Lee KC, Webb RI, Janssen PH, Sangwan P, Romeo T, Staley JT, Fuerst JA. 2009. Phylum Verrucomicrobia representatives share a compartmentalized cell plan with members of bacterial phylum Planctomycetes. *BMC Microbiol.* 8;9:5.
- Lee, P.T., Lin, H.W., Chang, Y.H., Fu, T.F., Dubnau, J., Hirsh, J., Lee, T., Chiang, A.S. 2011. Serotonin-mushroom body circuit modulating the formation of anesthesia-resistant memory in *Drosophila*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 108(33): 13794-13799.
- Lem NW, Glick BR. Biotechnological uses of cyanobacteria. *Biotechnol Adv.* 1985;3(2):195-208.
- Lechevalier, H. A. & Lechevalier, M. P. 1967. Biology of actinomycetes. *Annu Rev Microbiol* 21, 71–100.
- Ley RE, Turnbaugh PJ, Klein S, Gordon JI. 2006. Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity. *Nature.* 21;444(7122):1022-3.
- Li Z., Xu J., Tang C., Wu J., Muhammad A., Wang H. 2006. Application of 16S rDNA-PCR amplification and DGGE fingerprinting for detection of shift in microbial community diversity in Cu-Zn-, and Cd-contaminated paddy soils. *Chemosphere*, 62 (2006), pp. 1374-1380
- Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., ... 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. 2009. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 25(16), 2078–2079.
- Lin A, Bik EM, Costello EK, Dethlefsen L, Haque R, Relman DA, Singh U. 2013. Distinct distal gut microbiome diversity and composition in healthy children from Bangladesh and the United States. *PLoS One.* 8(1):e53838.
- Liu H, Qin S, Wang Y Li W, Zhang J. 2008. Insecticidal action of Quinomycin A from *Streptomyces* sp KN-0647, isolated from a forest soil. *World JMicrobiol Biotechnol* 24: 2243-2248.
- Lyautey, E., Lacoste, B., Ten-Hage, L., Rols, J.L., Garabetian, F., 2005. Analysis of bacterial diversity in river biofilms using 16S rDNA PCR-DGGE: methodological settings and fingerprints interpretation. *Water Res.* 39, 380– 388.
- Madigan M; Martinko J (editors). 2005. *Brock Biology of Microorganisms* (11th ed.

edición). Prentice Hall.

Masters, C. I., Murray, R. G.E., Moseley, B. E. B. & Minton, K. W. 1991. DNA polymorphisms in new isolates of 'Deinococcrts radiopugnans'. *J Gen hlicrobiol* 137, 1459-1469.

Marchandin H, Damay A, Roudière L, Teyssier C, Zorgniotti I, Dechaud H, Jean-Pierre H, Jumas-Bilak E. 2010. Phylogeny, diversity and host specialization in the phylum Synergistetes with emphasis on strains and clones of human origin. *Res Microbiol.* 161(2):91-100.

Minton KW. 1994. DNA repair in the extremely radioresistant bacterium *Deinococcus radiodurans*. *Mol Microbiol.* 13(1):9-15.

Murray. L. 1992. The impact of postnatal depression on infant development. *Journal of Child Psychology and Psychiatry*, 33, 543-561.

Narasingarao P, Häggblom MM. 2007. *Pelobacter seleniigenes* sp. nov., a selenate-respiring bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol.* 57(Pt 9):1937-42.

Narihiro T, Nobu MK, Kim NK, Kamagata Y, Liu WT. 2014. The nexus of syntrophy-associated microbiota in anaerobic digestion revealed by long-term enrichment and community survey Environ Microbiol-pub ahead of print 4 September 2014.

Niehaus, F. et al., 1999. Extremophiles as a source of novel enzymes for industrial application. *microbiology and biotechnology*, 51(6), pp.711–729.

Nobu, M. K., Narihiro, T., Kuroda, K., Mei, R., and Liu, W.-T. 2016. Chasing the elusive Euryarchaeota class WSA2: genomes reveal a uniquely fastidious methyl-reducing methanogen. *The ISME Journal*, 10(10), 2478–2487.

Nold SC, Ward DM. Diverse *Thermus* species inhabit a single hot spring microbial mat. *Syst Appl Microbiol.* 1995;18:274–278.

