



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**

# NoticiaSEM

Nº 168 / Noviembre 2022

Boletín Electrónico Mensual  
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE MICROBIOLOGÍA (SEM)

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

## Sumario

- 02  
Depósito del Libro de Actas Fundacional de la SEM en el Archivo del Museo Nacional de Ciencias Naturales  
*Antonio Ventosa*
- 03  
XXIX Congreso SEM Microorganismos: un Universo en Continua Evolución  
*David Rodríguez*
- 04  
El Plan Nacional de Resistencia a los Antibióticos premia al proyecto MicroMundo@UCM  
*Belén Patiño*
- 05  
Publicación del quinto informe anual del acuerdo COSCE de transparencia sobre el uso de animales de experimentación científica en España y renovación de funciones para poder trabajar con animales de experimentación  
*Óscar Zaragoza*
- 06  
3<sup>er</sup> Simposio Internacional en Ambientes Extremos y Organismos Extremófilos  
*Antonio Ventosa*
- 07  
La carrera popular "¡Corre sin resistencias!" recorre las calles de nueve ciudades españolas  
*Jéssica Gil-Serna y Víctor J. Cid*
- 08  
27º Premio Carmen y Severo Ochoa de Investigación en Biología Molecular 2022  
*César de Haro*
- 09  
Research and Training Grants (FEMS)
- 10  
"MicroDefensor: Pseudo-Alca" *Pseudomonas pseudoalcaligenes* CECT 5344  
*The International Microbiology Literacy Initiative*
- 11  
"La Microbiología en sellos" XLII (VI). Premios Nobeles (2009-2020)  
*Juan J. Borrego*
- 12  
"Micro Joven"  
Dime LUCA... Al otro extremo del Edén (parte III)  
*Grupo de Jóvenes Investigadores de la SEM*
- 13  
"Biofilm del mes"  
El lector (The Reader)  
*Manuel Sánchez*
- 14  
Próximos congresos

# 02

Texto: Antonio Ventosa  
 Presidente de la SEM  
 ventosa@us.es

## Depósito del Libro de Actas Fundacional de la SEM en el Archivo del Museo Nacional de Ciencias Naturales

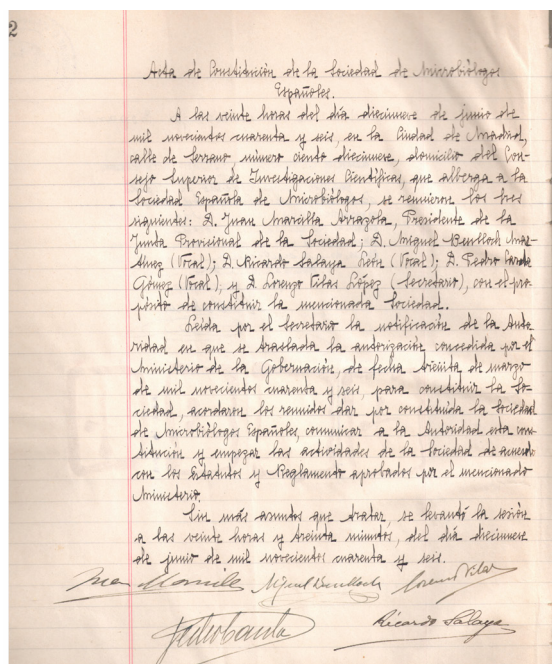
Con motivo de los actos conmemorativos del 250 aniversario del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC) de Madrid, el pasado 25 de octubre se firmó el documento de donación del Libro de Actas de la Sociedad Española de Microbiología al Archivo del MNCN, tras el acuerdo de la Junta Directiva de la SEM para realizar dicho depósito en el citado archivo.

El Libro de Actas refleja las actividades durante los inicios de nuestra Sociedad, desde su fundación en 1946, incluida el acta de constitución, firmada por el primer presidente y secretario, Juan Marcilla y Lorenzo Vilas, respectivamente, y otros miembros de la primera Junta Directiva de la SEM. Dicho libro de actas se expuso en la exposición "Microbiología: explorando más allá de lo visible", celebrada en el Museo Nacional de Ciencias Naturales con motivo del 75 aniversario de la fundación de la SEM y cuya Comisaria fue Asunción de los Ríos.

Dada la relevancia de dicho Libro de Actas y el estado de deterioro del mismo, nuestro compañero de la SEM y científico del MNCN-CSIC, Alfonso Carrascosa, realizó las gestiones pertinentes para que fuera depositado en el archivo del Servicio de Documentación del MNCN y conservado adecuadamente en sus instalaciones. Dicho depósito se realizó tras el acuerdo de nuestra Junta Directiva y la aceptación por parte del Director del MNCN, Rafael Zardoya, y de la responsable del Archivo del MNCN, Mónica Vergés Alonso.



Firma del documento de donación del Libro de Actas. De izquierda a derecha, de pie: Alfonso Carrascosa, Mónica Vergés y Asunción de los Ríos. Sentados: Antonio Ventosa y Rafael Zardoya.



Acta de constitución de la Sociedad Española de Microbiología (1946).



## 03

Texto: David Rodríguez  
Presidente del Comité Organizador  
drlazaro@ubu.es

## XXIX Congreso SEM

### Microorganismos: un Universo en Continua Evolución



El lema del XXIX Congreso de la Sociedad Española de Microbiología será “Microorganismos: un Universo en Continua Evolución”. Con este lema se quiere rendir un especial tributo a las excavaciones científicas en la Sierra de Atapuerca, ubicadas a pocos kilómetros de Burgos, donde se celebrará el congreso. Asimismo, se quiere recalcar el papel principal que, tanto la evolución ha jugado en el mundo microbiano como el que los microorganismos han tenido y siguen teniendo en la evolución de toda la biosfera. Porque al fin y al cabo... *“Nada tiene sentido en (micro)biología, si no es a la luz de la evolución”*.

iiiiOs esperamos en junio en Burgos!!!!



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**

## 04

Texto: Belén Patiño  
 Universidad Complutense de Madrid  
 belen@ucm.es

## El Plan Nacional de Resistencia a los Antibióticos premia al proyecto MicroMundo@UCM

La comunidad MicroMundo está de enhorabuena. El nodo de la Universidad Complutense de Madrid ha recibido el premio PRAN (Plan Nacional de Resistencia a los Antibióticos) a la “Mejor iniciativa de comunicación y sensibilización de la población sobre la resistencia a los antibióticos”, por su propuesta “MicroMundo@UCM en tiempos de pandemia: adaptación de la estrategia de Aprendizaje-Servicio a la divulgación de la resistencia a antibióticos y la perspectiva *One Health*”.

El premio se entregó en la jornada PRAN para el uso prudente de los antibióticos y fue recogido por nuestro compañero Víctor Jiménez Cid, *alma mater* del proyecto, acompañado por el Rector de la UCM, D. Joaquín Goyache. Dicha jornada se celebró el pasado 18 de noviembre en el Ministerio de Sanidad y contó con la presencia de la Ministra de Sanidad Dña. Carolina Darias. En el acto, la directora de la Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios presentó los datos del último año en cuanto a resistencia a antibióticos e informó de las acciones más relevantes llevadas a cabo. Tras su intervención hubo dos mesas redondas con la participación de pacientes directamente afectados por el problema de las bacterias multiresistentes. Durante toda la jornada, se destacó la importancia del abordaje *One Health* como única vía para atajar este grave problema.

Os recordamos que el objetivo esencial del proyecto MicroMundo es acercar la cultura científica, la perspectiva *One Health* y el problema de la resistencia a los antibióticos a la sociedad. Para ello contamos con estudiantes universitarios que nos acompañan a centros de educación secundaria para emular a Fleming y el descubrimiento de la penicilina. Los estudiantes de secundaria realizan unas pequeñas prácticas para aislar bacterias de suelo y descubrir potenciales productores de nuevos antibióticos. Durante el curso académico 2020-2021, la pandemia de COVID-19 impulsó cambios en nuestro esquema de trabajo, obligándonos a trabajar *online* en lugar de llevar a cabo las actividades experimentales típicas del proyecto. Manteniendo los mismos objetivos, las acciones de ese curso en colegios e institutos se enfocaron en la elaboración



El rector de la UCM, Joaquín Goyache (izquierda) y el coordinador de MicroMundo, Víctor Jiménez Cid (centro) reciben el premio PRAN de manos de Silvia Calzón (derecha), Secretaria de Estado de Sanidad.



