



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

NoticiaSEM

Nº 189 / Octubre 2024

Boletín Electrónico Mensual
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGÍA (SEM)

Directora: Jéssica Gil Serna
(Universidad Complutense de Madrid) / jjilsern@ucm.es

Sumario

- 02

Honesta missio

Rafael Giraldo
- 03

Elecciones para la renovación parcial de la Junta Directiva de la SEM

Alicia Prieto
- 04

Convocatoria Asamblea General Ordinaria SEM

Alicia Prieto
- 05

Éxito del Congreso Internacional "XX TAXON: XX Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad" en Salamanca

Comité Organizador
- 06

Research and training grants (FEMS)

Federation of European Microbiological Societies
- 07

Jerónimo Rodríguez Beltrán, Premio Nacional de Investigación "Margarita Salas"

Álvaro San Millán, Jesús Blázquez y Javier de la Fuente
- 08

Víctor J. Cid nombrado Académico de Número de la Real Academia de Doctores de España

María Molina
- 09

El Desarrollo de la Microbiología en España. Volumen III

Álvaro V. Carrascosa
- 10

Ciencia Contigo: La MicroVida

CBM Comunicación
- 11

"Antimicrobial Resistance Gallery"

Diseño de nuevos materiales con propiedades antimicrobianas

The International Microbiology Literacy Initiative
- 12

"Micro Joven"

Avida, el caldo de cultivo digital

Grupo de Jóvenes Investigadores de la SEM
- 13

"Biofilm del mes"

The Hallow

Manuel Sánchez
- 14

Próximos congresos

02

Rafael Giraldo
Presidente de la SEM
rgiraldo@cnb.csic.es

Honesta missio*

Queridos/as amigo/as de la Sociedad Española de Microbiología:

Estamos a las puertas de un nuevo proceso electoral a través del cual habremos de escoger para la Junta Directiva (JD) de la SEM dos nuevos vocales, el tesorero y el presidente (este último comenzará su mandato en enero de 2027). Es esta una tesitura de gran trascendencia para el futuro de la SEM, por lo que os invito a participar en la presentación de candidaturas y en la posterior votación *on-line*, conforme al procedimiento establecido que detalla nuestra secretaria, Alicia Prieto, en una nota que encontraréis en este mismo número de NoticiaSEM.

Como indicaba en la carta con la que preludiva mi mandato como presidente, publicada en el SEM@foro (nº74, diciembre 2022, p. 3), es a la par una gran responsabilidad y un honor trabajar en la JD de la SEM, en mi caso desde 2003, en pro de la Microbiología y de los microbiólogos españoles. Este ha sido un periodo en el que, con mayor o menor acierto pero siempre con afán de servicio, he tenido la oportunidad de influir muy directamente en el desarrollo y avatares de la SEM. Cuando concluya mi mandato, en diciembre de 2026, llevaré 21 años en la JD (8 como vocal, 1 como director de NoticiaSEM, 8 en calidad de vicepresidente y 4 como presidente).

De entre las Sociedades Científicas de nuestro entorno (varias de las españolas del área de las Ciencias de la Vida, la FEMS, etc.), la SEM es *rara avis* en mantener estatutariamente la posibilidad de encadenar dos mandatos consecutivos como presidente por un total de 8 años, sin contemplar limitación alguna en función del periodo acumulado de permanencia en su JD. Es mi opinión que esto habría de cambiar en nuestros estatutos en un futuro próximo, pues el relevo frecuente de los cargos de responsabilidad favorece la renovación de ideas, evita inercias, potencia la transparencia en la gestión y permite la implicación de más socios en una importante tarea que es de todos.

Por todo ello, he decidido no dar el paso adelante de presentarme a la reelección como presidente de la SEM, no por cansancio, falta de empuje o de ideas, sino principalmente por “higiene democrática”. Estoy seguro de que entre sus 1800 socios, la SEM encontrará un candidato (o candidata) que la conduzca hacia nuevos horizontes, no imaginados por este microbiólogo (de algún modo atípico) que todavía os preside... Y que seguirá haciéndolo, con su mejor dedicación, hasta el fin de 2026. ¡Gracias por vuestro apoyo y por el de los compañeros de la JD!

No es aún llegado el momento del adiós, pero sí el de ir configurando un futuro en el que la SEM, potenciando nuestra Ciencia y su presencia e impacto sociales, tome rumbos nuevos con otro piloto al timón.

Un saludo muy cordial. Vuestro,

Rafael Giraldo

(CNB-CSIC, Madrid. Presidente de la SEM)

* En la antigua Roma, desde las reformas de Cayo Mario (107 a.C.), el cumplimiento de al menos 20 años de servicio sin tacha en las legiones cualificaba al soldado para un retiro honroso, reconocido mediante un documento que llevaba por nombre el del título que encabeza esta carta. La honesta missio llevaba aparejados el abono de una cantidad equivalente a más de 10 años de salario y la concesión de tierras en calidad de colono. ¡El símil que desarrolla esta carta no llega hasta este extremo! El servir en la SEM no conlleva riesgos vitales, no nos pertenece ni siquiera nuestra sede social y el salario de los miembros de su JD es de... ¡0 €!

03

Alicia Prieto
Secretaría de la SEM
aliprieto@cib.csic.es

Elecciones para la renovación parcial de la Junta Directiva de la SEM

Queridos amigos/as:

A finales del presente año procede la renovación parcial de la Junta Directiva de la SEM en los cargos de **Presidente/a electo/a, Tesorero/a y dos Vocales** (Art. 16 de nuestros estatutos).

Para postular una candidatura a la **Tesorería** es necesario residir en Madrid, sede social de la asociación (Art. 13). Se pueden efectuar propuestas para cualquiera de estos cargos avaladas por las firmas (en formato libre) de un mínimo de 20 socios, y es potestativo de la Junta Directiva proclamar las candidaturas recibidas, y si lo estima oportuno completarlas o proponer otras (Art. 16).

Las candidaturas deberán enviarse por correo electrónico a la secretaría administrativa de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org), adjuntando las hojas de firmas correspondientes a los avales que apoyan la candidatura. La fecha límite de recepción de propuestas es el **lunes 25 de noviembre de 2024**. Posteriormente, la Junta Directiva celebrará la reunión preceptiva para proclamar las candidaturas y determinar el calendario de votación.

Por la Junta Directiva,

Alicia Prieto
Secretaría de la SEM



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

04

Alicia Prieto
Secretaria de la SEM
aliprieto@cib.csic.es

Convocatoria Asamblea General Ordinaria SEM

Queridos/as miembros de la SEM:

Os informamos de que la **Asamblea General Ordinaria de 2024** tendrá lugar el **lunes 11 de noviembre a las 12:30 h**, a través de la plataforma Zoom, con el fin de facilitar y fomentar vuestra participación.

Orden del día

1. Lectura y aprobación, si procede, del acta correspondiente a la Asamblea General Ordinaria celebrada en Burgos, sede del XXIX Congreso de la SEM, el 26 de junio de 2023.
2. Informes del Presidente, Secretaria y Tesorero.
3. Informes de los directores de International Microbiology, SEM@foro, NoticiaSEM, CECT, *webmaster* y cursos *online*.
4. Informes de los Presidentes de Grupos Especializados.
5. Ruegos y preguntas.

Para uniros a la Asamblea, podéis utilizar el siguiente enlace a partir de las 12:30 h:

<https://us06web.zoom.us/j/89334782103?pwd=1AaMaq5Lxev4TTORjBjiaZNb3psJy7.1>

ID de reunión: 893 3478 2103

Código de acceso: 771206

Un cordial saludo,

Alicia Prieto
Secretaria de la SEM



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

05

Comité Organizador
Universidad de Salamanca
maiteortuzar@usal.es

Éxito del Congreso Internacional “XX TAXON: XX Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad” en Salamanca

Del 26 al 28 de septiembre de 2024, la ciudad de Salamanca fue el escenario de la XX edición de la Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad (XX TAXON) (<https://taxonxx.usal.es/>), una cita clave para la comunidad científica especializada en taxonomía y sistemática. El evento, organizado por la Catedrática Martha E. Trujillo, y los doctores Maite Ortúzar y Raúl Riesco, junto con su equipo de investigación de la Universidad de Salamanca, reunió a un gran número de participantes procedentes de diversos países, destacando tanto por la calidad científica de las ponencias y presentaciones, como por la relevancia de los expertos que se dieron cita.

El congreso, que se celebró en la Hospedería Fonseca de Salamanca, abordó los últimos avances en taxonomía, sistemática y biodiversidad, campos fundamentales para la comprensión y clasificación de la biodiversidad microbiana del planeta. La participación de científicos de renombre internacional, junto con la presencia de especialistas de reconocido prestigio de instituciones nacionales, consolidó a XX TAXON como un punto de referencia para los estudiosos de esta

disciplina. Los científicos provenientes de países como España, Estados Unidos, Australia, Rusia, Egipto o Sudáfrica aportaron una amplia gama de perspectivas y contribuciones sobre temas cruciales para el avance de la taxonomía moderna. Las sesiones científicas cubrieron una variedad de temas, desde la clasificación de nuevas especies hasta el uso de tecnologías avanzadas como la genómica y el uso de técnicas ómicas en el estudio de la biodiversidad.