Panda T, Gowrishankar BS. 2005. Production and applications of esterases. *Appl Microbiol Biotechnol.* 67(2):160-9.

Patterson, G.M.L., Larsen, L.K. & Moore, R.E. J. 1994. Bioactive natural products from blue-green algae. *Appl Phycol* 6: 151.

Papendorf O, König GM, Wright AD. 1998: Hirridin B and 2,4-dimethoxy-6-heptadecylphenol, secondary metabolites from the cyanobacterium *Phormidium ectocarpi* with antiplasmodial activity. *Phytochemistry* 49: 2383–2386.

Papke, U.; Gross, E. M. and Francke, W. 1997. Isolation, identification and determination of the absolute configuration of fischerellin B. A new algicide from the fresh water cyanobacterium *Fischerella muscicola* (Thuret). *Tetrahedron Lett*, 38, 379-382.

Peng, X., Qiao, W., Mi, S., Jia, X., Su, H., & Han, Y. 2015. Characterization of hemicellulase and cellulase from the extremely thermophilic bacterium *Caldicellulosiruptor owensensis* and their potential application for bioconversion of lignocellulosic biomass without pretreatment. *Biotechnology for Biofuels*, 8, 131.

Pereira LB, Vicentini R, Ottoboni LMM. 2014. Changes in the Bacterial Community of Soil from a Neutral Mine Drainage Channel. *PLOS ONE* 9(5): e96605.

Podosokorskaya OA, Kadnikov VV, Gavrilov SN, Mardanov AV, Merkel AY, Karnachuk OV et al. 2013. Characterization of *Melioribacter roseus* gen. nov., sp nov., a novel facultatively anaerobic thermophilic cellulolytic bacterium from the class *Ignavibacteria*, and a proposal of a novel bacterial phylum *Ignavibacteriae*. *Environ Microbiol* 15: 1759–1771.

Pol A, Heijmans K, Harhangi HR, Tedesco D, Jetten MS, Op den Camp HJ. 2007. Methanotrophy below pH 1 by a new Verrucomicrobia species. *Nature*. 6;450(7171):874-8.

Purohit M.K. and Singh SP. 2009. Assessment of various methods for extraction of metagenomic DNA from saline habitats of coastal Gujarat (India) to explore molecular diversity. *Lett Appl Microbiol*. 49:338–44.

Qin, J., Li, R., Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K. S., Manichanh, C., ... Wang, J. 2010. A human gut microbial gene catalog established by metagenomic sequencing. *Nature*, 464(7285), 59–65.

Ransom, J.I., 2012. Detection probability in aerial surveys of feral horses. *J. Wildlife Manage*. 76, 299–307.

Riviere D, Desvignes V, Pelletier E, Chaussonnerie S, Guermazi S, Weissenbach J, et al. 2009. Towards the definition of a core of microorganisms involved in anaerobic digestion of sludge. *ISME J*. 3:700–714.