Parte del equipo MicroMundo@UCM con el premio PRAN en el Ministerio de Sanidad.

de materiales divulgativos e intervenciones directas en la comunidad por parte de los jóvenes estudiantes. Durante ese curso se generó una gran cantidad de material (videojuegos, entornos educativos virtuales, paisajes de aprendizaje, *escape rooms*,

vídeos, campañas en Instagram o Tik Tok, blogs, encuestas a pie de calle, etc.) que es lo que ha llevado a MicroMundo@UCM a ser galardonado con el Premio PRAN.

## 05

Texto: Óscar Zaragoza  
 Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III  
 ozaragoza@isciii.es

## Publicación del quinto informe anual del acuerdo COSCE de transparencia sobre el uso de animales de experimentación científica en España y renovación de funciones para poder trabajar con animales de experimentación

### Publicación del quinto informe anual del acuerdo COSCE de Transparencia sobre el uso de animales de experimentación científica en España

El pasado 8 de noviembre de 2022 se publicó el quinto informe anual del Acuerdo de Transparencia sobre el uso de animales de experimentación suscrito por la Confederación de las Sociedades Científicas de España (COSCE). Este acuerdo tiene como principales objetivos comunicar a la sociedad de manera clara el uso que se hace de los animales de investigación y promover iniciativas para difundir y concienciar la utilización de estos animales. En este contexto, la *European Animal Research Association* (EARA) elabora anualmente un informe sobre el desarrollo de este acuerdo, realizado a partir de las encuestas cumplimentadas por las entidades asociadas.

A nivel mundial, esta iniciativa existe en diferentes países, y participan más de 500 entidades, donde cabe destacar el liderazgo de España, donde a fecha de publicación del quinto informe eran 160 entidades (universidades, OPIs, centros de investigación, sociedades científicas, hospitales empresas, etc.), y acoge a instituciones que tanto utilizan o no animales en sus actividades. La Sociedad Española de Microbiología participa en este acuerdo desde hace varios años y anualmente se hace eco de la publicación del informe anual, así como de la situación de la experimentación animal en nuestro país.

El informe recoge las actividades correspondientes al año 2021, y puede consultarse en el siguiente enlace: [https://www.cosce.org/docs/informe\\_COSCE\\_acuerdo\\_transparencia\\_2022.pdf](https://www.cosce.org/docs/informe_COSCE_acuerdo_transparencia_2022.pdf).

El informe resume muchas de las actividades llevadas a cabo por parte de múltiples entidades, para difundir el uso llevado a cabo de los animales de experimentación, promoción de las 3Rs, visitas virtuales de animalarios, jornadas de divulgación científica, seminarios y presencia en las páginas webs institucionales. Contiene múltiples enlaces directos a todas estas actividades, por lo que animamos a todos los socios de la SEM a consultarlo y visualizar los contenidos.

La publicación de este resumen está acompañada por la publicación de estadísticas del número de usos de animales en investigación, enseñanza y otros fines por parte del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA). Este análisis ha sido realizado en detalle por nuestro compañero Lluís Montoliu del CSIC y está disponible en el siguiente enlace: [https://cosce.org/wp-content/uploads/2022/11/mapa\\_animales\\_2021-1.pdf](https://cosce.org/wp-content/uploads/2022/11/mapa_animales_2021-1.pdf).

En el año 2021, se ha detectado que ha habido un aumento significativo en el número de animales utilizados, pero no refleja un incremento global, sino que ha sido causado principalmente por un único

proyecto de investigación que involucra a más de medio millón de larvas de lubina que llegaron a fase adulta y que por tanto contabilizan como animales de experimentación. El análisis del uso de animales de experimentación excluyendo dicho proyecto refleja una tendencia mucho menor, donde solo ha habido un incremento del 3% en el número de animales usados. De esta manera, el análisis muestra que en la actualidad se usa un 17% menos de animales que en 2009, aunque en los últimos años el número se ha estabilizado e incluso aumentado en 2021. La gran mayoría de animales se utiliza en experimentación (88.5%) siendo el resto empleados en otros aspectos, como la enseñanza y la reglamentación. Casi el 90% de los animales usados son roedores (40%) y peces (48%), y entre estos, la mayoría son ratones (89% de roedores) y lubinas (86% de peces).

### Renovación de funciones para poder trabajar con animales de experimentación

En el contexto del uso de animales con fines de experimentación, queremos señalar algunos aspectos requeridos para poder trabajar y diseñar proyectos de experimentación. Desde el año 2005, es necesario que el personal involucrado en estas actividades tenga autorización oficial por parte de autoridades competentes. En el año 2005, se publicó la disposición transitoria tercera del Real Decreto 1201/2005, de 10 de octubre, sobre protección de los animales utilizados para experimentación y otros fines científicos, y que permitía acreditarse mediante experiencia (publicaciones, congresos, etc.). Tras esta convocatoria, la acreditación podía conseguirse mediante la realización de cursos especializados que permitían obtener las categorías A, B, C ó D. Por último, en el año 2015 entró en vigor la Orden ECC/566/2015, de 20 de marzo,



**CONFEDERACIÓN DE SOCIEDADES  
 CIENTÍFICAS DE ESPAÑA**

por la que se establecen los requisitos de capacitación que debe cumplir el personal que maneje animales utilizados, criados o suministrados con fines de experimentación y otros fines científicos, incluyendo la docencia. Esa orden establecía seis funciones diferentes (a, b, c, d, e y f) que permitían realizar diferentes actividades tal y como se describe a continuación:

- a) Cuidado de los animales.
- b) Eutanasia de los animales.
- c) Realización de los procedimientos.
- d) Diseño de los proyectos y procedimientos.
- e) Asunción de la responsabilidad de la supervisión «in situ» del bienestar y cuidado de los animales.
- f) Asunción de las funciones de veterinario designado.

Las antiguas categorías fueron reconocidas como las funciones correspondientes descritas en el real decreto de 2015, y también se definían los nuevos requerimientos establecidos para poder obtener las funciones para aquellas personas que no tenían reconocida ninguna categoría anterior a 2015.

También se establecía que las funciones tenían una vigencia de 8 años, tras los cuales es necesario acreditar un número de horas determinado de formación continuada para renovar las funciones. Por ello, las primeras renovaciones de las dichas funciones deben acometerse antes del 1 de

abril de 2023. Para ello, el personal debe acreditar el siguiente número de horas de formación continuada, según la función que quieran renovar:

Función a): 20 horas en 8 años.

Función b): 25 horas en 8 años.

Función c): 45 horas en 8 años.

Función d): 40 horas en 8 años.

Función e): 90 horas en 8 años.

Función f): 90 horas en 8 años.

El real decreto también establece que “En el caso de solicitarse el mantenimiento de varias categorías simultáneamente, como mínimo se requerirá cumplir los requisitos de la categoría que requiera mayor número de horas.”

La renovación de las funciones es competencia de las Comunidades Autónomas, y el reconocimiento de la formación continuada varía según la Comunidad. Esto está haciendo que se provoque una situación confusa en la que no se sepa con certeza que actividades y cursos van a ser reconocidos por las CCAA para renovar las funciones. Ante la proximidad de la fecha límite del 1 de abril de 2023, las instituciones están realizando un esfuerzo para ofrecer actividades formativas a los usuarios con funciones reconocidas.

Desde la SEM, queremos recordar la necesidad de acreditar el número de horas de formación continuada establecidas en

el real decreto de 2015 para todas aquellas personas que quieran continuar trabajando con animales de experimentación. Un aspecto muy relevante es que la formación continuada implica que las actividades realizadas no solapen con la formación recibida anteriormente, lo cual está creando una gran confusión, ya que en la actualidad existe disparidad de criterios según las CCAA en lo que es la formación continuada. Este es un aspecto relevante y animamos a todas las personas que precisen la renovación que obtengan la máxima información posible sobre las evaluaciones que realiza al CCAA y los criterios de renovación. La no renovación de las funciones implica la pérdida de la acreditación correspondiente, y la imposibilidad de seguir realizando las actividades con los animales de experimentación, por lo que será necesario realizar nuevos cursos con temarios específicos para cada función. Esta última situación puede suponer una alteración e interrupción del desarrollo de múltiples proyectos de investigación, por lo que queremos resaltar la importancia del proceso de renovación y necesidad de acreditar formación continuada.