El programa del congreso estuvo compuesto por presentaciones orales y pósters científicos, abarcando una gran variedad de temas. Además de las sesiones científicas, el congreso ofreció amplias oportunidades para el intercambio de ideas y la creación de nuevas redes de colaboración. Durante los tres días del evento, los asistentes, especialmente los más jóvenes, pudieron participar en sesiones de *networking* y reuniones con expertos en sus áreas de investigación. Este espacio fue fundamental para el establecimiento de colaboraciones internacionales y para el desarrollo de proyectos conjuntos.

Uno de los puntos culminantes de

este congreso fue la colaboración de miembros del Bergey's Manual Trust, una organización creada en 1936 para financiar la publicación del *Bergey's Manual Systematics of Archaea and Bacteria* y otras obras de referencia complementarias, y también, reconocer a las personas que han hecho contribuciones sobresalientes a la taxonomía bacteriana. El apoyo del Bergey's Trust añadió un valor significativo a la reunión, reforzando la importancia de la taxonomía microbiana dentro del marco general del congreso. Su participación no solo aportó prestigio al evento, sino que también generó importantes debates en torno a los desafíos actuales en la clasificación y nomenclatura de los microorganismos, temas de vital importancia para disciplinas como la microbiología, la medicina y la biotecnología.

Uno de los momentos más relevantes y esperados del congreso fue la mesa redonda dedicada a la problemática de la coexistencia de dos códigos para la nomenclatura de procariotas (Código Internacional de Nomenclatura para Organismos Procarióticos (ICNP) y el SeqCode), un tema que ha cobrado



Foto grupal de los asistentes a la XX edición de la Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad, en el patio del Colegio Arzobispo Fonseca.

gran importancia y genera un creciente debate. En esta sesión, un grupo de destacados expertos implicados en la elaboración y supervisión de ambos códigos, debatió sobre su posible coexistencia, su uso actual y las incompatibilidades que presentan. El debate, extraordinariamente constructivo, se centró en los retos y oportunidades que esta dualidad presenta para la comunidad científica. Se discutieron los problemas que pueden surgir al utilizar sistemas paralelos de nomenclatura, así como las posibles soluciones para unificar los criterios de clasificación, un tema crítico para la sistemática actual. Este tema ha sido objeto de creciente discusión en los últimos años, ya que la clasificación precisa y estandarizada de los procariotas es esencial no solo para la microbiología, sino también para disciplinas relacionadas como la industria, la biotecnología y la medicina. Este debate fue uno de los más intensos y enriquecedores del congreso, dejando claro que la comunidad científica está comprometida en encontrar soluciones prácticas a este desafío. Al finalizar la discusión, se sugirieron posibles líneas de trabajo y futuras colaboraciones para seguir avanzando en la resolución del problema.

El Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad de la Sociedad Española de Microbiología otorgó en este congreso su prestigioso premio bianual a la mejor Tesis Doctoral al Dr. Francisco Salvà-Serra de la *Universitat de les Illes Balears*, en reconocimiento a su sobresaliente contribución al campo de la microbiología. La tesis galardonada, titulada “Bacterial whole genome sequencing for establishment of reference sequences, comparative genomics, biomarker discovery and characterization of novel taxa”, ha supuesto un avance significativo en la comprensión de la diversidad y taxonomía bacteriana. El Dr. Salvà-Serra utilizó metodologías de secuenciación de ADN de última generación para caracterizar genomas completos de varios grupos bacterianos, incluyendo *Stutzerimonas balearica*, con su capacidad de degradar compuestos aromáticos, el género *Streptococcus*, que incluye tanto comensales como patógenos humanos importantes, y la familia *Enterobacteriaceae*. Su investigación no solo permitió identificar nuevas especies bacterianas, como *Scandinavium goeteborgense*, sino que también desarrolló métodos para mejorar la identificación y clasificación de patógenos mediante



Ceremonia de bienvenida de la XX edición de la Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad. De izquierda a derecha: Jesús Romalde (presidente del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad), D. José Miguel Mateos Roco (Vicerrector de Investigación de la USAL), Antonio Ventosa (presidente de la FEMS) y Martha E. Trujillo (organizadora).

marcadores genéticos específicos. Este trabajo destaca la importancia de los controles de calidad en la secuenciación de genomas y demuestra cómo los avances tecnológicos están revolucionando la microbiología, abriendo nuevas posibilidades para estudios y aplicaciones futuras.

La reunión del grupo fue también un foro para los jóvenes investigadores, donde estudiantes de doctorado y postdoctorado pudieron presentar sus trabajos y recibir retroalimentación directa de investigadores senior. Este tipo de iniciativas refuerzan el papel de las reuniones del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad como plataforma de impulso para las nuevas generaciones de científicos. Dos de estos trabajos fueron galardonados con premios en reconocimiento a su calidad científica: José Laço, estudiante de doctorado de la *Universitat de les Illes Balears* recibió el premio del *IJSEM (International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology)* a la mejor presentación en formato oral por su estudio “Unveiling the Hidden Diversity of the *Stenotrophomonas* Genus Through Phylogenomic Analysis”, mientras que Ariana Reina-Hidalgo, estudiante de doctorado de la Universidad de Salamanca, fue reconocida con el premio de la Sociedad Americana de Microbiología (ASM) a la mejor presentación en formato póster por su trabajo titulado “Ecological role of the phylum *Acidobacteriota* associated with the plant *Lupinus angustifolius*”. Estos reconocimientos subrayan la calidad y relevancia de las investigaciones presentadas por los jóvenes científicos en este foro.

El éxito del Congreso XX TAXON subraya la importancia de estos encuentros para el avance de la

ciencia taxonómica y sistemática. Los organizadores expresaron su satisfacción con la alta calidad de las contribuciones científicas y con el nivel de participación internacional. Asimismo, los participantes mostraron su agradecimiento con la organización y se creó un entorno muy agradable durante la celebración del congreso. En este marco, los asistentes también participaron en varias actividades culturales, que incluyeron visitas a la ciudad de Salamanca y al espacio *leronimus*. Además, el último día se realizó una excursión al pueblo de La Alberca, situado en la Sierra de Francia, dentro de la provincia de Salamanca.

Durante la reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad se anunció que ya están en marcha los preparativos para la próxima edición del congreso XXI TAXON, que se celebrará en 2026 en la ciudad de Valencia. Animamos a investigadores, estudiantes y profesionales del campo a unirse a este evento, que promete seguir impulsando la investigación en taxonomía y sistemática a nivel global y ofrecer una plataforma única para el intercambio de ideas y la colaboración científica.

Comité organizador: Martha E. Trujillo, Maite Ortúzar, Raúl Riesco, Andrés Alonso, Víctor Formariz, Marta González-Hernández, Ariana Reina-Hidalgo, Jhon A. Suescún-Sepúlveda



06

Federation of European Microbiological Societies

Research and training grants (FEMS)



Members of FEMS Member Societies can apply for our grants. Research and Training Grants assist early career scientists in pursuing research and training at a European host institution in a country other than their own country of residence (and exceptionally to support research and training projects outside Europe). These grants may be used to contribute to travel, accommodation and subsistence costs of making the visit. Support is limited to a maximum of €5000.

Applicants

Applicants should be active microbiologists, having obtained their highest degree less than five years prior to the application deadline date or be a PhD student*. They should be a member of a FEMS Member Society.

**periods of maternity/paternity leave, special leave or illness do not count toward this definition*

Grant Application

Complete applications should be submitted on or before:

1 January 23:59 CET for projects that will start within a year from the following 1 March

1 July 23:59 CET for projects that will start within a year from the following 1 September

APPLY NOW



07

Álvaro San Millán, Jesús Blázquez y Javier de la Fuente
 Centro Nacional de Biotecnología - CSIC
 asanmillan@cnb.csic.es; blazquez@cnb.csic.es; jdelafuente@cnb.csic.es

Jerónimo Rodríguez Beltrán, Premio Nacional de Investigación “Margarita Salas”

La semana pasada recibí un mensaje de WhatsApp de Jerónimo Rodríguez Beltrán (Jero) con un GIF en el que un futbolista famoso se transforma en Super Guerrero celebrando un gol. Ese GIF siempre precede buenas noticias en nuestro pequeño círculo científico. En este caso, el GIF venía acompañado de la resolución de los Premios Nacionales de Investigación, que nombraba a Jero ganador en su versión para científicos jóvenes en el área de biología (modalidad Margarita Salas). Lo primero que pensé es que se había liado, porque unos días antes me había enviado el mismo GIF para celebrar otro premio Margarita Salas, el que otorga la Comunidad de Madrid para reconocer las mejores trayectorias profesionales de científicos jóvenes en biociencias. Pero no se había equivocado, es que ha ganado los dos premios.