- Rheims, H., Sproer, C., Rainey, F. A., Stackebrandt, E. 1996. Molecular biological evidence for the occurrence of uncultured members of the actinomycete line of descent in different environments and geographical locations. *Microbiology* 142,2863-2870.
- Rinke C., Schwientek P., Sczyrba A., Ivanova N. N., Anderson I. J., Cheng J.-F., et al. 2013. Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter. *Nature* 499 431–437.
- Rivière D, Desvignes V, Pelletier E, Chaussonnerie S, Guermazi S, Weissenbach J, Li T, Camacho P, Sghir A. 2009. Towards the definition of a core of microorganisms involved in anaerobic digestion of sludge. *ISME J.* 3(6):700-14.
- Rowland AS, Gorman SA, Thoma RJ, Annett RA, McGrew CA, Yeo RA, Mayer AR, King JH, Campbell RA. Rowland et al. 2018. Respond. *Am J Public Health.* 108(7):e12-e13.
- Ryan, K.J. and Ray, C.G. (Eds). 2004. Sherris medical microbiology. 4th Edition, McGraw Hill, 551-552.
- Sampaio DS, Almeida JRB, de Jesus HE, Rosado AS, Seldin L, Jurelevicius D. 2017. Distribution of Anaerobic Hydrocarbon-Degrading Bacteria in Soils from King George Island, Maritime Antarctica. *Microb Ecol.* 74(4):810-820.
- Satyanarayana, B., 2005. Ecobiology and remote sensing based study of Coringa mangroves in the Godavari delta, East coast of India. Ph.D. thesis, Andhra University, Waltair, India.
- Sellami-Kamoun A, Haddar A, Ali Nel-H, Ghorbel-Frikha B, Kanoun S, Nasri M. 2008. Stability of thermostable alkaline protease from *Bacillus licheniformis* RP1 in commercial solid laundry detergent formulations. *Microbiol Res.* 163(3):299-306.
- Sutherland I. 2001. Biofilm exopolysaccharides: a strong and sticky framework. *Microbiology.* 147(Pt 1):3-9.
- Skenneron, C. T., Haroon, M. F., Briegel, A., Shi, J., Jensen, G. J., Tyson, G. W., & Orphan, V. J. 2016. Phylogenomic analysis of *Candidatus* “Izimaplasma” species: free-living representatives from a *Tenericutes* clade found in methane seeps. *The ISME Journal*, 10(11), 2679–2692.
- Schirmermeister, B. E., Gugger, M., and Donoghue, P. C. J. 2015. Cyanobacteria and the Great Oxidation Event: evidence from genes and fossils. *Palaeontology*, 58(5), 769–785.
- Sharma R, Chisti Y, Banerjee UC. 2001. Production, purification, characterization, and applications of lipases. *Biotechnol Adv.* 19(8):627-62.

- Smith, E., Carr, J., Wages, M., Wang, J., Murali, S., and Kendall, R. 2012. Response of larval frogs to Corexit 9500. *Toxicological and Environmental Chemistry* 94 (6), 1199-1210.
- Stanton C, Ross RP, Fitzgerald GF, Van Sinderen D. 2005. Fermented functional foods based on probiotics and their biogenic metabolites. *Curr Opin Biotechnol.* 16(2):198-203.
- Shih PM, Wu D, Latifi A, Axen SD, Fewer DP, Talla E, Calteau A, Cai F, Tandeau de Marsac N, Rippka R, Herdman M, Sivonen K, Coursin T, Laurent T, Goodwin L, Nolan M, Davenport KW, Han CS, Rubin EM, Eisen JA, Woyke T, Gugger M, Kerfeld CA. 2013. Improving the coverage of the cyanobacterial phylum using diversity-driven genome sequencing. *Proc Natl Acad Sci USA.* 15;110(3):1053-8.
- Soo, R. M., Woodcroft, B. J., Parks, D. H., Tyson, G. W., & Hugenholtz, P. 2015. Back from the dead; the curious tale of the predatory cyanobacterium *Vampirovibrio chlorellavorus*. *PeerJ*, 3, e968.
- Spieck E, Bock E. 2005. The lithoautotrophic nitrite-oxidizing bacteria. In: Brenner DJ, Krieg NR, Staley JT, Garrity GM (eds), *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*. Springer-Verlag: New York, NY, USA, pp 149–153.
- Spain AM, Krumholz LR, Elshahed MS. 2009. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. *ISME J.* 3(8):992-1000.
- Sørensen KB, Canfield DE, Teske AP & Oren A. 2005. Community composition of a hypersaline endoevaporitic microbial mat. *Appl Environ Microb* 71: 7352–7365
- Stewart EJ. 2012. Growing unculturable bacteria. *J Bacteriol.* 194(16):4151-60.
- Sydlik U, Gallitz I, Albrecht C, Abel J, Krutmann J, Unfried K. 2009. *Am J Respir Crit Care Med.* 180(1):29-35.
- Tang, W. L. and Zhao, H. 2009. Industrial biotechnology: Tools and applications. *Journal Biotechnology.* 4(12): 1725–1739.
- Tang YY, Lu Q, Geng X, Stein EA, Yang Y, Posner MI. 2010. Short-term meditation induces white matter changes in the anterior cingulate. *Proc Natl Acad Sci USA.* 31;107(35):15649-52.
- Takaichi S., Maoka T., Takasaki K., Hanada S. 2010. Carotenoids of *Gemmatimonas aurantiaca* (Gemmatimonadetes): identification of a novel carotenoid, deoxyoscillol 2-rhamnoside, and proposed biosynthetic pathway of oscillol 2,2'-dirhamnoside. *Microbiology* 156, 757–763.