De la misma manera, también animamos a todas aquellas personas que hayan obtenido las funciones correspondientes recientemente a que comiencen a realizar actividades de formación continuada para asegurarse que en los próximos ocho años pueden acreditar el número de horas necesarias para poder renovar sus funciones sin problemas.



**CONFEDERACIÓN DE SOCIEDADES  
CIENTÍFICAS DE ESPAÑA**

## 06

Texto: Antonio Ventosa  
 Presidente de la SEM  
 ventosa@us.es

## 3<sup>er</sup> Simposio Internacional en Ambientes Extremos y Organismos Extremófilos



Mesa inaugural del simposio.



Foto del grupo de participantes.

Entre los días 21 al 23 de noviembre de 2022 se ha celebrado en la República Dominicana el tercer Simposio Internacional en Ambientes Extremos y Organismos Extremófilos, de la Red Latinoamericana de Extremófilos, organizado por la Red Dominicana de Organismos Extremos. Dicho evento se realizó en la Universidad Autónoma de Santo Domingo, considerada la universidad primada de América.

Al acto de inauguración asistió el Ministro de Educación Superior, Ciencia y Tecnología de la República Dominicana, Dr. Franklin García Fermín y otras autoridades, poniendo de relieve la importancia de la organización de este congreso sobre extremófilos en dicho país. Este es el tercer congreso que se organiza en Latinoamérica sobre el estudio de los microorganismos extremófilos, tras los realizados en años anteriores en México y Chile. En esta ocasión asistieron unos 150 participantes de 12 países latinoamericanos, así como de España, Eslovenia y Portugal. Entre los conferenciantes invitados se contó con la presencia de Patrizia Granziera y Nina Pastor (México), Andrés Yarzabal y María Anonieta Quispe (Perú), Verónica Molina y Jenny Blamey (Chile), Virginia Albarracín (Argentina), Vanesa Amarelle (Uruguay), Rommel Ramos (Brasil), Nina Gunde-Cimerman (Eslovenia), Edían Franco y Carlos Rodríguez (República Dominicana), Vitor Vasconcelos (Portugal) y por parte de España, Ramón Rosselló-Mora (IMEDEA, Mallorca) y Antonio Ventosa (Universidad de Sevilla).

Las sesiones fueron muy interesantes y con mucha participación y debate por los participantes, acerca de temáticas muy diversas, como metagenómica y otras ómicas, bioinformática, metabolismo, o aplicaciones de los microorganismos extremófilos, especialmente relacionadas con las extremozimas y otras aplicaciones biotecnológicas. La Red Latinoamericana de Extremófilos es de reciente creación, y, a su vez, existen otras redes nacionales en México y República Dominicana, semejantes a la que existe en España, que en estos últimos años están organizando muchas actividades, como cursos, seminarios especializados, proyectos conjuntos, etc. Por último, es de destacar que se debatió y acordó la posibilidad de que se organice en Latinoamérica un congreso internacional de extremófilos en el año 2026, que permitiría dar a conocer a nivel internacional la excelente ciencia en el campo de los microorganismos extremófilos que se realiza por investigadores latinoamericanos y los muy diversos e interesantes ambientes extremos que poseen los países de dicho continente.



Inauguración por el Ministro de Educación Superior, Ciencia y Tecnología de la República Dominicana.



Algunos de los conferenciantes invitados al congreso.

## 07

Texto: Jéssica Gil-Serna y Víctor J. Cid  
 Universidad Complutense de Madrid  
 jgilsem@ucm.es, vicjid@ucm.es

## La carrera popular “¡Corre sin resistencias!” recorre las calles de nueve ciudades españolas

El pasado domingo 13 de noviembre, se celebró la segunda edición de la carrera popular universitaria ¡Corre sin resistencias! promovida por el Plan Nacional de Resistencia a los Antibióticos (PRAN). Cerca de 2.000 corredores se dieron cita en siete ciudades de España (Albacete, Alcalá de Henares, Ciudad Real, Madrid, Salamanca, Sevilla y Toledo) con el fin de concienciar sobre el problema de la resistencia a antimicrobianos. A esta jornada se sumaron también las carreras de Murcia (10 de noviembre) y Bilbao (20 de noviembre).

Este evento deportivo surgió en 2019 y, tras el parón pandémico, ha vuelto con más fuerza aumentando considerablemente su visibilidad. Las carreras se enmarcaron en la Semana Mundial de Concienciación sobre el Uso de Antimicrobianos bajo el lema “Ganar a las bacterias resistentes está en tus manos: ¡utiliza correctamente los antibióticos!”.

Esta iniciativa del PRAN ha contado con la organización de las Universidades de Castilla la Mancha, País Vasco, Alcalá de Henares, Complutense, Salamanca y Sevilla, que han puesto lo mejor de ellas para realizar juegos divulgativos, sorteos y premios para que todo el mundo aprenda a poner su granito de arena para frenar este gran problema global. Además, este año ¡Corre sin resistencias! ha mostrado su versión más *One Health* permitiendo la participación de las mascotas de los corredores. Incluso en la carrera de Madrid, organizada por la Universidad Complutense, se preparó un pódium con premios para los mejores corredores peludos.



Pódium de las mascotas ganadoras de la carrera en la Universidad Complutense de Madrid.



Salida de la carrera ¡Corre sin resistencias! en Albacete.



Corredores en la Universidad de Salamanca.



08

Texto: César de Haro  
Secretario General de la FCySO  
cesar.deharo50@gmail.com

## 27º Premio Carmen y Severo Ochoa de Investigación en Biología Molecular 2022



*Bajo la Presidencia de Honor de SS.MM. los Reyes*

Se convoca

**El 27º Premio Carmen y Severo Ochoa de Investigación en Biología Molecular 2022** dotado con 12.000 euros, que se otorgará a un investigador por la labor realizada principalmente en España en los últimos cinco años.

Los candidatos podrán presentarse personalmente o se presentados por alguna de las instituciones de relevancia científica en el campo de la Biología Molecular: Universidades, Institutos de Investigación, Reales Academias, etc., así como otros científicos.

Se remitirán las publicaciones representativas del trabajo realizado, así como el *curriculum vitae*.

Las propuestas habrán de enviarse a la dirección de correo [icosano@ucm.es](mailto:icosano@ucm.es).

El premio estará patrocinado por la empresa Vegal Group.



La fecha límite de recepción de propuestas será el  
**10 de Enero de 2023.**

# 09

Federation of European Microbiological Societies

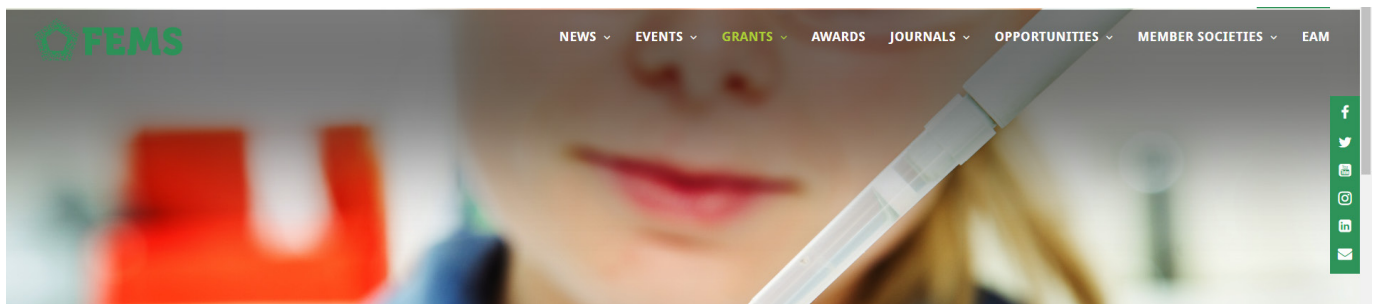
## Research and Training Grants (FEMS)

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. You can find a detailed overview of the requirements for this grant in the [FEMS Grants Regulations](#).