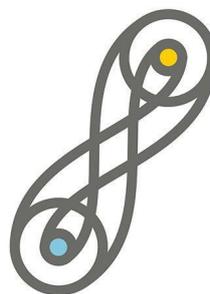
Escribir una reseña con motivo del éxito un compañero y amigo como Jero es sencillo, los hechos hablan por sí solos. En mi caso, conocí a Jero hace diez años, en una reunión del grupo de Microbiología Molecular de la SEM, del que los dos somos orgullosos miembros. No mucho tiempo después, a principios de 2016, Jero se incorporó como postdoc en mi naciente grupo de investigación en el Hospital Universitario Ramón y Cajal. Aunque más que incorporarse, se podría decir que Jero fue socio fundador del grupo, ya que solo estábamos él y yo. A partir de ahí, todo fue fácil, porque parafraseando a Kase.O, Jero ya tenía “los ritmos, las letras, el estilo y los cortes”. Yo sólo tuve que darle un escenario y el resto vino sólo. El grupo creció y llegaron los proyectos y los artículos, siempre con Jero como principal catalizador. Fueron unos años excepcionales en muchos aspectos, y no puedo enfatizar lo suficiente su papel en todos los logros conseguidos. En 2020, Jero comenzó su andadura como IP en el mismo hospital, y me alegra decir que sus éxitos han continuado acumulándose, como demuestran estos dos recientes premios.

Para dar una visión más completa sobre Jero y su trayectoria, he pedido ayuda a dos personas que le conocen muy bien tanto en lo científico como en lo personal. Por un lado, Jesús Blázquez, su director de tesis, y por otro Javier de la Fuente, el primer doctorando en mi grupo. Las siguientes líneas corren a su cargo.

Álvaro San Millán



Jerónimo Rodríguez Beltrán.



Premios
Nacionales
de **Investigación**



Un día del año 2009 apareció por mi laboratorio del Centro Nacional de Biotecnología un joven Jero que había visto un anuncio de nuestro grupo en la facultad de Biología de la UAM. Años después confesó que lo que le atrajo principalmente fue la estética del anuncio más que la ciencia que se proponía en él. Jero quería probar si le gustaba eso de la investigación. Parece que, afortunadamente, le gustó y no solo realizó su proyecto fin de carrera, sino que se quedó y completó un máster en Biofísica y una tesis doctoral con las máximas calificaciones. Desde el primer momento, Jero demostró una aptitud e independencia fuera de lo común. Era capaz de compatibilizar varios proyectos y no renunciaba nunca a entrar en uno nuevo si le parecía interesante (“soy un hombre fácil”, decía). Pero, aunque su capacidad intelectual y su trayectoria científica son sobresalientes, me gustaría destacar un aspecto que normalmente no se menciona en estas reseñas biográficas: su personalidad. Jero es un ser entrañable, siempre de buen humor y dispuesto a ayudar a los demás en cualquier circunstancia. Jero es esa persona que quieres tener en tu grupo o en tu departamento como investigador y compañero. Me siento muy afortunado de haber disfrutado con y aprendido de él durante estos años y espero seguir disfrutando de sus triunfos científicos y personales muchos años más.

Jesús Blázquez

Aún recuerdo mi primer día en el laboratorio. Iba corriendo porque me había perdido en los laberínticos pasillos del hospital. Crucé rápidamente la zona de las poyatas para llegar a una zona separada donde teníamos los ordenadores. Allí me encontré al postdoc del grupo, Jero, que estaba medio de pie mientras revisaba la figura de un plásmido. Me miró, me saludó y rápidamente me dijo: “creo que por fin hemos construido el último plásmido que necesitábamos para el proyecto”. En ese momento, lo primero que pensé fue: “Si yo acabo de llegar, aún no me ha dado tiempo de clonar nada”. Entonces no era consciente, pero esa frase lo ejemplifica a la perfección. Jero tiene una capacidad extraordinaria para incluir a la gente en su equipo, que siempre es el equipo en el que quieres estar. Jero es inteligente, trabajador y empático. Es de esas personas que siempre sacan tiempo para echarte un cable. Jero crea escuela, y personalmente, hoy en día intento reproducir la forma en que me trató Jero en mis primeros años de doctorado con todas las personas con las que trabajo.

Hace poco me pasé por lo que es ahora su grupo porque necesitaba una cepa. En esta ocasión me lo volví a encontrar muy concentrado mirando un manuscrito. Al verme me saludó con efusividad y me mostró todos los proyectos que se están llevando a cabo en su laboratorio. Mientras conducía de vuelta a casa, me descubrí a mí mismo contagiado de su ilusión y con unas ganas locas de volver al laboratorio y ponerme a trabajar en mi proyecto.

Javier de la Fuente

Jerónimo Rodríguez Beltrán (en el centro) con su grupo de investigación en el Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (EvodynamicsLab).



08

María Molina
 Universidad Complutense de Madrid
 molmifa@ucm.es

Víctor J. Cid nombrado Académico de Número de la Real Academia de Doctores de España



Víctor J. Cid durante su discurso de entrada en la RADE.

El 16 de octubre tomó posesión como Académico de Número de la Real Academia de Doctores de España (RADE) el Dr. Víctor Jiménez Cid, nuestro tesorero y creador de las viñetas del Colloquio que ameniza nuestro SEM@foro. Acorde con la vocación multidisciplinar de esta Academia, su discurso de entrada versó sobre un tema que atañe a todas las ramas del saber, incluida la Ciencia de la Vida: el concepto de “modelo” y su valor epistemológico en la búsqueda del conocimiento, la verdad y la belleza. El hilo conductor de esta invitación a la reflexión, formulada desde su experiencia vital y profesional, fue la definición en el diccionario de la RAE del polisémico término “modelo”. Así, a través de sus distintas acepciones, fue aproximándose a la idea de modelo científico como un recurso explicativo, arquetípico y representacional de realidades complejas para facilitar su comprensión y poder reproducirlas o

recrearlas. Idea que también aplica en el ámbito de la creación artística.

Tras analizar los debates filosóficos, matemáticos y humanistas, que rodearon a la “teoría de los modelos” de Tarski y su escuela en Berkeley en la década de los 50, se centró en su utilización en Biomedicina. En particular, en la levadura *Saccharomyces cerevisiae*, modelo eucariótico unicelular paradigmático que, por su condición microbiana, cumple además con la acepción más sencilla del término: “Representación en pequeño de alguna cosa”. Para el nuevo Académico, la naturaleza nos ofrece este ser vivo que parece haber sido diseñado para satisfacer nuestra curiosidad sobre sus propios secretos. Domesticada desde el Neolítico, esta levadura ha sido un valioso (e invisible) aliado tanto para hacernos disfrutar de una gran variedad de alimentos fermentados, que definen

la idiosincrasia de nuestra civilización, aportando salud, cultura y simbología, como para esclarecer enigmas científicos y comprender aspectos universales del funcionamiento de sistemas más complejos, como la célula humana. Este pequeño y aparentemente sencillo organismo es capaz de proporcionar un “microcosmos de referencia” al que interrogar con cuestiones biológicas de la mayor transcendencia, cuyas respuestas han sido merecedoras del más elevado galardón científico, el Premio Nobel, en varias ocasiones. Como subrayó en su intervención, para desentrañar el control del ciclo celular, el tráfico vesicular o la autofagia, que son procesos clave para entender las causas del cáncer o el envejecimiento, fue crucial la utilización de la levadura como modelo genético.

La elección del modelo es una de las decisiones importantes que el investigador debe tomar antes de

abordar una cuestión biomédica. El Dr. Jiménez Cid destacó dos criterios fundamentales a considerar: la similitud con el organismo humano y la adecuación al problema de estudio. Para que un modelo proporcione una comprensión genuina del sistema al que representa, las semejanzas entre ambos tienen que ser científicamente sólidas ya que, al escogerlo, se asume que la información obtenida pueda ser extrapolada. La levadura, como eucariota unicelular, cumple ambos requisitos, debido a su conservación evolutiva y a su gran versatilidad, facilidad de cultivo y manipulación genética. Para apostillar la validez de este modelo, por el que él mismo apostó desde sus inicios en la investigación, utilizó la frase con la que en los años 90 el gran genetista Ira Herskowitz replicaba a los que cuestionaban su eficacia: “*Yeast is a single-celled human being*”. También reflexionó sobre cómo la secuenciación del genoma de la levadura ratificó su utilidad para dotar de semántica al metalenguaje basado en las cuatro letras ATGC con las que se escribe el código genético de todas las especies, cuya plasticidad permite la evolución sin alterar su perfecta ingeniería sintáctica.

La revisión de su trayectoria científica, desde los estudios iniciales básicos sobre morfogénesis y ciclo celular de

S. cerevisiae hasta su línea actual de “humanización” de esta levadura para modelizar enfermedades, le llevó a manifestar que la investigación se debe sustentar tanto en el placer de descubrir y ampliar los límites del conocimiento, como en la satisfacción de su aplicación a nuestro bienestar. Se puede reivindicar “La utilidad de lo inútil” proclamada por Nuccio Ordine, si se tienen en cuenta las lúcidas palabras del Profesor Severo Ochoa: “La ciencia siempre vale la pena porque sus descubrimientos, tarde o temprano, siempre se aplican”. En este sentido, sus levaduras humanizadas son una suerte de “Frankenstein inofensivo”, con el que analizar funciones celulares básicas de las proteínas humanas expresadas y también buscar nuevos fármacos frente a ellas. Mediante estrategias de biología sintética, su grupo de investigación ha conseguido reconstituir rutas oncogénicas y macrocomplejos de señalización de la respuesta inmune, creando lo que ha denominado “un modelo dentro de un modelo”. Estos sistemas humanizados se comportan como “microtubos vivos de ensayo” que, además de un manejo fácil y económico, permiten reducir el uso de animales de experimentación.