- Torsvik V, Øvreås L, Thingstad TF. 2002. Prokaryotic diversity magnitude, dynamics, and controlling factors. *Science*. 10;296(5570):1064-6.
- Umrana V.V. 2006. Bioremediation of toxic heavy metals using acidothermophilic autotrophs. *Bioresour Technol* 97, 1237–1242.
- Vieille C. and Zeikus J.G. 1996. Thermozyms: Identifying molecular determinants of protein structural and functional stability. *Trends Biotechnol*. 14: 183–190.
- Wang G, Mishra B, Lau K, Lushnikova T, Golla R, Wang X. 2015 Antimicrobial peptides in 2014. *Pharmaceuticals* (Basel). 23;8(1):123-50.
- Ward N. L., Challacombe J. F., Janssen P. H., Hentrissat B., Coutinho B., Wu M., et al. 2009. Three genomes from the phylum Acidobacteria provide insight into the lifestyles of these microorganisms in soils. *Appl. Environ. Microbiol*. 75 2046–2056.
- Weisburg WG, Tully JG, Rose DL, Petzel JP, Oyaizu H, Yang D, Mandelco L, Sechrest J, Lawrence TG, Van Etten J, et al. 1989. A phylogenetic analysis of the mycoplasmas: basis for their classification. *J Bacteriol*. 171(12):6455-67.
- Werner, J. J., Knights, D., Garcia, M. L., Scalfone, N. B., Smith, S., Yarasheski, K., ... Angenent, L. T. 2011. Bacterial community structures are unique and resilient in full-scale bioenergy systems. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 108(10), 4158–4163.
- Williams KP and Kelly DP. 2013. Proposal for a new class within the phylum Proteobacteria, Acidithiobacillia classis nov., with the type order Acidithiobacillales, and emended description of the class Gammaproteobacteria. *Int J Syst Evol Microbiol*. 63(Pt 8):2901-6.
- Yeoh YK, Paungfoo-Lonhienne C, Dennis PG, Robinson N, Ragan MA, Schmidt S, Hugenholtz P. 2015. The core root microbiome of sugarcane cultivated under varying nitrogen fertiliser application. *Environ Microbiol*. Advance Access publication July 30, 2015.
- Yu, T., Anbarasan, S., Wang, Y., Telli, K., Aslan, A. S., Su, Z., ... Havukainen, S. 2016. Hyperthermostable *Thermotoga maritima* xylanase XYN10B shows high activity at high temperatures in the presence of biomass-dissolving hydrophilic ionic liquids. *Extremophiles*, 20(4), 515–524.
- Youssef N, Steidley BL, Elshahed MS. 2012. Novel high-rank phylogenetic lineages within a sulfur spring (Zodletone spring, Oklahoma), revealed using a combined pyrosequencing-sanger approach. *Appl Environ Microbiol*. 78:2677–2688.

- Youssef NH, Blainey PC, Quake SR, Elshahed MS. 2011. Partial genome assembly for a candidate division OP11 single cell from an anoxic spring (Zodletone Spring, Oklahoma). *Appl Environ Microbiol.* 77(21):7804-14.
- Woese CR. . 1987Bacterial evolution. *Microbiol Rev.* 51(2):221-71.
- Wu M, Ren Q, Durkin AS, Daugherty SC, Brinkac LM, Dodson RJ, Madupu R, Sullivan SA, Kolonay JF, Haft DH, Nelson WC, Tallon LJ, Jones KM, Ulrich LE, Gonzalez JM, Zhulin IB, Robb FT, Eisen JA. 2005. Life in hot carbon monoxide: the complete genome sequence of *Carboxythermus hydrogenoformans* Z-2901. *PLoS Genet.* 1(5):e65.
- Xu, Z., Puranik, R., Hu, J., Xu, H., and Han, D. 2017. Complete genome sequence of *Thermotoga* sp. strain RQ7. *Standards in Genomic Sciences*, 12, 62.
- Zhang Y. G., Cong J., Lu H., Li G. L., Qu Y. Y., Su X. J., et al. 2014. Community structure and elevational diversity patterns of soil Acidobacteria. *J. Environ. Sci. China* 26 1717–1724.
- Zheng Y., Chen Z., Lu H. y Zhang W. 2011. Optimization of carbon dioxide fixation and starch accumulation by *Tetraselmis subcordiformis* in a rectangular airlift photobioreactor. *Afr. J. Biotechnol.* 10, 1888-1901.