*\*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



**Federation of European  
Microbiological Societies**

## 10

Texto: Rafa Blasco, Francisco Castillo, Kenneth N. Timmis  
 The International Microbiology Literacy Initiative  
 kntimmi@googlemail.com

# MicroDefensor: Pseudo-Alca

## *Pseudomonas pseudoalcaligenes* CECT 5344

### **Salto a la fama: comer un veneno (cianuro)**

El cianuro es un potente veneno producido por algunos organismos para matar a otros inhibiendo la respiración mitocondrial. Por lo tanto, resulta sorprendente que algunos organismos coman cianuro. Pseudo-Alca lo hace, y además le encanta.

*El cianuro es un compuesto natural.* El cianuro es producido por varias especies de plantas y también por la industria, pero ¿por qué una planta produce un veneno? Simplemente para defenderse de patógenos y depredadores. El cianuro tiene un sabor amargo nada apetecible, el de las almendras amargas y, además, es muy tóxico. Pero ¿cómo evitan las plantas auto envenenarse? En primer lugar, mediante un mecanismo respiratorio resistente al cianuro que sustituye la reacción sensible al cianuro por otra insensible, un mecanismo que también poseen algunas especies de hongos y bacterias. Por otra parte, elimina el cianuro mediante una ruta metabólica que lo transforma en amonio y aminoácidos.

*El cianuro usado como veneno para matar a otros humanos.* El envenenamiento ha sido usado por los humanos durante milenios para eliminar enemigos sin la necesidad de cometer evidentes y punibles actos de violencia. El emperador romano Nerón utilizaba extractos acuosos de laurel cerezo, *Prunus laurocerasus*, para deshacerse de algunos ciudadanos molestos. Sin embargo, en la actualidad el envenenamiento por cianuro en humanos suele tener su origen en la contaminación ambiental.

*El cianuro es biodegradable.* Los compuestos químicos de origen biológico suelen ser biodegradables porque, de no ser así, se acumularían en el medio ambiente, cosa que no suele ocurrir. Pero en el caso del cianuro, excepcionalmente se puede acumular en el medio ocasionando graves problemas de contaminación ambiental.

*El cianuro se acumula en el medio debido a su masiva producción y uso en procesos industriales.* El problema de la contaminación por cianuro se debe a que se produce químicamente en enormes cantidades para ser utilizado en procesos industriales. Por ejemplo, el cianuro se usa con profusión para extraer oro de las minas, o en procesos de galvanoplastia en la industria automovilística para recubrir metales y protegerlos contra la corrosión.

Estas y otras actividades generan residuos líquidos con altas concentraciones de cianuro que, si se vierten al medio ambiente,



Vertido de cianuro de Baia Mare (Rumania), en el año 2000.

pueden causar problemas muy serios de contaminación. La filtración desde lagunas conteniendo residuos cianurados hacia aguas superficiales o subterráneas es una gravísima amenaza para la vida salvaje y la población humana, como ocurrió en el año 2000 durante la catástrofe ambiental de Baia Mare en Rumanía, la peor acaecida en Europa desde el desastre de Chernobyl.

*Tratamiento de residuos cianurados.* Para evitar la contaminación ambiental por cianuro, los residuos deben ser tratados antes del vertido en el medio ambiente. La opción química es oxidar el cianuro para convertirlo en compuestos inocuos. El problema de estos tratamientos es que los oxidantes utilizados son peligrosos en sí mismos, también son caros, y generan intermediarios tóxicos que pueden escapar al medio ambiente.

***Pseudomonas pseudoalcaligenes* es capaz de “comer” cianuro por lo que es nuestra aliada para el tratamiento de residuos cianurados**

*iPseudo-Alca al rescate!* La alternativa biológica es utilizar una bacteria que coma cianuro (cianotrofa). Esta opción es más respetuosa con el medio ambiente, pero requiere encontrar la bacteria adecuada. Como el cianuro es un compuesto natural, nada mejor que buscarla en el propio medio ambiente. Nosotros la buscamos a partir de lodos procedentes de sitios supuestamente contaminados con cianuro. Nuestro MicroDefensor, Pseudo-Alca, fue aislada por enriquecimiento selectivo a partir de estos lodos, en medios con cianuro como única fuente de nitrógeno a pH alcalino. La alcalinidad es importante para evitar que el cianuro se evapore en forma de ácido cianhídrico, que es extremadamente venenoso.

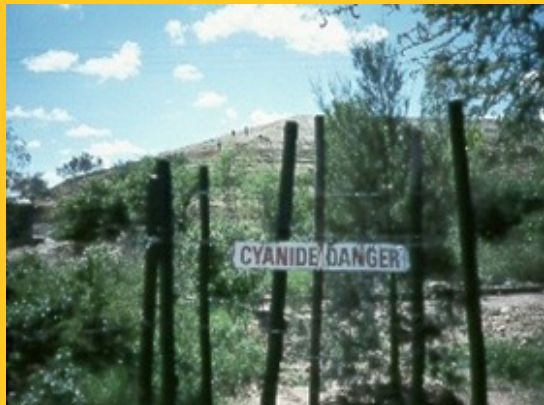
Pseudo-Alca puede proliferar en condiciones realmente extremas, como las que presentan los residuos cianurados industriales, convirtiendo el cianuro en biomasa. Al degradar el cianuro, Pseudo-Alca evita su descarga al medio ambiente, haciendo que el vertido sea totalmente inocuo y protegiéndonos así, tanto a nosotros y al resto de seres vivos, del envenenamiento por cianuro.

**iPseudo-Alca es un MicroDefensor formidable!**

Una última razón para querer a Pseudo-Alca. En la actualidad contemplamos al cianuro como un veneno, pero es imposible entender el origen abiótico de las biomoléculas sin el cianuro como ingrediente. Por esta razón, entender el metabolismo del cianuro podría ser un gran paso adelante en la comprensión del origen de la vida misma.



Proceso de galvanoplastia.



Laguna en mina de oro conteniendo cianuro.



## 11

Texto: Juan J. Borrego  
Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga  
jjborrego@uma.es

# La Microbiología en sellos

## XLII (VI). Premios Nobeles (2009-2020)

Continuamos con esta serie de microbiólogos Premios Nobeles en Medicina y Fisiología y Química en el período 2009-2020.

**2009. Thomas Arthur Steitz** (1940-2018, Estados Unidos) (Fig. 1): Premio Nobel de Química. Su campo fue la cristalografía, realizó estudios en la relación estructural del ribosoma y las resistencias a antibióticos en bacterias.

**2009. Ada Yonath** (1939- , Israel) (Fig. 1): Premio Nobel de Química. Su trabajo se ha centrado en la determinación y el estudio de la estructura de los ribosomas, macromoléculas responsables de la síntesis de proteínas y el modo de acción de los antibióticos. Introdujo una nueva técnica, la criobiocristalografía.



Fig. 1.- Steitz, República del Congo (2010), Catálogo Yvert et Tellier nº 1142 (descargado de Shutterstock)(arriba). Yonath, República Centroafricana (2011), Catálogo Michel nº 3124 (abajo).

**2009. Jack Szostak** (1952- , Estados Unidos-Reino Unido) (Fig. 2): Sus estudios sobre la recombinación en la levadura *Saccharomyces cerevisiae* le permitió descubrir una manera de introducir ADN foráneo en la levadura mediante

transformación. Estos estudios demostraron que las moléculas de ADN circulares de plásmidos podrían en ocasiones integrarse en el ADN cromosómico de la levadura mediante recombinación homóloga. En la *Harvard Medical School* descubrió la telomerasa, una enzima que protege a los cromosomas de la degradación. El trabajo no sólo reveló una función celular clave, sino que también ayudó a comprender los procesos implicados en la enfermedad y el envejecimiento. En 1980, Szostak comenzó a colaborar con la Dra. Blackburn, juntos demostraron que las secuencias repetidas de nucleótidos que se encuentran en los telómeros de un protozoo unicelular (*Tetrahymena*) también servían para proteger a los cromosomas en células de las levaduras, lo que demuestra que habían descubierto algo muy básico que existía en una amplia gama de organismos. Este fue el primer vínculo entre la biología molecular de los telómeros y la senescencia celular, el envejecimiento y la muerte de las células.