El Dr. Jiménez Cid enfocó el epílogo de su discurso hacia la última acepción de modelo como “ejemplar que por

su perfección se debe seguir e imitar”, para referirse a las personas que han sido sus modelos en la vida y en la ciencia. Agradeció a su familia y a sus maestros, colegas, colaboradores y discípulos, que hubieran inflamado la llama de su motivación científica. Y finalmente a los Académicos de la RADE que defendieron su candidatura, terminando con una mención especial a su predecesora en la medalla 26, la Dra. María Teresa Miras.

Tras este discurso magistral, profundo, reflexivo y muy ameno, prueba de su brillante intelecto y oratoria, el Excmo. Sr. D. Antonio Luis Doadrio Villarejo, Académico Numerario de la RADE y Presidente de la Real Academia Nacional de Farmacia, fue el encargado de contestar en nombre de la Corporación, glosando la biografía académica y principales logros científicos del nuevo Académico, al que desde NoticiaSEM damos nuestra más sincera enhorabuena.

El acto tuvo lugar en el Paraninfo de la Universidad Complutense de Madrid y el discurso completo “Reflexiones sobre el concepto de “modelo” desde la Ciencia de la Vida” puede disfrutarse en el siguiente enlace de la [página web de la RADE](#).



Comitiva académica de la RADE que acompañó a Víctor J. Cid en el acto de toma de posesión como Académico de Número.

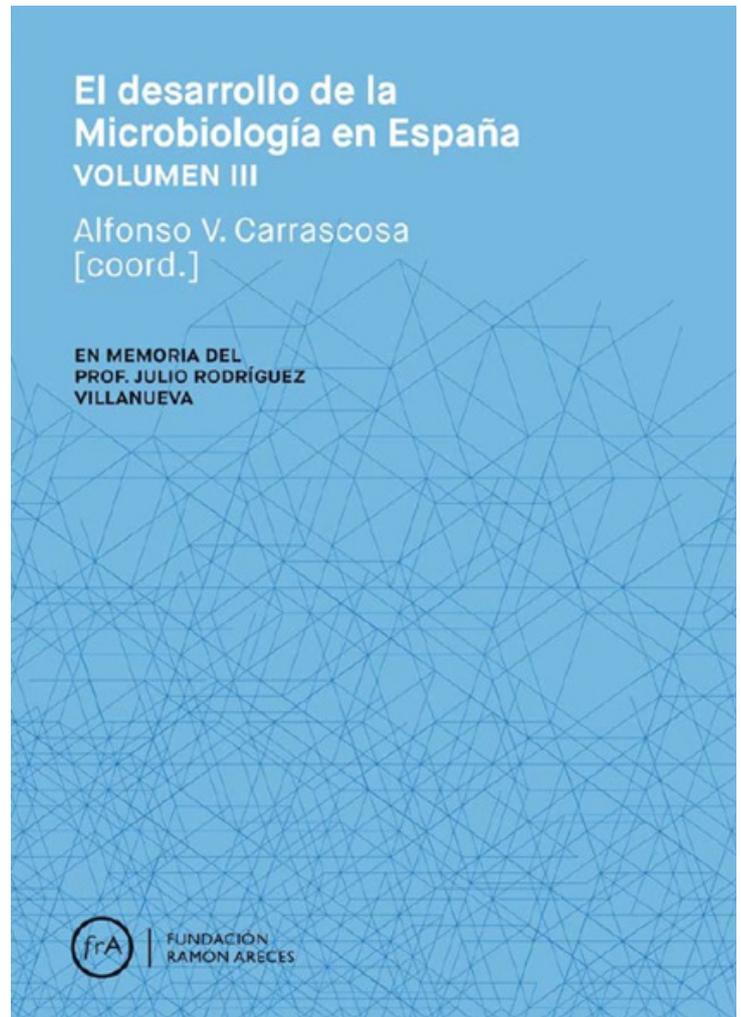
09

Álvaro V. Carrascosa
 Museo Nacional de Ciencias Naturales - CSIC
 av.carrascosa@csic.es

EL DESARROLLO DE LA MICROBIOLOGÍA EN ESPAÑA. VOLUMEN III

La Fundación Ramón Areces y la Sociedad Española de Microbiología han publicado en octubre de 2024 el libro 'El desarrollo de la Microbiología en España. Volumen III'. Como en el caso de los volúmenes anteriores, se encuentra en acceso libre [aquí](#), muy cerca de los dos volúmenes anteriores. La obra toma el título del discurso que el Prof. Julio Rodríguez Villanueva - a cuya memoria está dedicada - pronunciara con motivo de su ingreso como Académico de Honor en la Real Academia Sevillana de Ciencias, y que la Fundación Ramón Areces publicara en papel en 2006. El interés manifestado por mi persona de incluir el texto de ese libro en este nuevo volumen ha propiciado que la Fundación, como siempre con excelente criterio, lo haya puesto disponible de manera gratuita en [esta dirección](#). Algunos de los hitos señalados por don Julio en la historia de la Microbiología española han servido de inspiración para encargar varios capítulos de los volúmenes anteriores.

Coincide la publicación de este tercer volumen con dos importantes efemérides, cuales son el Año de Investigación Ramón y Cajal, que conmemora el 170 aniversario del nacimiento de la personalidad científica más importante de la historia de España, y como Acontecimiento Especial de Interés Público se prolonga desde 2022 hasta el 31 de mayo de 2025, y el 85 aniversario de la fundación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC): al amparo del CSIC nacería la SEM, testimonio fehaciente del impulso que la Microbiología recibiría en dicha institución científica. Sólo añadir como curiosidad que ambas efemérides tienen una interesante relación entre sí: Cajal, que se colegiaría como bacteriólogo, llegaría a dejar por escrito antes de su fallecimiento en 1934 que el desarrollo de la Microbiología en España había sido muy escaso en comparación con otras disciplinas científicas, algo que sin ningún género de dudas recibiría un importantísimo impulso en el CSIC, precisamente de la mano de don Julio, entre otros. Y ha sido también este 2024 cuando el legado material de Cajal, celosamente custodiado hasta la fecha en el CSIC, ha sido depositado en el Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), donde se puede disfrutar de una exposición



Portada del Libro "El desarrollo de la Microbiología en España. Volumen III".

permanente sobre nuestro querido Premio Nobel, algo directamente relacionado con uno de los objetivos de dicha efeméride.

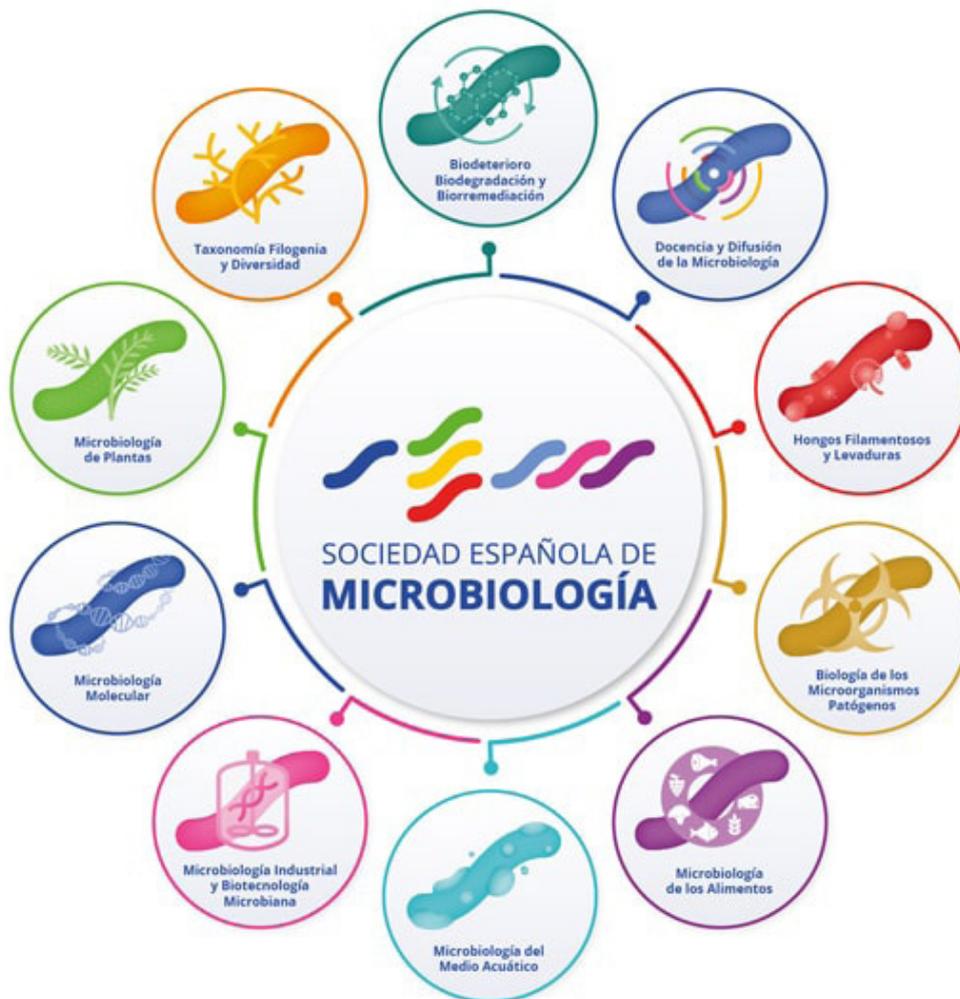
Tras una **Presentación** a cargo del Prof. Jose María Medina en calidad de miembro del Consejo Científico de la Fundación, en la que glosa brevemente su relación con don Julio y la de éste con aquella, por cierto entidad que probablemente haya sido la que más ha contribuido en nuestro país a nivel privado al desarrollo científico en general y al de la SEM en particular, hay un interesante **Prefacio** del Dr. Rafael Giraldo, actual presidente de la SEM. Tras mencionar el 85 aniversario del CSIC, pone en valor la labor de los pioneros - que

lo fueron en condiciones muy adversas- con la poética frase con la que Manuel Machado aludiera a los esfuerzos de El Cid ‘...cabalgando, polvo, sudor y hierro...’, para finalmente enumerar los cuatro capítulos que componen la obra no sin subrayar lo que le ha interesado de los mismos y concluir valorando muy positivamente el que se haga historia de la ciencia como instrumento útil para seguir haciendo crecer nuestra cultura científica.