ANEXO 6.
JORNADA DE CAPACITACIÓN Y CIERRE DEL
PROYECTO



Ceremonia de cierre de proyecto
"Valorización económica sustentable del Altoandino de Atacama. Estrategias para el desarrollo del Turismo de Intereses Especiales y la conservación de ecosistemas de características únicas"

Lista de Asistencia

Nombre	RUN	Fono	Servicio o institución	Firma
Francis Muñoz	19933525-1	89267201	USTA	
Sebastian Poblete	18778172-7	79197808	USTA	
Alicia Espinoza	1814930-8	921041690	ATAACAMA WAK COFFE W300	
Luis Guzmán	7937095-7	97365602	Serustar	
Juan Campillo	19400532-6	94351695	USTA	
María Juana	7498908-K	90213015	República	
Manuel Luis	13299151-1	93252426	S. Financ	
Marcos Benichovic	150327970	51099549	USTA	
Yeny Warrner	11422574-7	7160028	UA	
Jacqueline Dujell	10249681-6	951496901	STomies	
Caroleo Zamboli	19952099-7		USTA	
OSCAR VASQUEZ	20056957-6	968405330	USTA	
Felipe Abarcá	14.125.207-0	975744635	USTA	



Ceremonia de cierre de proyecto
"Valorización económica sustentable del Altoandino de Atacama. Estrategias para el desarrollo del Turismo de Intereses Especiales y la conservación de ecosistemas de características únicas"

Lista de Asistencia

Nombre	RUN	Fono	Servicio o institución	Firma
MATIAS IZURITA	7.7766330-3	995410530	COMAF	
Wolfgang Gue	14.4619203	98500357	UDA	
YVIRA OCHOA	8.681.681-P	983219100	Atueros Exploración Asesoría Alacura	
Macarona Vergara	17.604.031-P	05271683	SANTO TOMAS	
Namerra Sanchez Jorjedy	20.036.299-3	983183275	UST	
Guillermo Oñate Ley	8878247-K	990212199	Director H2O	
Roberto Vergara A	16.085127-9	992790549	Copayapu Travel	
Jismara Vidal C.	19.459368-6	974096517	Santo Tomas	
David Diaz	18.033.465-9	95193436	Santo Tomas	
Erico Melitop	6916115-7	9551370	CSAO ALA	
Wladimir Lino	9560422-6	9-81450090	OTSA TURISMO	
David A. Lopez	11836025	94969267	SANTOTOMAS	
HERMAN ZEISLER	18477697-9	981259328	SANTOTOMAS	
Jorge Opito M.	6.759.573-K	98635586	S. Tomas	
Willie Carriz	1322240-3	98638702	UST	



ANEXO 7
MANUSCRITOS CIENTÍFICOS

Manuscript Details

Manuscript number	YJARE_2018_344
Title	Chemistry composition of remote aquatic systems along Andean mountain of the Atacama Desert, Chile. Between industrial pressure and protective measures for natural landscapes
Article type	Research Paper

Abstract

The chemical composition of water and sediments was studied in 22 aquatic systems (rivers, lakes, salt flats) of the high-Andean Atacama, northern Chile. Concentrations of several metals in the waters of systems varied widely. For example, the average concentration of As was three times higher in La Laguna Salt Flat than in the other systems. A similar situation was observed in the sediments. The presence of Pb in the waters and sediments of these aquatic systems can be explained, at least in part, by industrial (mainly mining) emissions that are transported through the air to the high-Andean zone. According to international quality standards, levels of Cd and As in the sediments constitute a risk for the communities of organisms dwelling therein. However, given the unique physico-chemical characteristics of these extreme environments, local quality standards must be established. By other side, our results showed that the studied waters are not suitable for human consumption or irrigation. However, other studies of these systems have found that these waters support abundant wildlife, constituting ecosystems of unique extreme environments with great potential for non-consumptive use such as special interest tourism and conservative strategies of these ecosystems.