**2011. Bruce Allan Beutler** (1957- , Estados Unidos) (Fig. 3): Trabajó en los laboratorios de Abraham Braude sobre la biología de los lipopolisacáridos (LPS) y endotoxinas, y con Patricia Spear en el virus del herpes simple. Posteriormente, Beutler investigó los mecanismos innatos de la resistencia a las infecciones que posteriormente denominó como autoinmunidad. Él fue el primero en aislar de un ratón, un factor génico de la necrosis tumoral, denominado factor alfa (TNF-alfa), y en demostrar el potencial antiinflamatorio de la citocina, probando su importante función en la ruptura de la inducción de endotoxinas (LPS) por parte de las células tumorales. Desarrolló el Etanercept, un medicamento para tratamiento de la artritis reumatoide, enfermedades de Crohn y psoriasis así como otros tipos de inflamaciones. Beutler usó células tumorales para producir fenotipos al objeto de identificar receptores de LPS. La identificación de la localización genética en los mamíferos del gen *Lps* es conocida desde los años 60 y es clave en la determinación genética de todas las



Fig. 2.- Szostak, República del Congo (2010). Procedente de Hoja Bloque, Catálogo Yvert et Tellier nº B578 (descargado de Alamy).

respuestas biológicas de los LPS. Beutler descubrió la clave de la sensibilidad a la infección microbiana de los mamíferos, demostrando que uno de los receptores "Toll", en la membrana celular, es el TLR4, formando parte del complejo receptor de los LPS. Cada uno de los 10 receptores tumorales TLR en humanos detecta un tipo de moléculas de los microorganismos que provocan la infección. El mapeo del gen *Lps* fue completado en 1998, y Beutler continuó aplicando sus descubrimientos genéticos en el estudio de la inmunidad animal en mamíferos. Descubrió también que las mutaciones génicas que se producen en las infecciones autoinmunes son minimizadas usando agentes alquilantes. La mutagénesis de los agentes alquilantes ha sido utilizada por Beutler y colaboradores en el estudio de la respuesta definida contra agentes infecciosos, como el citomegalovirus murino, identificando un número importante de genes que se les denomina "resistomas" de este virus.

**2011. Ralph Marvin Steinman** (1943-2011, Canadá) (Fig. 3): Descubrió las células dendríticas y su papel en la inmunidad adaptativa. Las células dendríticas son células del sistema inmunitario innato cuya función es capturar antígenos en la periferia y transportarlos a los órganos linfoides secundarios para ser presentarlos a los linfocitos T. Steinman falleció tres días antes del anuncio del premio Nobel. El comité

Nobel en Suecia, aclaró que se mantendría la concesión del galardón debido a que fue elegido antes de que conocese la noticia de su fallecimiento, por lo que se había respetado la norma de no premiar a título póstumo.

**2015. Satoshi Omura** (1935- , Japón) y **William Cecil Campbell** (1930- , Irlanda) (Fig. 4): Desde la década de 1970, el Dr. Omura descubre más de 480 nuevos compuestos, de ellos hay 25 tipos de medicamentos comercializados. Se ha dedicado a la búsqueda de nuevos fármacos para curar enfermedades parasitarias, transmitidas en su mayoría por insectos, que afectan a los países tropicales menos desarrollados. Sus investigaciones sobre el cultivo a gran escala de nuevas cepas de *Streptomyces* aisladas del suelo, le permitieron en 1974 identificar la especie *S. avermitilis*. Esta cepa fue donada a los laboratorios Merck & Co. Inc. de Nueva Jersey, y fue la base para que el equipo del Dr. Campbell mejorara su cultivo y obtener la avermectina. La avermectina fue modificada químicamente con el nombre de ivermectina para aumentar su eficacia y, en 1981, se empezó a comercializar para curar enfermedades producidas por nemátodos, como la oncocercosis “ceguera de los ríos” (*Onchocerca volvulus*), la filariasis linfática que provoca la elefantiasis (*Wuchereria bancrofti* y *Brugia malayi*) y la estrogiloidosis (*Strongyloides stercoralis*). Además, este fármaco también es efectivo contra los ácaros que producen la sarna (*Sarcoptes scabiei*). Marcando un hito en la historia farmacéutica, en 1987 Merck & Co., Inc., declaró su donación gratuita para la curación de la oncocercosis y filariasis linfática y actualmente es distribuida a más de 130 millones de personas al año.

**2015. Tu Youyou** (1930- , China) (Fig. 4): Descubrió la artemisinina (también conocida como dihidroartemisinina), utilizada para la terapia de la malaria. El punto de partida de su investigación se basó en la exploración de textos sobre medicina china tradicional. El descubrimiento de la artemisinina y su efectividad sobre la malaria está considerado como el descubrimiento más relevante de la Medicina Tropical.



Fig. 4.- Youyou, Omura y Campbell, Sierra Leona (2015), Catálogo Michel nº 6707.



Fig. 3.- Beutler, Mozambique (2011), Catálogo Michel nº 5267. Steinman, Mozambique (2011), Catálogo Michel nº 5268.

**2015. Yoshinori Ohsumi** (1945- , Japón) (Fig. 5): El Dr. Ohsumi trabajó en la autofagia con la identificación en *Saccharomyces cerevisiae* de los genes relacionados con este proceso, y demostró que el mismo mecanismo funciona también en los seres humanos [véase el trabajo: Historical landmarks of autophagy research. Cell Research 24, 9-23 (2014)]. Las células emplean la autofagia para obtener energía y materiales de manera rápida en caso de inanición o situaciones de estrés. En infecciones, las células también utilizan la autofagia para eliminar bacterias o virus invasores.

**2018. Frances Hamilton Arnold** (1956- , Estados Unidos) (Fig. 6): Premio Nobel de Química. Es pionera en la investigación de métodos de evolución dirigida para crear sistemas biológicos útiles, incluyendo enzimas, rutas metabólicas, circuitos de regulación genética y los organismos con evolución dirigida. Este proceso puede ser aplicado para diseñar proteínas que puedan cumplir con una variedad de tareas, como usar enzimas para producir biocombustibles y compuestos farmacéuticos que causen menos daño al medio ambiente. Otras aplicaciones del trabajo de Arnold fueron la producción de biocombustibles, en especial el isobutanol, que puede producirse con *E. coli*, pero requiere el cofactor NADPH. *E. coli* produce la nicotinamida adenina dinucleótido, o NADH, por ello, Arnold diseñó enzimas que usan NADH para permitir la producción del isobutanol.

**2018. Gregory Paul Winter** (1951-, Reino Unido) (Fig. 6): Premio Nobel de Química. Es un investigador puntero en inmunología, desarrollando numerosas técnicas de producción de anticuerpos monoclonales terapéuticos.

**2018. George P. Smith** (1941-, Estados Unidos) (Fig. 6): Premio Nobel de Química. Desarrolló una técnica en la que la secuencia de una proteína específica se inserta artificialmente en el gen de una proteína

de cápside de un bacteriófago, lo que hace que la proteína se exprese en el exterior del bacteriófago. Smith describió la técnica de *phage display* por primera vez en 1985.

**2020. Harvey James Alter** (1935- , Estados Unidos) (Fig. 7): Se hizo acreedor al Premio Nobel en Fisiología y Medicina por su “contribución decisiva a la lucha contra la hepatitis en la transmisión sanguínea”, por el “descubrimiento del virus de la hepatitis C”. Ya en 1964, Alter co-descubrió el antígeno Australia con Baruch Blumberg, trabajo esencial para el aislamiento del virus de la hepatitis B. A mediados de la década de 1970, Alter y su equipo de investigación demostraron que la mayoría de los casos de hepatitis post-transfusional no se debían a los virus de la hepatitis A y B. El trabajo de Alter, en colaboración con los de Bob Purcell, y Edward Tabor, demostraron en chimpancés que una nueva forma de hepatitis, inicialmente llamada “hepatitis no A, no B” causaba las infecciones, lo que

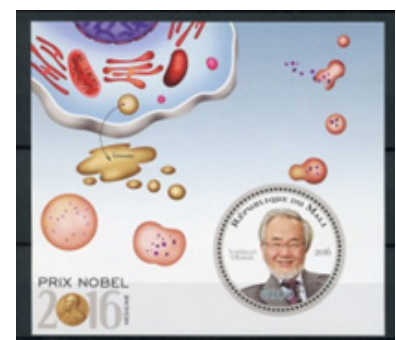
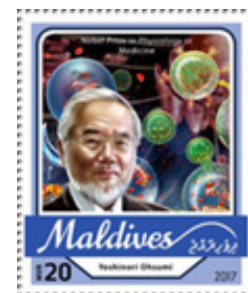


Fig. 5.- Ohsumi, Maldivas (2017), Catálogo Yvert et Tellier nº 1901 (arriba). República de Mali (2016) Hoja Bloque Cienicientas (abajo).



Fig.6.- Arnold, Winter y Smith, Angola (2019), Catálogo Colnet nº 2019-19.

condujo al descubrimiento del virus de la hepatitis C.

**2020. Michael Houghton** (1949- , Reino Unido) (Fig. 7): En 1982 trabajando en Chiron Corporation, junto con sus colegas Qui-Lim Choo, George Kuo y Daniel W. Bradley descubrieron por primera vez la evidencia del virus de la hepatitis C (VHC). Houghton, en 1989 y 1990, identificó anticuerpos contra la hepatitis C en la sangre de pacientes con mayor riesgo de contraer la enfermedad, lo que condujo al desarrollo de una prueba de su detección en sangre. Houghton y colaboradores relacionaron la hepatitis C con el cáncer de hígado, y en 2013, el equipo de demostró que una vacuna derivada de una sola cepa de VHC era eficaz contra todas las cepas del virus. A partir de 2020, esta vacuna se encuentra en ensayos preclínicos.

**2020. Charles M. Rice** (1952- , Estados Unidos) (Fig. 7): En 1981, realizó su doctorado en el estudio de virus ARN en el laboratorio de James Strauss. En su etapa post-doctoral, estuvo involucrado en la investigación del genoma del virus Sindbis y el establecimiento de los flavivirus como una familia de virus. La cepa del virus de la fiebre amarilla que utilizó para este trabajo se aplicó para el desarrollo de la vacuna contra la fiebre amarilla. Mientras exploraba el virus Sindbis, Rice describió cómo produjo ARN de flavivirus infeccioso en el laboratorio. Este trabajo atrajo la atención de Stephen Feinstone, que estaba estudiando el virus de la hepatitis C y sugirió que Rice usara esta técnica para desarrollar una vacuna contra la hepatitis C. En 1997, Rice cultivó el primer clon infeccioso del virus de la hepatitis C para su uso en estudios con chimpancés. En 2005, Rice también formó parte de un equipo que demostró que una cepa de una forma aguda del virus identificado en un paciente humano puede replicarse en un laboratorio.

**2020. Emmanuelle Charpentier** (1968- , Francia) (Fig. 8): Premio Nobel de Química por el desarrollo de un método para edición genética. Charpentier es más conocida por su papel en descifrar los mecanismos moleculares del sistema inmunológico bacteriano CRISPR-Cas9 (*clustered regularly interspaced short palindromic repeats*) y su aplicación como herramienta en ingeniería genética. En colaboración con el laboratorio de Jennifer Doudna, el laboratorio de Charpentier descubrió como Cas9 podría ser usado para hacer cortes en cualquier secuencia deseada de un genoma e insertar, suprimir o modificar ADN. El método que desarrollaron implicaba la combinación de Cas9 con moléculas sintéticas de ARN guía de fácil creación. Investigadores de todo el mundo utilizan este método para manipular de forma eficaz ADN de plantas, animales y líneas celulares de laboratorio.

**2020. Jennifer Anne Doudna** (1964- , Estados Unidos) (Fig. 8): Premio Nobel de Química. Doudna modificó el intrón

catalítico del grupo I para convertirla en una verdadera ribozima catalítica capaz de copiar plantillas de ARN. Al reconocer las limitaciones de no ser capaz de ver los mecanismos moleculares de las ribozimas, comenzó a trabajar para cristalizar y resolver la estructura tridimensional del intrón catalítico del grupo I del protozoo *Tetrahymena* en 1991. Su trabajo inicial en la solución de grandes estructuras de ARN la llevaron a hacer más estudios estructurales de la ribozima del virus de hepatitis delta (HDV), el IRES y complejos proteína-ARN como la partícula de reconocimiento de señal. En 2012, Doudna y sus colegas realizaron un nuevo descubrimiento que reducía el tiempo de trabajo necesario para editar el ADN genómico. Su descubrimiento se basa en una proteína llamada Cas9 que se encuentra en el sistema inmunitario de *Streptococcus* "CRISPR", que trabaja como unas tijeras, y fue descubierto por Francisco Mojica en la Universidad de Alicante. La proteína se une al ADN del virus y lo corta.



Fig.7.- Alter, Rice y Houghton, República de Guinea (2020), Catálogo Colnet nº 2020-263a.



Fig.8.- Charpentier y Doudna, República de Djibouti (2020), Sellos Centientas.



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**

## 12

Texto: Carmen Palomino<sup>1</sup> y Cesar Palacios<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Instituto de Salud Tropical, Universidad de Navarra; <sup>2</sup>Centro Nacional de Biotecnología  
 Grupo de Jóvenes Investigadores de la SEM  
 cpalominoca@unav.es, cpalacios@cnb.csic.es

# Micro Joven

## Dime LUCA... Al otro extremo del Edén (parte III)

En la anterior entrega de esta serie sobre LUCA (*Last Universal Common Ancestor*) hablamos de su posible retrato genético y del ambiente extremófilo en el que surgiría. En esta tercera y última parte sobre el “tatarabuelo” de todos los seres vivos, discutiremos sobre preguntas científicas con cierto matiz filosófico: **¿tiene sentido seguir hablando de LUCA? ¿Puede que existiese más de un tipo de LUCA? ¿dónde estaría ubicado en el árbol de la vida?**

La teoría del “mundo ARN”, planteada en primer lugar por Alex Rich en 1962, postula a la molécula de ARN como la molécula puente entre la química prebiótica y las primeras formas bióticas ancestrales en el “caldo primigenio”, anteriores incluso a LUCA. Su capacidad de autorreplicación, su posible papel como repositorio de información genética primitivo, la actividad catalítica de algunas moléculas de ARN (ribozimas) y otros atributos podrían haber conferido al ARN un papel protagonista en la historia de la formación de los primeros conglomerados macromoleculares con funciones genéticas y enzimáticas básicas, también conocidos como T-LUCAs, que ya mencionamos la pasada semana.

Esta teoría ha recibido críticas en las últimas décadas, aunque actualmente existe bastante consenso en torno a la idea de los T-LUCAs como entidades basadas en el ARN. No obstante, las discrepancias emergen cuando el debate se centra en el material genético de LUCA. Las predicciones de William Martin y su equipo descritas anteriormente en esta saga sobre LUCA se asientan sobre el ADN como sustrato genético del mismo mientras que otros autores, como Woese y Diener, abogan por un LUCA que aun viviese en el mundo ARN. Otros autores sin embargo describen al último ancestro común como un individuo híbrido ARN/ADN que en vez de habitar en un mundo ARN puro habría existido en un sistema quimérico de oligonucleótidos. A través de un proceso gradual de evolución química, este ambiente molecular heterogéneo habría dado paso al sistema homogéneo “ADN --> ARN --> Proteínas” que conocemos hoy día. ¿Siguió siendo LUCA un organismo basado en el ARN, se encontraba ya en la transición ARN/ADN o podemos hablar de una forma de vida

muy similar a la moderna con un genoma enteramente basado en ADN?

En el año 2015, un grupo liderado por la Dra. Banfield describió por primera vez la existencia de las bacterias del grupo CPR (Radiación de Filos Candidatos), un nuevo grupo de bacterias que podría contribuir con el 50% de la diversidad bacteriana global. Estos organismos, descubiertos íntegramente gracias a las nuevas técnicas metagenómicas ya que no se han conseguido cultivar en el laboratorio, se caracterizan por tener tamaños nanométricos, genomas pequeños y grandes carencias en cuanto a rutas biosintéticas básicas, rasgos compartidos con otro grupo nuevo de arqueas descubiertas mismamente por medio de técnicas independientes de cultivo, las arqueas del superfilo DPANN.