En el capítulo 1 ‘BALDOMERO IÑIGO LEAL Y LA ESCUELA DE MADRID DE MICROBIOLOGÍA ENOLÓGICA’ doy noticia de cómo la labor de los pioneros de la Edad de Plata encontró continuidad en el CSIC sobre tan importante materia. En el capítulo 2 ‘LOS INICIOS DE *HELICOBACTER PYLORI* EN ESPAÑA’ el grupo fundado por el Dr. Manuel López-Brea del Hospital de La Princesa de Madrid relata cómo el interés por este microbio les llevó a ser pioneros en su estudio en España. En el capítulo 3 ‘CÉSAR NOMBELA CANO: MICROBIÓLOGO, GESTOR Y

HUMANISTA’ dedicado a uno de los referentes de la microbiología actual en nuestro país que nos ha dejado recientemente, varios miembros de su grupo de trabajo nos acercan a su figura, directamente relacionada tanto con don Julio como con la Fundación Ramón Areces y la SEM. Finalmente, en el capítulo 4 ‘EL IMPACTO DE J. R. VILLANUEVA EN LA MICROBIOLOGÍA: UNA REFLEXIÓN PERSONAL’ el Prof. Mariano Gacto nos da noticia del surgimiento del Departamento de Microbiología de la Universidad de Murcia a consecuencia de la relación profesional con su maestro, recogiendo trabajos y anécdotas personales que conforman una interesante aportación.

‘El desarrollo de la Microbiología en España’ sigue pretendiendo dar a conocer este tema de tanto interés, porque queda mucho que decir sobre él. Espero que este artículo suponga un efecto llamada para todo aquel que desee colaborar en volúmenes próximos, aunque no sea historiador *sensu stricto*.



10

CBM Comunicación
Centro de Biología Molecular Severo Ochoa
comunicacion@cbm.csic.es

Ciencia Contigo: La MicroVida

Desde el Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBM), se celebra la tercera edición de Ciencia Contigo, un evento de divulgación organizado en colaboración con la Comunidad de Madrid y la Fundación Severo Ochoa. Este año, bajo el lema “La MicroVida”, exploraremos el fascinante mundo de los microorganismos y su impacto en nuestra vida diaria. El evento tendrá lugar el **8 de noviembre de 2024 en el CaixaForum Madrid** de 16:00h a 20:00h. La entrada es libre y gratuita (hasta completar aforo), pero es necesario inscribirse previamente a través del [siguiente enlace](#).

<h1>Ciencia Contigo</h1> <h2>La MicroVida</h2>		8 noviembre 2024 16:00h - 20:00h CaixaForum Madrid Paseo del Prado, 36
Maestro de Ceremonias: Ricardo Moure		
● 16:00 – 16:05	Paola Bovolenta Fundación Severo Ochoa y Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM) Bienvenida	
● 16:05 – 16:10	Marina Villegas Directora General de Investigación e Innovación Tecnológica, Comunidad de Madrid	
● 16:10 – 16:30	Victoria Moreno-Arribas Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CSIC) Nuestras bacterias, nuestra salud mental	
● 16:30 – 16:50	Auxiliadora Prieto Centro de Investigaciones Biológicas (CSIC) Bacterias que producen plásticos	
● 16:50 – 17:30	Raúl Rivas, Antonio Alcamí y Margarita del Val Universidad de Salamanca y Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM) Salud Global, el mejor enfoque para anticipar pandemias	
● 17:30 – 18:00	Coffee break	
● 18:00 – 18:20	Yolanda Sanz Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (CSIC) Microbios, obesidad y diabetes	
● 18:20 – 19:00	Cristina Herencias, Javier de la Fuente y Fernando Baquero Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Centro Nacional de Biotecnología (CSIC) y Fundación Gadea Ciencia La resistencia antimicrobiana, la gran carrera armamentística	
● 19:00 – 19:20	Raúl Rivas Universidad de Salamanca Tuberculosis y arte: una pareja bien avenida	
● 19:20 – 20:00	Josefa Antón, Ricardo Amils, Elena González-Toril Universidad de Alicante, Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM) y Centro de Astrobiología (CSIC-INTA) La importancia de los extremófilos	
● 20:00 – 20:10	Jesús Ávila Fundación Severo Ochoa y Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM) Clausura	

11

Virginia Rivero-Buceta y Natalia Hernández-Herreros
The International Microbiology Literacy Initiative
mrivero@cib.csic.es

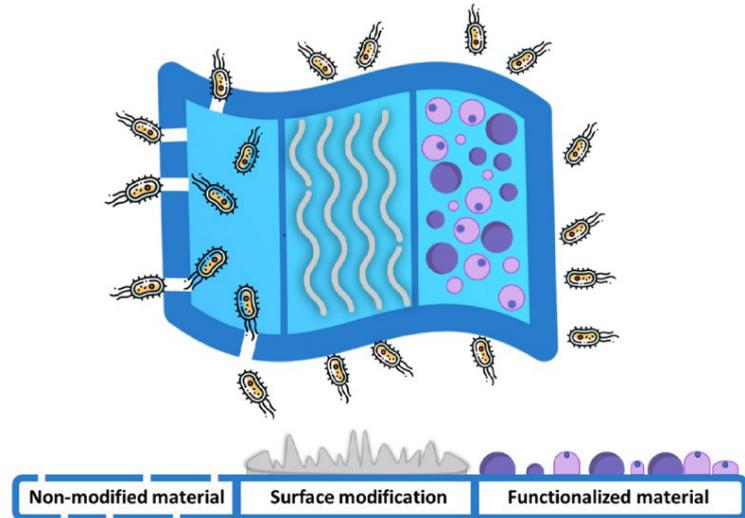
Antimicrobial Resistance Gallery

Diseño de nuevos materiales con propiedades antimicrobianas

Durante siglos, hemos confiado en compuestos que combaten los microorganismos para mantenernos a salvo de peligrosas enfermedades infecciosas. Sin embargo, antes del siglo XX, las enfermedades causadas por bacterias, virus y hongos eran una de las principales causas de muerte. Hoy, gracias a medicamentos como los antibióticos, los antifúngicos, los antivirales y los antisépticos, vivimos en un mundo en el que estas amenazas son menos frecuentes en nuestras vidas. Sin embargo, el uso inadecuado de estos medicamentos por parte de la industria, de médicos e incluso de personas normales que no los desechan correctamente, ha provocado un aumento masivo de la resistencia a los antimicrobianos. Por desgracia, no estamos encontrando nuevos medicamentos con la rapidez suficiente para frenar la aparición de bacterias resistentes. Por eso es tan importante encontrar nuevas formas de combatirlos. Los científicos están estudiando diferentes metales, sales y nuevos materiales, como péptidos de insectos y nanomateriales de carbono, que resultan prometedores para eliminar eficazmente muchos microorganismos diferentes.

Uno de los principales problemas causados por los microorganismos es su capacidad para adherirse y proliferar en diversas superficies de nuestro organismo. Puede tratarse de superficies naturales, como la superficie de los pulmones, o de superficies de dispositivos médicos implantados en nuestro cuerpo, como tubos de plástico o metal utilizados para introducir o extraer fluidos, o para abrir vasos obstruidos. Cuando esto ocurre, los microorganismos forman en estas superficies unas capas viscosas denominadas biopelículas (*biofilms* patógenos), difíciles de atacar y eliminar por las defensas de nuestro organismo y resistentes a los tratamientos antibióticos.