Keywords	Water chemistry; sediment chemistry; Andean aquatic systems; Atacama desert; Chile
Taxonomy	Environmental Science, Earth Sciences
Corresponding Author	jorge valdes
Order of Authors	jorge valdes, Yery Marambio-Alfaro, alexis castillo, Sue Ellen Vega, Marcos Guíñez, Antonio Serrano, Daniel Hiriart, Alex Cea, Gabriel Alvarez, Eric Ibacache
Suggested reviewers	Roberto Urrutia, Carolina Soto Cárdenas

Submission Files Included in this PDF

File Name [File Type]

coverletterValdesetal2018JAE.doc [Cover Letter]

Valdesetal2018JAE.docx [Manuscript File]

FigsValdesetalJAE.pdf [Figure]

ValdesetalTablesJAE.docx [Table]

To view all the submission files, including those not included in the PDF, click on the manuscript title on your EVISE Homepage, then click 'Download zip file'.

Threatened Vertebrates in the High-Andean Wetlands of the Atacama Desert by the Lithium Mining. *Running Title: Vertebrates of the high Andean Atacama Region.*

Yery Marambio-Alfaro^{a,b,*}, Jorge Valdés Saavedra^a, Daniel Hiriart-Lamas^c, Gabriel Alvarez Avalos^d, Alexis Castillo Bruna^a, Marcos Guiñez-Araya^e, Alex Cea-Villablanca^c, Ricardo Guiñez-Díaz^f, Claudio Quezada-Romegialli^{f,g,h,i} and Antonio E. Serrano^{b,j}

^a Laboratorio de Sedimentología y Paleoambientes. Instituto de Ciencias Naturales Alexander von Humboldt, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta. Avda. Universidad de Antofagasta 02800, Chile

^b Parménides Limitada, Avda. Batallones de Atacama 112, Caldera, Atacama, Chile

^c Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de La Serena, Avenida Raúl Bitrán Nachary N° 1305. La Serena, Chile

^d Departamento de Geomensura y Geomática, Universidad de Antofagasta, Avda. Universidad de Antofagasta 02800, Chile

^e Departamento de Ciencias Acuáticas y Ambientales. Facultad de Ciencias del Mar y de Recursos Biológicos Universidad de Antofagasta. Avda. Universidad de Antofagasta 02800, Chile

^f Instituto de Ciencias Naturales Alexander von Humboldt, Facultad de Ciencias del Mar y de Recursos Biológicos Universidad de Antofagasta. Avda. Universidad de Antofagasta 02800, Chile

^g Fish and Stable Isotope Ecology Laboratory, Instituto de Ciencias Naturales Alexander von Humboldt, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta. Avda. Universidad de Antofagasta 02800, Chile

^h INVASAL, Núcleo Milenio de Salmónidos Invasores, Concepción, Chile

ⁱ Present address: Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha. Subida Leopoldo Carvallo 270, Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

^j Bioicus Analytics. Newbury. United Kingdom.

*Correspondence to: Yery Marambio-Alfaro

Avenida Universidad de Antofagasta 02800, Antofagasta, Chile

Phone +56 9 77600628. E-mail: yery.marambio@uantof.cl

ANEXO 8
INFORME DE EVALUACIÓN ECONÓMICA

ANEXO 9
INFORME DE RUTAS ALTOANDINAS

ANEXO 10
PUBLICACIONES EN PRENSA LOCAL



Concluye proyecto que pone en valor los diversos atractivos del Altoandino de Atacama



0

Por: Redacción 7D

Con una ceremonia efectuada en la Universidad Santo Tomás de Copiapó, concluyó el proyecto “Valorización Económica del Altoandino de Atacama”, que en lo medular apuntó a desarrollar estrategias para el desarrollo del turismo de intereses especiales (TIE) y la conservación de un ecosistema de características únicas”, desarrollado por la Universidad de Antofagasta y financiado por el Gobierno de Atacama a través de un Fondo para la Innovación para la Competitividad (FIC).

El objetivo principal de este programa fue implementar un programa de TIE para el Altoandino de Atacama, identificar y evaluar la fragilidad de los ecosistemas necesarios de conservar (SNASP) y evaluar la factibilidad de proteger la reserva genética microbiológica.