El gran interés que suscitan estos nuevos microorganismos no radica únicamente en sus peculiaridades metabólicas y ecológicas sino en su antigüedad y el cambio de paradigma que implica su relación filogenética con LUCA. ¿Y si la posición de LUCA en el árbol de la vida no fuese una foto fija? ¿Y si los avances en el conocimiento de la diversidad existente sobre nuestro planeta recolocasen en el tiempo a nuestro “pariente universal”?

El descubrimiento de las bacterias CPR y arqueas DPANN, entroncadas en la base más ancestral de sus respectivos dominios, ha hecho retroceder la ubicación hipotética de LUCA en el árbol de la vida, posicionándolo más atrás en el tiempo. Este nuevo enfoque podría cambiar todos los modelos que manejamos hasta el momento ya que los representantes vivos más cercanos a LUCA no serían los clostridios y las metanógenas previamente propuestas sino las bacterias CPR y arqueas DPANN con las ramas más cortas del árbol, más concretamente *Wirthbacteria*, *Nanohaloarchaeota* y *Nanoarchaeota*. De confirmarse esto, LUCA habría sido un organismo mucho más sencillo de lo que pensamos, menos autónomo o incluso episimbionte como ocurre con las bacterias CPR y arqueas DPANN.

En este momento cabe destacar la procedencia extremófila de todos estos grupos, algo que concuerda con el ambiente originario de LUCA, extremo e inhóspito: un acuífero frío con una alta concentración en CO<sub>2</sub> en el caso de *Wirthbacteria*, lagos hipersalinos en el caso de *Nanohaloarchaeota* y fumarolas hidrotermales submarinas en el caso de *Nanoarchaeota*. Los avances en el descubrimiento de estos procariontes no cultivables se han conseguido, no solo gracias a las mejoras en las técnicas





metagenómicas, sino también poniendo el foco sobre ambientes extremos hasta el momento inexplorados o reducidos a meras singularidades ecológicas.

Siguiendo con esta línea de razonamiento, si a día de hoy se encontrasen nuevos grupos de bacterias o arqueas aún más antiguas de las que ya conocemos, la posición de LUCA en el árbol de la vida debería retroceder aún más. Sin embargo, algunos autores van aún más lejos. El término LUCA se ha empleado tradicionalmente para referirnos al ancestro común de todas las formas de vida que conocemos, pero este término teórico no tiene porqué circunscribirse a las formas de vida celular presentes, sino que podríamos hablar de otro antecesor común universal para todas las formas de vida celulares, existentes y extintas, presentes y pasadas, en el hipotético e improbable caso de muestrear y secuenciar ADN proveniente de fósiles de hace miles de millones de años.

La posible existencia de diversos LUCAs a lo largo del tiempo (LUCA de la vida celular presente, LUCA de la vida celular presente y extinta, y LUCA de todas las formas de vida, celular y acelular) arroja sobre la mesa un modelo para el origen de la vida en la Tierra más complejo, pero al mismo tiempo más real. Sin embargo, este modelo puede complicarse todavía un poco más pues si no es del todo descabellado imaginar varios LUCAs habitando en distintos tiempos, tampoco lo es imaginar varios LUCAs distintos coexistiendo a la vez.

Lo que propone exactamente el Dr. Jheeta en su artículo “*Extremophiles and Horizontal Gene Transfer: Clues to the Emergence of Life*” es que lo más probable es que existiesen varios LUCAs al mismo tiempo en constante evolución química y maduración, cada uno en un estadio evolutivo distinto pues definir un único LUCA en un estado particular es excesivamente simplista e irreal.

Es cierto que muchos investigadores han tratado de descubrir las vestiduras que habría portado LUCA, lo cual también nos parece encomiable. Las condiciones extremas de la Tierra primigenia habrían seleccionado LUCAs con ciertos caracteres comunes, necesarios para obtener energía y sintetizar materia. No obstante, creemos que el puzle no estaría completo si no tuviésemos en cuenta la más que probable posibilidad de un conjunto parcialmente heterógeno de LUCAs coetáneos extremófilos de los cuales, los mejor adaptados y más resistentes a las condiciones del momento habrían resaltado por encima del resto dando lugar a una progenie aún más resistente y extremófila que eones más tarde los seres humanos

llamaríamos bacterias y arqueas. El resto de LUCAs del momento habrían sucumbido ante la clara ventaja adaptativa de estos nuevos competidores o incluso podrían haber acabado como su alimento.

A día de hoy, existe bastante consenso en considerar a *Bacteria* y *Archaea* como los dos primeros dominios de la vida celular en aparecer en escena a partir de LUCA, así como considerar a *Eukarya* como un vástago de las arqueas fruto de la simbiosis entre un miembro del supergrupo Asgard y una  $\alpha$ -proteobacteria. No obstante, esta teoría multi-LUCA ha desestabilizado bastante la idea del árbol filogenético tradicional de un solo tronco en el que LUCA representaría la base del mismo. Nosotros también tenemos nuestra teoría, y proponemos un árbol de dos troncos. Este modelo pondría en su base no a un LUCA sino a un conjunto heterógeno de LUCAs de límites difusos de los cuales, dos linajes habrían sido seleccionados por el ambiente para formar las bacterias y arqueas (Fig. 1). Uno podría argüir que este modelo está totalmente carente de monofilia y que el problema del origen de la vida no se resuelve, sino que simplemente se obvia, pero, aprovechamos para lanzar la siguiente pregunta, ¿realmente seremos capaces de determinar fielmente todos los caracteres del primer LUCA aun con todos los avances tecnológicos que estamos viviendo y que nos aguardan en el futuro? Es más, ¿acaso la frontera entre la vida y la no vida en sus orígenes es tan nítida que nos permita incluso debatir sobre la existencia de un LUCA? ¿No será LUCA acaso un constructo artificial creado por el hombre para enraizar los árboles filogenéticos que necesita trazar para clasificar la naturaleza?

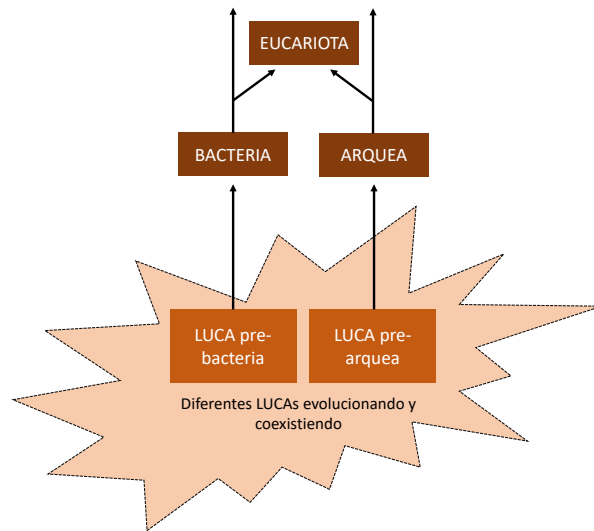


Fig.1.- Árbol filogenético alternativo que postula un desarrollo temprano difuso de la vida en la Tierra emergiendo dos antecesores claros que constituirían en último término los troncos de las bacterias y de las arqueas. Fenómenos endosimbiontes posteriores favorecerían la aparición de la rama eucariota.

Este problema de raigambre ya ha sido abordado por otros autores como el Dr. Jheeta que propone un nuevo modelo de árbol filogenético: un arbusto enmarañado y desenraizado, un modelo que postula un origen de la vida difuminado, sin una raíz clara en un único LUCA, y, sobre todo, que tiene en cuenta los constantes fenómenos de THG que han marcado la historia de la evolución desde sus orígenes.

Parece relativamente claro hoy día que el famoso LUCA no fue ni mucho menos el origen de la vida en la Tierra sino un organismo sencillo procedente de un caldo prebiótico primitivo y heterógeno constituido por sistemas quiméricos entre lo inerte y lo vital. Este LUCA habría sido por tanto un linaje seleccionado a lo largo de la evolución para finalmente divergir en bacterias y arqueas.