Para hacer frente a estos problemas, necesitamos nuevos materiales capaces de bloquear la colonización bacteriana y la formación de biopelículas. Los científicos trabajan actualmente en el diseño de nuevos materiales antimicrobianos para garantizar un uso más seguro. Dado que el



Esquema de diferentes diseños de materiales antibacterianos. Los materiales no modificados son vulnerables a la colonización bacteriana, mientras que los sometidos a modificación o funcionalización superficial, que implica la aplicación de antibióticos o metales, presentan propiedades bactericidas.

primer paso en la formación de biopelículas patógenas es la adhesión de algunos microorganismos a la superficie, una estrategia crucial consiste en modificar estas superficies con materiales especiales que cambien su forma para frenar la adhesión bacteriana. En este sentido, los hidrogeles (materiales porosos formados por polímeros) son muy populares en medicina porque son seguros y pueden crearse para diferentes necesidades, incluida la producción de materiales inhibidores de microorganismos. Son muy sensibles a la humedad, ya que retienen y liberan agua de forma dinámica, lo que impide la estabilización bacteriana. Mediante la incorporación de compuestos específicos, como el ácido hialurónico y el polietilenglicol, los científicos modifican sus superficies para aumentar la permeabilidad y la rugosidad con el fin de frenar la formación de biopelículas. Además, estos hidrogeles funcionalizados están diseñados para captar y liberar antibióticos para curar infecciones, mientras que otros contienen moléculas adicionales para inhibir el crecimiento bacteriano.

Otro ejemplo de materiales antimicrobianos son las nanopartículas (NPs). Estas diminutas partículas (de entre 1 y 100 nanómetros de tamaño) pueden tanto unir compuestos con propiedades antimicrobianas a su superficie como retenerlos y liberarlos en

condiciones controladas. Estos materiales microscópicos han demostrado su potencial para combatir infecciones, incluidas las resistentes a los fármacos tradicionales. Las nanopartículas metálicas basadas en metales como la plata, el níquel o el oro presentan propiedades antimicrobianas inherentes. Además, la modificación de parámetros como el tamaño, el área superficial, la morfología, la carga neta y las propiedades fisicoquímicas puede mejorar su capacidad antimicrobiana. Las NPs con cualidades antibacterianas pueden incorporarse a distintos materiales. Por ejemplo, la combinación de NPs de plata con polietileno (que es el plástico utilizado, por ejemplo, en los envases) mejora tanto la eficacia antibacteriana como la resistencia al desgaste del polímero. Otro ejemplo es un material que forma un hidrogel de metilcelulosa que incorpora NPs de plata y que tiene aplicaciones potenciales en el cuidado de heridas y en entornos médicos.

En el futuro, gracias a la investigación científica, la integración de estos distintos enfoques de la ingeniería de materiales, junto con el descubrimiento de nuevos compuestos con propiedades antibacterianas, permitirá diseñar materiales antimicrobianos innovadores para mejorar el control de las infecciones cotidianas y reducir la actual crisis de resistencia a los antibióticos.

12

Violeta Gallego¹, Andrea Jurado² y Carmen Palomino³¹Universidad de Lund, ²Instituto de Productos Lácteos de Asturias, ³Instituto de Salud Tropical de la Universidad de Navarra
Grupo de Jóvenes Investigadores de la SEM
violetagallego6@gmail.com, andrea98jurado@yahoo.es, cpalominoca@unav.es

Micro Joven

Avida, el caldo de cultivo digital

Como si de una metáfora se tratase, en AVIDA programas informáticos autorreplicantes compuestos por un genoma capaz de mutar y generar nuevas variantes coevolucionan al igual que lo harían los fagos con sus hospedadores bacterianos. En este número entrevistamos a dos de los artífices de esta plataforma digital.



Francisco Javier Borrallo se licenció en Biología por la Universidad de Sevilla, y siguiendo su interés por la bioinformática y la biología computacional, cursó el Máster Interuniversitario entre la UNIA y la Universidad de Sevilla en Análisis de Datos Ómicos y Biología de Sistemas. Allí conoció a Miguel junto al que se adentró en el tema de Vida Artificial y organismos digitales, para finalmente embarcarse en el doctorado.



Miguel Ángel Fortuna es un ecólogo evolutivo computacional que realiza ciencia interdisciplinar centrada en el estudio de las redes coevolutivas entre especies interactuantes. Después de varios años de estancias postdoctorales en Princeton (EE. UU.) y Zúrich (Suiza), actualmente es Científico Titular del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y lidera el grupo de Biología Computacional de la Estación Biológica de Doñana (EBD), en Sevilla.

Para empezar, hablando sobre vuestra vocación ¿por qué decidisteis lanzaros al mundo de la ciencia? ¿Qué os impulsó a elegir el campo de la biología? ¿Tenéis algún referente que os haya inspirado?

En mi caso (Miguel Ángel), desde muy joven me interesé por observar a los animales que buscaba, al salir de clase, por los alrededores de mi pueblo. Esta curiosidad fue en aumento a medida que me adentraba en la historia natural (más descriptiva), y se consolidó convirtiéndose en vocación tras leer publicaciones científicas que abordaban los procesos ecológicos y evolutivos que organizan la biodiversidad. De esa primera etapa naturalista la mayor influencia la recibí, como tantos otros, de Félix Rodríguez de la Fuente. Y de la etapa científica tuve siempre muy presente a Stephen Jay Gould.

Pertenecéis a los laboratorios de la Estación Biológica de Doñana ¿Cuál fue la razón de centrar vuestra línea de investigación al mundo de los fagos? ¿Estudiáis otros tipos de procesos evolutivos en el que intervengan otras especies u os limitáis al campo de la Micro?

Después de una larga etapa como

investigador postdoctoral en el extranjero, retorné a la Estación Biológica de Doñana con un contrato Ramón y Cajal para introducir la línea de investigación en Biología Computacional. Durante mi estancia en la Universidad de Princeton conocí y visité el grupo de Evolución Digital liderado por Charles Ofria en la Universidad de Michigan. Este grupo de investigación interdisciplinar, formado por microbiólogos, informáticos, biólogos evolutivos, y filósofos de la ciencia desarrollaron en los años 90 una plataforma computacional para el estudio de la evolución biológica llamada Avida. Me di cuenta al instante del potencial de ese gemelo digital para estudiar no sólo los procesos evolutivos sino también los procesos ecológicos. En aquellos momentos había centrado mi investigación en las redes de interacciones entre especies, como las que tienen lugar entre las plantas y sus polinizadores o entre los depredadores y sus presas. Porque en la naturaleza las especies no viven ni evolucionan aisladas unas de otras, sino que coevolucionan. Es decir, el cambio evolutivo que experimenta una especie induce una respuesta evolutiva recíproca en aquellas especies con las que interacciona. Y entonces decidí abordar aquellas preguntas sobre la coevolución

que difícilmente podríamos explorar en condiciones naturales pero que sí se podrían explorar en la plataforma computacional. Dentro de las numerosas interacciones ecológicas que pueden estudiarse me decanté por la que tiene lugar entre los hospedadores y sus parásitos, en donde una especie se beneficia a expensas de la otra. Y debido al problema actual de la resistencia microbiana y al reciente interés por usar los bacteriófagos como agentes terapéuticos, decidí centrarme en desarrollar un marco computacional análogo al de los fagos y sus hospedadores bacterianos.

Remontándonos al origen de este proyecto ¿Cómo nació la idea de crear una plataforma como Avida?

Avida se desarrolló en los años 90 y desde entonces nos ha ayudado a entender muchos procesos evolutivos, como los cambios en la arquitectura del genoma, el efecto de la epistasis o interacciones entre genes sobre la diversificación de las especies, cómo se generan los caracteres funcionales complejos, las ventajas de la plasticidad fenotípica, la robustez de las poblaciones frente a mutaciones, etc. Sin embargo, les faltaba el componente ecológico. Y junto a

Luis Zaman, informático y biólogo evolutivo de la Universidad de Michigan que comenzó a implementar interacciones hospedador-parásito en Avida, comenzamos hace diez años a desarrollar y ampliar las funcionalidades de esta plataforma para poder estudiar la coevolución. Por tanto, Avida permite ya estudiar sistemas biológicos en los que los procesos evolutivos y ecológicos están íntimamente unidos, como en poblaciones microbianas en donde los cambios en las abundancias influyen inmediata y recíprocamente en las tasas de mutación y en el potencial adaptativo.

¿Qué ventajas presenta la aplicación de estos sistemas en contraposición de estudios experimentales y cómo pensáis que se pueden retroalimentar mutuamente? ¿Creéis que podría llegar a reemplazarlos?

Avida es una plataforma computacional que complementa los estudios llevados a cabo en condiciones naturales y en el laboratorio de microbiología. El objetivo fundamental del uso de gemelos digitales como éste es el desarrollo y comprobación de hipótesis *in silico* como paso previo a su implementación *in vitro* o *in vivo*. El paso crucial es comprobar si lo que es cierto con organismos digitales en un ordenador (programas informáticos que se autorreplican, mutan y evolucionan en un entorno computacional controlado por el usuario) es también cierto con bacterias y fagos en el laboratorio de microbiología. Y en este punto uno puede ver el vaso medio vacío o medio lleno. Es decir, fijarse únicamente en las diferencias entre organismos digitales y organismos biológicos o quedarse con las características comunes. Para nosotros, el proceso evolutivo es independiente del substrato material que contiene y transmite la información,

sea la química molecular basada en el carbono o el estado de los electrones en un semiconductor. Lo importante para que tenga lugar un proceso evolutivo es que haya entidades replicantes que contengan información heredable (células o programas informáticos) y que las variaciones en la información que contienen les otorguen mayor o menor eficacia en la transmisión de esa información durante su proceso de replicación.