“Junto a ello, trabajamos en potenciar la productividad del factor humano en las empresas regionales mediante el fortalecimiento del Turismo de Intereses Especiales en el Altoandino, apoyamos la asociatividad de los operadores turísticos para incrementar la competitividad del sector e investigamos la factibilidad de obtención de nuevos productos regionales con valor agregado, desde comunidades bacterianas del Altoandino. Por último, relevamos la importancia de fortalecer la proliferación de los procesos productivos verdes como identidad productiva regional”, explicó Jorge Jorge Valdés, académico de la Universidad de Antofagasta y director del proyecto.

El proyecto benefició a 4.900 personas de manera directa (2.550 hombres y 2.350 mujeres) y se estima que serán 155.000 los impactados de manera indirecta. Adicionalmente, generó información relacionada con las características ecosistémicas de las cuencas endorreicas de atacama, poniendo de manifiesto aspectos relevantes relacionados con la belleza escénica de dichos paisajes, la fragilidad de los mismos, y la riqueza de vida que es posible encontrar en esa zona.

“Todos estos elementos configuran un marco de referencia para potenciar el uso sostenible del paisaje altoandino, dentro del cual el Turismo de Intereses Especiales resalta como una alternativa viable e indispensable para potenciar la actividad económica de la región en conjunto con una postura de protección de la riqueza escénica”, agregó Valdés.

Con este marco de referencia, el proyecto propone implementar un modelo de negocios, la capacitación en temas de turismo científico, ecológico y de aventura de los sectores involucrados (operadores turísticos, hoteles, servicios públicos), la generación de material de apoyo para el desarrollo de la actividad turística del altoandino y la generación de instrumentos de difusión a nivel nacional e internacional de la oferta turística de la región.

“Esta estrategia está vinculada a las acciones necesarias para generar y/o potenciar la estrategia regional de protección de los sistemas altoandinos de mayor fragilidad, así como su biodiversidad, particularmente en el caso de las comunidades microbiológicas, las que tienen un alto potencial de aplicaciones biotecnológicas que es urgente identificar y conservar para beneficio de la región”, dijo el director de la iniciativa.

Cabe consignar que las actividades productivas en el Desierto de Atacama se han basado principalmente en la explotación de los recursos no renovables a través de la minería, constituyéndose como el motor principal del impulso económico de la Región de Atacama. Sin embargo, en la definición de los “Sitios Prioritarios para Conservar la Biodiversidad” en la Región de Atacama, solo consideró al Salar de Pedernales y alrededores, como también las lagunas altoandinas Verde y del Negro Francisco como sitios de interés de protección ambiental. Asimismo, la biodiversidad de los sistemas hídricos de las cuencas cerradas por sobre los 3.000 metros sobre el nivel del mar, posee un potencial biológico mucho mayor, aunque no se vea a simple vista, debido al pensamiento común de considerar la biodiversidad sólo en términos de flora y fauna, descartando aquella que no podemos ver a ojos desnudo, la de los microorganismos.

Estas, junto a otras características, les han permitido el reconocimiento de diversas organizaciones internacionales que han declarado a estos humedales altoandinos como sitios de interés mundial de conservación.

Es así como conviven sectores protegidos bajo diversas denominaciones, tales como: Sistema Nacional De Áreas Protegidas del Estado (Snaspe): Parque Nacional Nevado Tres Cruces, donde se incluyen parte del Salar de Maricunga, la Laguna del Negro Francisco, Laguna Santa Rosa, y no incluye Lagunas Bravas y sectores aledaños que constituyen parte de la propuesta del ojalá futuro Parque Nacional Doña Inés propuesto por CONAF en 2009 y apoyado por el Gobierno Regional de Atacama y la Universidad de Antofagasta.

The following two tabs change content below.

-

©	Diario	Chañarillo	-	Maipú	849	-	Copiapó
Teléfonos	522	219044	-	522	218573	-	522 210419
E mail:	director@chanarcillo.cl		Fono	Whatsapp	+56	9	42915359
Copiapó / Región de Atacama / CHILE							

11:25 horas.-Concluye proyecto que pone en valor los diversos atractivos del Altoandino de Atacama



Con una ceremonia efectuada en la Universidad Santo Tomás de Copiapó, concluyó el proyecto “Valorización Económica del Altoandino de Atacama”, que en lo medular apuntó a desarrollar estrategias para el desarrollo del turismo de intereses especiales (TIE) y la conservación de un ecosistema de características únicas”, desarrollado por la Universidad de Antofagasta y financiado por el Gobierno de Atacama a través de un Fondo para la Innovación para la Competitividad (FIC).



El objetivo principal de este programa fue implementar un programa de TIE para el Altoandino de Atacama, identificar y evaluar la fragilidad de los ecosistemas necesarios de conservar (SNASP) y evaluar la factibilidad de proteger la reserva genética microbiológica.

“Junto a ello, trabajamos en potenciar la productividad del factor humano en las empresas regionales mediante el fortalecimiento del Turismo de Intereses Especiales en el Altoandino, apoyamos la asociatividad de los operadores turísticos para incrementar la competitividad del sector e investigamos la factibilidad de obtención de nuevos productos regionales con valor agregado, desde comunidades bacterianas del Altoandino. Por último, relevamos la importancia de fortalecer la proliferación de los procesos productivos verdes como identidad productiva regional”, explicó Jorge Jorge Valdés, académico de la Universidad de Antofagasta y director del proyecto.

El proyecto benefició a 4.900 personas de manera directa (2.550 hombres y 2.350 mujeres) y se estima que serán 155.000 los impactados de manera indirecta. Adicionalmente, generó información relacionada con las características ecosistémicas de las cuencas endorreicas de atacama, poniendo de manifiesto aspectos relevantes relacionados con la belleza escénica de dichos paisajes, la fragilidad de los mismos, y la riqueza de vida que es posible encontrar en esa zona.

“Todos estos elementos configuran un marco de referencia para potenciar el uso sostenible del paisaje altoandino, dentro del cual el Turismo de Intereses Especiales resalta como una alternativa viable e indispensable para potenciar la actividad económica de la región en conjunto con una postura de protección de la riqueza escénica”, agregó Valdés.

Con este marco de referencia, el proyecto propone implementar un modelo de negocios, la

capacitación en temas de turismo científico, ecológico y de aventura de los sectores involucrados (operadores turísticos, hoteles, servicios públicos), la generación de material de apoyo para el desarrollo de la actividad turística del altoandino y la generación de instrumentos de difusión a nivel nacional e internacional de la oferta turística de la región.

“Esta estrategia está vinculada a las acciones necesarias para generar y/o potenciar la estrategia regional de protección de los sistemas altoandinos de mayor fragilidad, así como su biodiversidad, particularmente en el caso de las comunidades microbiológicas, las que tienen un alto potencial de aplicaciones biotecnológicas que es urgente identificar y conservar para beneficio de la región”, dijo el director de la iniciativa.

Cabe consignar que las actividades productivas en el Desierto de Atacama se han basado principalmente en la explotación de los recursos no renovables a través de la minería, constituyéndose como el motor principal del impulso económico de la Región de Atacama. Sin embargo, en la definición de los “Sitios Prioritarios para Conservar la Biodiversidad” en la Región de Atacama, solo consideró al Salar de Pedernales y alrededores, como también las lagunas altoandinas Verde y del Negro Francisco como sitios de interés de protección ambiental. Asimismo, la biodiversidad de los sistemas hídricos de las cuencas cerradas por sobre los 3.000 metros sobre el nivel del mar, posee un potencial biológico mucho mayor, aunque no se vea a simple vista, debido al pensamiento común de considerar la biodiversidad sólo en términos de flora y fauna, descartando aquella que no podemos ver a ojos desnudo, la de los microorganismos.

Estas, junto a otras características, les han permitido el reconocimiento de diversas organizaciones internacionales que han declarado a estos humedales altoandinos como sitios de interés mundial de conservación.

Es así como conviven sectores protegidos bajo diversas denominaciones, tales como: Sistema Nacional De Áreas Protegidas del Estado (Snaspe): Parque Nacional Nevado Tres Cruces, donde se incluyen parte del Salar de Maricunga, la Laguna del Negro Francisco, Laguna Santa Rosa, y no incluye Lagunas Bravas y sectores aledaños que constituyen parte de la propuesta del ojalá futuro Parque Nacional Doña Inés propuesto por CONAF en 2009 y apoyado por el Gobierno Regional de Atacama y la Universidad de Antofagasta.

ANEXO 11
PARTICIPACIÓN EN SEMINARIO DE HUMEDALES
ORGANIZADO POR CONAF EN COPIAPÓ



ANEXO 12
CONFECCIÓN DE MATERIAL PUBLICITARIO