Igual que empleamos “ventanas espaciales” en nuestro planeta para entender cómo podría desarrollarse la vida en otro planeta, aprovechemos las “ventanas temporales” que nos ofrecen los extremófilos del presente para, a través de su estudio, obtener una visión más real de cómo pudo haber sido la vida hace miles de millones de años. El descubrimiento de nuevos grupos microbianos y genes podría recolocar a LUCA en otro punto temporal de nuestra historia y darnos nuevas ideas sobre su metabolismo y fisiología. Hay quien, sin ver una aplicación inmediata a este tipo de investigaciones, se pregunte por la utilidad de este conocimiento. Platón responde: “*En todas las cosas, naturales y humanas, el origen es lo más excelso*”. ¿Quién no querría conocer el origen de nuestra vida?

## 13

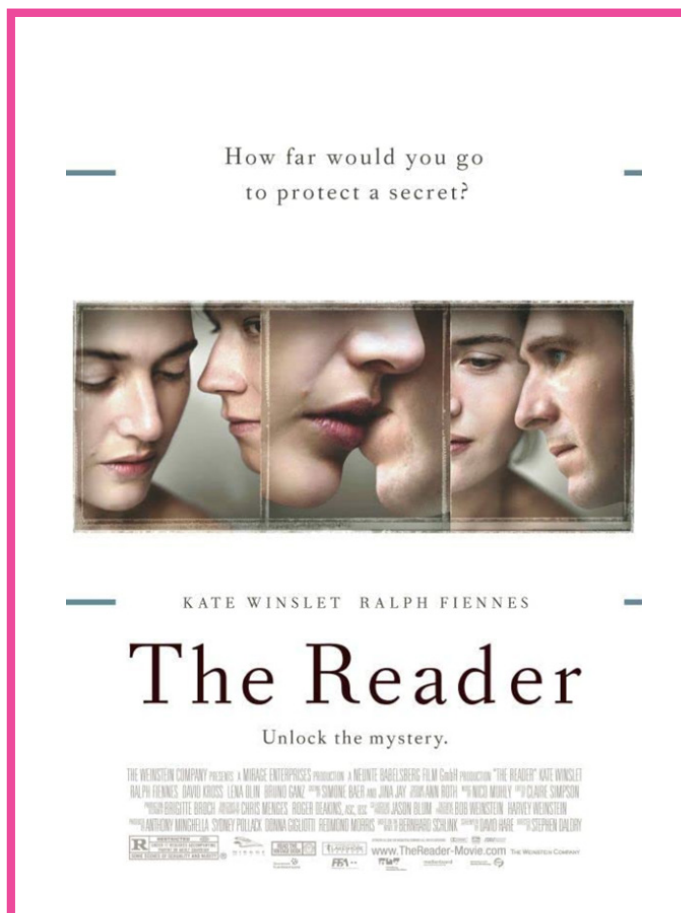
Texto: Manuel Sánchez  
 m.sanchez@goumh.umh.es  
<http://curiosidadesdelamicrobiologia.blogspot.com/>  
<http://podcastmicrobio.blogspot.com/>

# Biofilm del mes

## El lector (*The Reader*)

Director: Stephen Daldry (1982)

Origen del póster y ficha en la [IMDB](https://www.imdb.com/title/tt1128574/)



una cosa en la que destacan los alemanes es la de inventar palabras, así que acuñaron el término *Vergangenheitsbewältigung* para describir ese sentimiento. Para la adaptación de la novela se estableció una estrecha colaboración entre el director Stephen Daldry, el guionista David Hare y el autor Bernhard Schlink. Se consideró necesaria porque gran parte de la novela está dedicada a describir los pensamientos internos del personaje de Michael, y eso es algo difícil de adaptar en una obra filmada.

En *El lector* la trama nos sitúa inicialmente en la Alemania de 1958 y el personaje de Michael Berg es un chaval de 15 años, así que sólo tenía dos años al acabar la guerra. Hanna Schmitz, en cambio, es una mujer con más de treinta años, por lo que tuvo que tener algún papel durante el conflicto. El romance que se establece entre ambos simboliza el encuentro entre esas dos generaciones y el juicio posterior su enfrentamiento. Otra metáfora es el analfabetismo de Hanna. La Alemania de los años 30 era una de las sociedades más culturizadas, así que lo que representa ese analfabetismo es la ignorancia moral de la gente común hacia las atrocidades cometidas por el gobierno nazi.

¿Y cuál es el papel de la microbiología en esta película? Pues aparece en los 6 primeros minutos de la película y es la causa del encuentro entre ambos. Tras el colegio, Michael regresa a su casa en una tarde de lluvia. Se encuentra enfermo y con fiebre, así que se refugia en el portal donde vive Hanna. Ésta le cuida y le acompaña a su casa. Una vez allí vemos como el médico le examina y diagnostica que padece escarlatina (en la novela es hepatitis), así que le dice a su madre que debe de estar aislado y reposar en cama hasta que remita la infección. Pasados tres meses vuelve a casa de Hanna con un ramo de flores para darle las gracias.

Buen drama que te hace reflexionar sobre cómo debemos de enfrentarnos al pasado.

El 2008 fue uno de los mejores años de la carrera artística de Kate Winslet. Protagonizó dos películas que le dieron merecida fama como gran actriz: *Revolutionary Road* (dirigida por Sam Mendes) y *El lector*, que le haría ganar el Oscar. Curiosamente estuvo en un trío de no protagonizar la película. El rodaje comenzó en septiembre del 2007 y en este momento Winslet estaba comprometida con *Revolutionary Road*, así que el papel se lo dieron a Nicole Kidman. Pero ésta se quedó embarazada y en enero de 2008 abandonó la producción. La productora volvió a llamar a Winslet, que ya había terminado el rodaje de *Revolutionary Road* y volvía a estar libre. Hay que reconocerle el esfuerzo que le puso, porque

para interpretar a la envejecida Hanna Schmitz debía de someterse a un proceso de maquillaje de más de siete horas. David Kross y Ralph Fiennes son los actores que le dan la réplica a Kate Winslet, interpretando al personaje de Michael Berg joven y adulto respectivamente.

Este drama romántico está basado en la novela del mismo título escrita por el alemán Bernhard Schlink. Según los críticos, la historia es una parábola semi-biográfica para describir lo que sienten las generaciones alemanas que no vivieron la Segunda Guerra Mundial, pero que tienen que lidiar con sus consecuencias, sobre todo con la responsabilidad del Holocausto. Si hay

## 14

## Próximos congresos

→ Evento	🕒 Fecha	📍 Lugar	👤 Organiza	🌐 Web
<b>XLIV Congreso chileno de Microbiología (SOMICH)</b>	29 noviembre - 2 diciembre 2022	La Serena, Chile	Sociedad de Microbiología de Chile	<a href="https://somich.cl/congreso2022/">https://somich.cl/congreso2022/</a>
<b>X Reunión del Grupo de Microbiología de Plantas</b>	25 - 27 enero 2023	Nerja	Dolores Fernández Luis Rodríguez Diego Romero Eva Arrebola Víctor Carrión	<a href="https://www.reunionmipse2023.com/inscripciones-4">https://www.reunionmipse2023.com/inscripciones-4</a>
<b>EMBO Workshop on bacterial morphogenesis, survival and virulence: dynamic genomes &amp; envelopes</b>	6 - 10 febrero 2023	Goa, India	Anjana Badrinarayanan	<a href="https://meetings.embo.org/event/23-bac-morphogenesis">https://meetings.embo.org/event/23-bac-morphogenesis</a>
<b>BioRemind 2023</b>	15 - 16 junio 2023	Muttenz, Suiza	Phillipe Corvini Olga C. Nunes Ana Rita Lado Concepción Calvo Elisabet Aranda	<a href="https://sites.google.com/view/bioremid2023">https://sites.google.com/view/bioremid2023</a>
<b>Congreso Nacional de Microbiología</b>	27 - 30 junio 2023	Burgos	David Rodríguez Lázaro	en preparación
<b>X FEMS Congress of European Microbiologists</b>	9 - 13 julio 2023	Hamburgo, Alemania	FEMS	<a href="https://www.fems2023.org/">https://www.fems2023.org/</a>



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**

# NoticiaSEM

Nº 168 / Noviembre 2022

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

## No olvides:

Blogs 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/>

### microBIO:

➔ <https://microbioun.blogspot.com/>

## 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](http://www.semicrobiologia.org)



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**