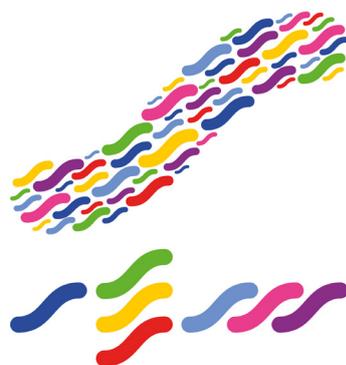
En su diseño ¿Cómo ha sido el proceso de mejora de la plataforma desde que nació hasta el momento? ¿Tenéis más ideas de cara a futuro con las que seguir acercándola al proceso de coevolución real fago-bacteria?

Implementar interacciones hospedador-parásito ha sido el primer paso dentro de una línea de investigación planteada a más largo plazo. Hemos comenzado a implementar interacciones mutualistas en las que los dos organismos interactuantes obtienen beneficio. Y lo hacemos con la vista puesta en las interacciones mutualistas que tienen lugar entre las numerosas especies bacterianas que habitan nuestro microbioma. En Avida, los organismos necesitan consumir recursos para replicarse, de forma análoga al hecho de que una bacteria como *E. coli* necesita metabolizar una fuente de carbono. Estos recursos definidos en Avida se consumen sólo si el organismo es capaz de realizar funciones matemáticas sencillas con números binarios mientras ejecuta las instrucciones que constituyen su genoma. Y de manera análoga a cómo *E. coli* metaboliza glucosa o citrato como fuente de carbono, un organismo digital puede consumir el recurso asociado a realizar una suma (operación

booleana OR) o una multiplicación (operación booleana AND). Esta capacidad que tiene un organismo digital de realizar operaciones booleanas define su fenotipo o funcionalidad. Para implementar las interacciones mutualistas lo que hacemos es asignar el recurso que necesitan los organismos que realizan por ejemplo OR al subproducto que producen los organismos que realizan por ejemplo AND, y viceversa, que el recurso que necesitan los organismos que realizan AND sea el subproducto que producen los organismos que realizan OR. De este modo, si los organismos que hacen AND aumentan su abundancia, los que hacen OR se verán beneficiados porque tendrán más recursos disponibles, y el aumento en la abundancia de los que hacen OR beneficiará a su vez a los organismos que hacen AND porque tendrán más recursos. Cuando logremos dar este paso estaremos preparados para explorar la coevolución de la selva tropical que es el microbioma humano, en el que coexisten interacciones mutualistas entre bacterias e interacciones antagonistas entre fagos y bacterias.

¿Podrías mencionar algunas de las herramientas de las que dispone y posibles escenarios que se podrían recrear con AVIDA? Siendo los fagos tan específicos hacia su hospedador y existiendo tantas armas de ataque/defensa entre ellos, ¿se podrá llegar a asemejar con total fidelidad a sus originales biológicos o siempre quedará en un enfoque de aproximación digital?

Estudiar la coevolución entre los análogos digitales a los fagos y bacterias nos permite abordar cuestiones sobre principios generales que operan en el proceso coevolutivo. No podemos simular casos específicos entre una variante bacteriana y un fago determinado



JISEM

Jóvenes Investigadores

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

que coevolucionan en el laboratorio de microbiología. Lo que queremos es entender cómo los parásitos coevolucionan con sus hospedadores. Cuando una población bacteriana está siendo atacada por una población de fagos, las bacterias podrían generar resistencia y evadir el ataque de sus enemigos naturales, al igual que hacen cuando las tratamos con antibióticos. Pero a diferencia de éstos, los fagos pueden a su vez evolucionar y ser capaces de contrarrestar la resistencia bacteriana. ¿Bajo qué circunstancias es más probable que se produzca esta coevolución? ¿Cuál es el papel que juegan las abundancias poblacionales en la probabilidad de que las bacterias generen resistencia y en la probabilidad de los fagos de contrarrestarla? ¿Hay algunas variantes genómicas de fagos más propensas a coevolucionar que otras? ¿Podemos preadaptar a los fagos para que además de ser eficaces contra la cepa bacteriana que queremos eliminar lo sean también frente a futuras variantes resistentes? Nuestro primer paso es responder a estas preguntas diseñando experimentos coevolutivos en Avida (coevolución *in silico*). Después, con lo que hayamos aprendido, intentaremos llevar los experimentos al laboratorio de microbiología usando turbidostatos, que son unos biorreactores en los que se cultivan bacterias y sus fagos controlando la abundancia bacteriana mediante lectores ópticos (coevolución *in vitro*). Si se replican los resultados obtenidos con la plataforma computacional, lo aprendido se podría usar para ayudar a guiar a los investigadores que llevan a cabo experimentos *in vivo*.

En el proceso de prueba ¿habéis logrado sacar alguna conclusión acerca de las interacciones fago-bacteria que se hayan

comprobado a nivel experimental? ¿Y alguna que aún queden por demostrar poroyata?

No, aún es pronto para trasladar lo que vemos *in silico* al laboratorio de microbiología. Son muchas las cuestiones a abordar con Avida y pocos los estudiantes dispuestos a adentrarse en este apasionante mundo de la vida artificial. Espero que alguno de los lectores muestre interés y nos contacte para explorar posibles vías de colaboración.

La idea es que sea de acceso abierto, ¿cuándo estaría disponible para todos los investigadores y fans de los fagos?

Avida es un software de código abierto y gratuito (<https://gitlab.com/fortunalab/avida>). Cualquiera puede instalarlo en su ordenador y llevar a cabo experimentos evolutivos y coevolutivos. Para facilitar la curva de aprendizaje, existe una versión gráfica que se ejecuta online y se denomina Avida-ED (<https://avida-ed.msu.edu/app4>),

aunque de momento sólo permite el estudio de la evolución, no de la coevolución. Nosotros apostamos por el acceso abierto a la ciencia y tanto los datos que generamos como el diseño de los experimentos realizados los hacemos públicos. De hecho, hemos creado una base de datos (avidaDB) con los genomas de más de un millón de organismos digitales con el objetivo de poder usarlos en experimentos evolutivos (<https://gitlab.com/fortunalab/avidaDB>). Para aquellos que estén habituados a usar R como lenguaje de programación, hemos desarrollado una librería (avidaR) que permite acceder a avidaDB, hacer búsquedas selectivas de genomas, y descargarlos (<https://rdr.io/cran/avidaR>). Además, para ayudar a entender el vocabulario sobre evolución digital hemos desarrollado una ontología sobre Avida (<https://obofoundry.org/ontology/ontoavida.html> y <https://gitlab.com/fortunalab/ontoavida>). Y muy pronto haremos pública también una base de datos que contendrá los genomas de los hospedadores y de los parásitos que usamos en nuestra investigación.

Gracias al trabajo y el ingenio de investigadores como Miguel y Francisco hoy disponemos de una plataforma que bien podría ser obra de algún autor de ciencia ficción. Avida, que casi nos hace recordar a otras inteligencias como la Siri, es capaz de simular sistemas biológicos en los que los procesos evolutivos y ecológicos están íntimamente unidos, como en poblaciones microbianas en donde los cambios en las abundancias influyen inmediata y recíprocamente en las tasas de mutación y en el potencial adaptativo. Disponer de ello puede darnos el poder no sólo de entender la dinámica evolutiva en la naturaleza sino en un futuro, quien sabe cuándo, ser capaz de adelantarnos a él y predecir sus cambios.

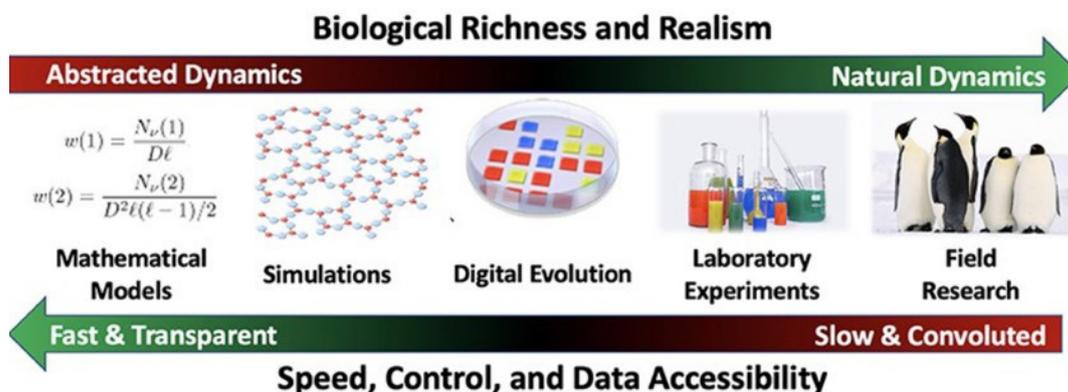


Fig. 1.- Ventajas y desventajas de la aproximación computacional.

13

Manuel Sánchez
 m.sanchez@goumh.umh.es
<http://curiosidadesdelamicrobiologia.blogspot.com/>
<http://podcastmicrobio.blogspot.com/>

Biofilm del mes

The Hollow

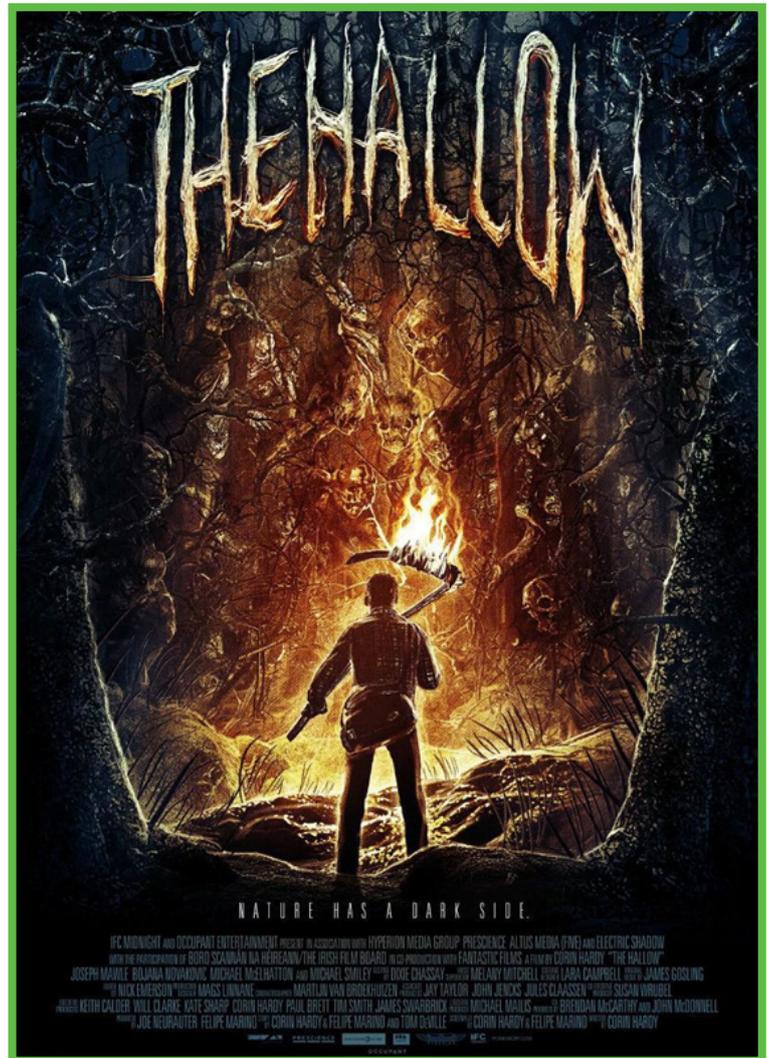
Director: Corin Hardy (2015)

Ficha en la [IMDB](#)

Como viene siendo costumbre, en la época de Halloween me gusta comentar una película de terror que tenga que ver con los microbios. Y en este caso volvemos a encontrarnos con un mutante del *Ophiocordyceps unilateralis*, el hongo zombificante que sale en Melanie, *the girl with all the gifts* (NoticiaSEM Nº113) y en *The last of Us* (NoticiaSEM Nº175), aunque en esta ocasión es un poco más asquerosillo.

Un biólogo es contratado para realizar un trabajo de campo en un bosque irlandés. El contrato incluye una bonita vivienda en medio de la floresta, así que se lleva a su mujer, a su bebé y al perro. En principio, todo parece que va a ser un trabajo idílico en contacto con la naturaleza, pero enseguida empiezan a notar algunas cosas extrañas. Todas las ventanas de la casa están provistas de rejas. Además, los lugareños les empiezan a avisar de que el bosque está habitado por algo “sagrado” (*Hallow* en inglés) como hadas, *banshees* y *doppelgangers*, entre cuyas costumbres se encuentra el atemorizar a los humanos y robar a los niños pequeños para cambiarlos por monstruos. Evidentemente nuestros protagonistas no se toman muy en serio dichas supersticiones e intentan seguir con su vida. Como podemos imaginar, descubrirán a las malas que el refrán “cuando el río suena, agua lleva” es cierto.

The Hollow es el típico guion de terror de “familia asediada por los monstruos”. Es entretenida, pero no es una buena película porque los personajes se comportan de manera muy estúpida en diversas situaciones. Nada más empezar vemos que el padre lleva al bebé en una mochila a la espalda en su primer paseo por el bosque. Va examinando árboles y en algunos encuentra una especie de sustancia viscosa y negruzca rezumando de la corteza. Toma muestras con los guantes puestos y en ningún momento pone al bebé en riesgo de que toque la extraña sustancia. Hasta ahí todo normal. Pero entonces llega a una casa en ruinas y en su interior descubre el cadáver de un ciervo en descomposición. Se ve que el cadáver no apesta nada porque se acerca con su hijo y se pone a manipularlo (lo normal en un padre que lleva un bebé ¿no?). Descubre que el ciervo ha sido medio devorado por la sustancia negra, así que también toma una muestra y se la guarda para examinarla en el laboratorio que tiene montado en su casa. Allí la observa al microscopio y descubrirá que es un tipo de hongo de la familia del *Ophiocordyceps*, cuyas células tienen una especie de arpones que le permiten parasitar a otras células. Mientras está realizando tan interesantes observaciones la madre se encuentra que la cuna del bebe está pringada con la sustancia negra que



ha caído de la podrida techumbre de la casa. Así que se lo dice a su marido y entonces...

Opción a) metes a tu familia en el coche, sales pitando y denuncias a tu empresa por darte un alojamiento infestado.

Opción b) mueves la cuna de sitio y sigues trabajando.

Si escoge la opción b ya le digo que el hongo va a destruir el motor del coche, media casa, se comerá al perro y además le va a causar una severa infección que no se cura con fluconazol ni caspofungina.

Feliz Halloween.

14

Próximos congresos

→ Evento	🕒 Fecha	📍 Lugar	👤 Organiza	🌐 Web
XXII <i>workshop</i> sobre Métodos Rápidos y Automatización en Microbiología Alimentaria (MRAMA) – memorial <i>DYCFung</i>	26 - 29 noviembre 2024	Cerdanyola del Vallès	CIRTTA y UAB	https://webs.uab.cat/workshopmrama
2 nd Forum on Fermented Foods	5 - 7 febrero 2025	Málaga	Carmen González Juana Frías	https://eng-2ndforumfermentedfood.colloque.inrae.fr/
XI Reunión del Grupo Especializado de Microbiología de Plantas (MIP-25)	19 - 21 febrero 2025	Granada	Miguel A. Matilla Inmaculada Sampedro Daniel Pérez Amalia Roca	https://www.granadacongresos.com/mip2025
17 th European Conference on Fungal Genetics	2 - 5 marzo 2025	Dublín, Irlanda	Maynooth University	https://ecfg17.org/
XVI Congreso Nacional de Micología	20 - 22 marzo 2025	Zaragoza	AEM Grupo de Hongos Filamentosos y Levaduras	https://aemicol.com/xvi-congreso-nacional-de-micologia-2025/
1 st International Conference on Advances in Microbiology	7 - 9 abril 2025	Varsovia, Polonia	PTM IBB University of Warsaw	https://www.advmicro2025.pl/
11 th Congress of European Microbiologists	14 - 17 julio 2025	Milán, Italia	FEMS	https://www.femsmicro.org/



NoticiaSEM

Nº 189 / Octubre 2024

Boletín Electrónico Mensual
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGÍA (SEM)
Directora: Jéssica Gil Serna
Universidad Complutense de Madrid/ jgilsern@ucm.es

No olvides:

Recursos hechos por microbiólogos para todos aquellos interesados en "La Gran Ciencia de los más pequeños".

Microbichitos:

➔ <http://www.madrimasd.org/blogs/microbiologia/>

Small things considered:

➔ <http://schaechter.asmblog.org/schaechter/>

Curiosidades y podcast:

➔ <http://curiosidadesdelamicrobiologia.blogspot.com/>

➔ <http://podcastmicrobio.blogspot.com/>

➔ Esto va de Micro en Spotify e iVoox.

microBIO:

➔ <https://microbioun.blogspot.com/>

Última Newsletter FEMS

Objetivo y formato de las contribuciones en NoticiaSEM:

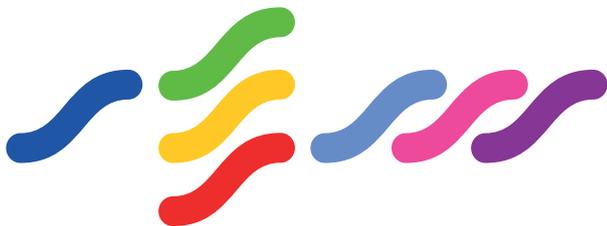
Tienen cabida comunicaciones relativas a la Microbiología en general y/o a nuestra Sociedad en particular.

El texto, preferentemente breve (400 palabras como máximo, incluyendo posibles hipervínculos web) y en formato word (.doc), podrá ir acompañado por una imagen en un archivo independiente (JPG, ≤150 dpi).

Ambos documentos habrán de ser adjuntados a un correo electrónico enviado a la dirección que figura en la cabecera del boletín.

La SEM y la dirección de NoticiaSEM no se identifican necesariamente con las opiniones expresadas a título particular por los autores de las noticias.

➔ Visite nuestra web: www.semicrobiologia.org



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA