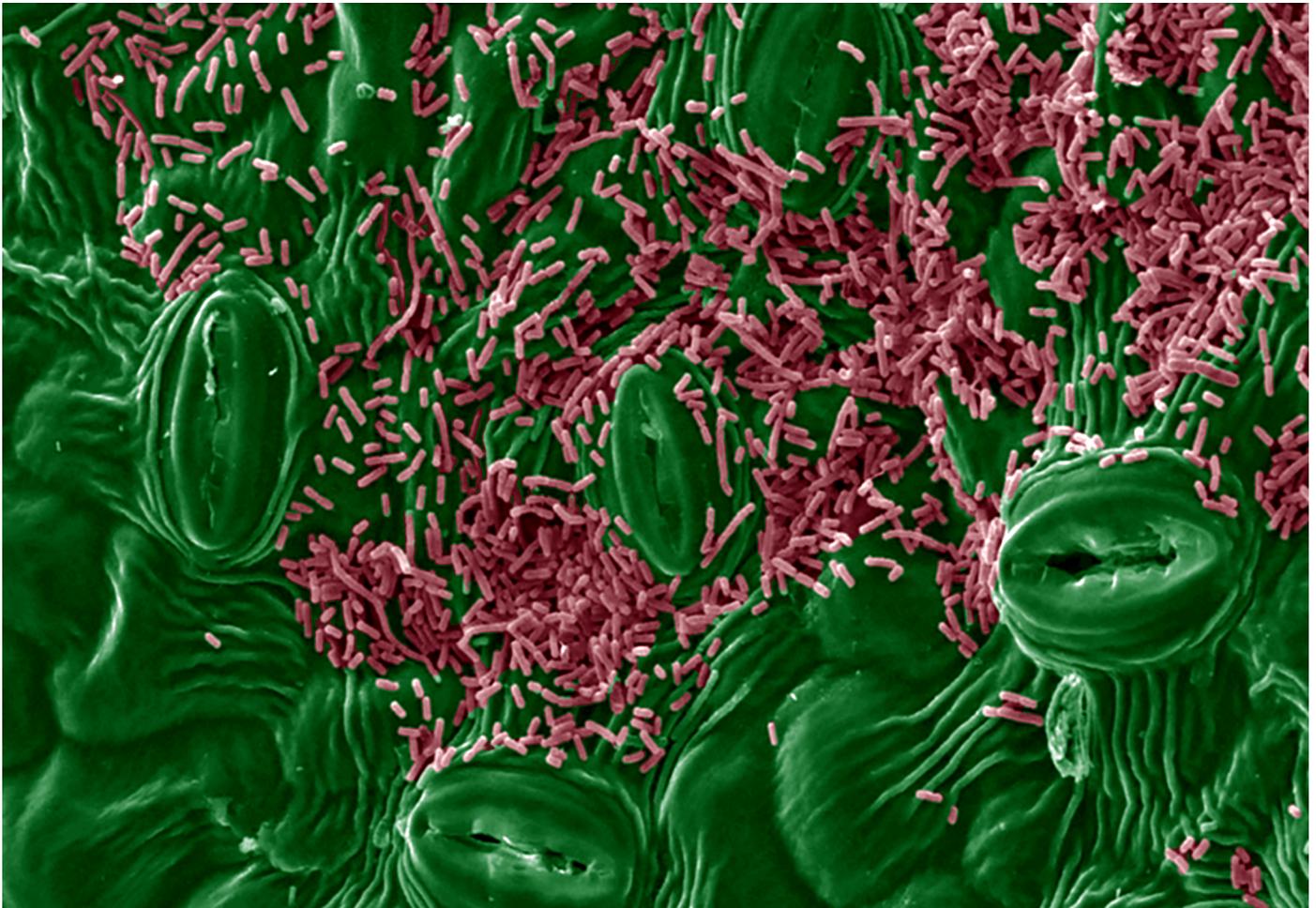


SEM@foro

Revista de la Sociedad Española de Microbiología

ESPECIAL MICROBIOLOGÍA DE PLANTAS



Cambios en la nomenclatura taxonómica

www.semicrobiologia.org

Junta Directiva de la Sociedad Española de Microbiología

Presidente

ANTONIO VENTOSA UCERO

Dpto. Microbiología y Parasitología.
Facultad de Farmacia. Universidad de Sevilla.
C/ Prof. García González, 2. 41012 Sevilla.
ventosa@us.es

Vice-Presidente y Presidente Electo

RAFAEL GIRALDO SUÁREZ

Laboratorio de Amiloides Bacterianos Sintéticos
Departamento de Biotecnología Microbiana
Centro Nacional de Biotecnología. CNB-CSIC
C/ Darwin nº 3, 28049 Madrid
rgiraldo@cnb.csic.es

Secretaria

ALICIA PRIETO ORZANCO

Centro de Investigaciones Biológicas
CSIC. C/Ramiro de Maeztu, 9. 28040 Madrid

Tesorero

VÍCTOR JIMÉNEZ CID

Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia.
Universidad Complutense de Madrid.
28040 Madrid.
vicjid@uclm.es

Editores de publicaciones

International Microbiology

JOSÉ BERENGUER

Centro de Biología Molecular Severo Ochoa.
Departamento de Biología Molecular.
CSIC-Universidad Autónoma de Madrid.
C/ Nicolás Cabrera, 1. 28043 Madrid.
jberenguer@cbm.uam.es

SEM@foro

MANUEL SÁNCHEZ ANGULO

Departamento de Producción Vegetal y
Microbiología. Universidad Miguel Hernández.
03202 Elche (Alicante).
m.sanchez@umh.es

NoticiaSEM

INMACULADA LLAMAS COMPANY

Departamento de Microbiología.
Facultad de Farmacia. Universidad de Granada.
Campus de Cartuja. 18071 Granada.
illamas@ugr.es

Directora de la Colección Española de Cultivos Tipo

ROSA AZNAR NOVELLA

Dpto. Microbiología y Ecología. Facultat de
Ciències Biològiques. Univ. de Valencia.
C/ Dr. Moliner 50. 46100 Burjassot (València).
rosa.aznar@uv.es

Responsable Cursos de Formación Continua online

DIEGO A. MORENO

Universidad de Castilla La-Mancha. Facultad de
Farmacia. Avda. Dr. José María Sánchez Ibáñez,
s/n. 02008 Albacete
Diego.Moreno@uclm.es

Webmaster de la SEM

JORDI URMENETA MASÓ

Departamento de Microbiología. Facultad de
Biología. Universidad de Barcelona. Avda.
Diagonal, 645. E-08028 Barcelona.
E-mail: jurmeneta@ub.edu

Vocales

Mª JOSÉ FIGUERAS SALVAT

Unitat de Biologia i Microbiologia.
Facultat de Medicina i Ciències de la Salut.
Universitat Rovira i Virgili.
C/ Sant Llorenç, 21. E-43201 Reus (Tarragona).
mariajose.figueras@urv.cat

INÉS ARANA BASABE

Dpto. de Inmunología, Microbiología y
Parasitología. Facultad de Ciencias y Tecnología.
Universidad del País Vasco (UPV/EHU).
C/ Barrio Sarriena s/n. E-48940 Leioa (Bizkaia).
ines.arana@ehu.es

MONTERRAT LLAGOSTERA CASAS

Dpto. de Genética i Microbiologia. Universitat
Autònoma de Barcelona. Cerdanyola del Vallés.
08193 Barcelona.
montserrat.llagostera@uab.cat

IGNACIO BELDA AGUILAR

Departamento de Genética, Fisiología y
Microbiología (Unidad de Microbiología)
Facultad de Biología
Universidad Complutense de Madrid
C/ José Antonio Novais 12, 28040-Madrid
ignaciobelda@uclm.es

Presidentes de Grupos

Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación

ANA M. GARCÍA RUIZ

Universidad Politécnica de Madrid. Escuela
Técnica Superior de Ingenieros Industriales.
C/ José Gutiérrez Abascal, 2 - 28006 Madrid.
ana.garcia.ruiz@upm.es

Hongos Filamentosos y Levaduras (Micología)

Mª ÁNGELES DE LA TORRE RUIZ

Departamento Ciencias Médicas Básicas.
Facultad de Medicina.
Institut de Recerca Biomèdica (IRBLLeida).
Biomedicina 1. Universidad de Lleida
Alcalde Rovira Roure nº80 - 25198-Lleida
mariaangeles.delatorre@udl.cat

Biología de Microorganismos Patógenos

ÓSCAR ZARAGOZA

Centro Nacional de Microbiología. Servicio
Micología. Ctra. Majadahonda-Pozuelo, km. 2.
28220 Majadahonda-Madrid.
ozaragoza@isci.ii.es

Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

JOSÉ ANTONIO GIL SANTOS

Dpto. Biología Molecular. Facultad Biología.
Universidad de León. 24004 León.
jose.a.gil@unileon.es

Microbiología de los Alimentos

GONZALO GARCÍA DE FERNANDO MINGUILLÓN

Dpto. Nutrición, Bromatología y Tecnología
de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UCM.
Avda. Puerta de Hierro s/n. 28040 Madrid.
e-mail: mingui@vet.ucm.es

Microbiología Molecular

ADELA GONZÁLEZ DE LA CAMPA

CSIC-ISCIII, Centro Nacional de Microbiología.
Cta. Pozuelo km. 2. 28220 Majadahonda (Madrid)
agcampa@isci.ii.es

Microbiología del Medio Acuático

ALICIA ESTÉVEZ TORANZO

Departamento de Microbiología. Facultad
de Biología / CIBUS. Univ. de Santiago de
Compostela. Campus Universitario Sur, s/n.
15782 Santiago de Compostela - (A Coruña).
alicia.estevez.toranzo@usc.es

Microbiología de Plantas

EMILIA LÓPEZ SOLANILLA

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas
(CBGP). Dpto. Biotecnología-Biología Vegetal.
ETSIAAB. Campus Montegancedo
Universidad Politécnica de Madrid
28223 Pozuelo de Alarcón
emilia.lopez@upm.es

Taxonomía, Filogenia y Diversidad

JESÚS LÓPEZ ROMALDE

Dpto. Microbiología y Parasitología. Facultad de
Farmacia, Univ. de Santiago de Compostela.
15706 Santiago de Compostela (A Coruña).
jesus.romalde@usc.es

Docencia y Difusión de la Microbiología

IGNACIO LÓPEZ GOÑI

Departamento de Microbiología y
Parasitología. Universidad de Navarra
Campus universitario - 31080 - Pamplona
ilgoni@unav.es

SEM@foro es una publicación
semestral de la Sociedad Española de
Microbiología (SEM)

Director: Manuel Sánchez Angulo.
E-mail: m.sanchez@umh.es.

Co-directora: Magdalena Martínez
Cañamero

Co-editora de la sección Microbiología
de Plantas: Emilia López Solanilla

La SEM y el Director no comparten
necesariamente las opiniones que puedan
aparecer en artículos, informaciones
o cartas enviados por los socios, ni se
responsabilizan de su veracidad.

ISSN: 2254-4399

Depósito Legal: M-12838-2013

Maquetación e Impresión: Diseño y Control
Gráfico, S.L. Tel.: 91 731 05 13.

E-mail: info.dcg@design2aa.com

www.design-2aa.com

www.semicrobiologia.org/sec/SEM@FORO

Sumario



Células de Lactobacillus plantarum PM411, agente de biocontrol de varias enfermedades bacterianas en frutales, colonizando la superficie de una hoja de peral. Grupo Patología Vegetal-CIDSAV Universidad de Girona. Edición: Miguel Redondo Nieto, Universidad Autónoma de Madrid.

Visite la página web de la Sociedad Española de Microbiología:

www.semicrobiologia.org

Encontrará información actualizada sobre congresos, reuniones, cursos y becas.

Socios protectores de la SEM:

Fundación Medina



Para solicitar más información, inscripciones o publicidad, diríjase a la Secretaría de la Sociedad Española de Microbiología.

📍 CIB-CSIC. C/Ramiro de Maetzu, 9.

28040-Madrid

☎ Tel.: 683 71 65 08

✉ secretaria.sem@semicrobiologia.org

NOTA DEL PRESIDENTE

Antonio Ventosa 2

EDITORIAL

Manuel Sánchez Angulo 3

NUESTROS GRUPOS

Informe de los grupos especializados 4

ARTÍCULOS

"MIRRI" la infraestructura de investigación sobre microorganismos avanza en su consolidación y se posiciona en el Espacio Europeo de Investigación 5

Bacillota y otros exabruptos 8

Exposición *Pioneras de la Microbiología* en el Museo Nacional de Ciencias Naturales 12

Higienización de alimentos listos para el consumo 15

CONGRESOS Y REUNIONES

XVII Reunión de la Red de Microorganismos Extremófilos 19

Cuarto Retiro de la Academia Europea de Microbiología en La Granja de San Ildefonso 20

ESPECIAL MIP-SEM

La microbiología de plantas en España 22

Nuevos mecanismos de adaptación de los rizobios a la simbiosis 23

Bacteriología en el INIA/CSIC: utilidad de las técnicas ómicas para el control de enfermedades provocadas por bacterias en planta 25

Mecanismos de defensa, evasión de defensa y virulencia en la interacción de *Pseudomonas syringae* con su planta huésped 27

Grupo fitomicrobiomas como herramientas biotecnológicas 29

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales 31

TESIS

Resúmenes de tesis doctorales 74



Nota del Presidente

ANTONIO VENTOSA

Presidente de la Sociedad Española de Microbiología

Los dos pasados años no tuvimos la oportunidad de realizar nuestras reuniones y congresos presenciales, debido a la situación de pandemia causada por el coronavirus SARS-CoV-2. Esto motivó que el año pasado tuviéramos que celebrar nuestro congreso nacional en formato virtual. Afortunadamente, este año 2022, podremos recuperar las ya clásicas reuniones de los grupos especializados de forma presencial. Así, durante estos pasados meses nuestros grupos especializados han trabajado en la organización de las siguientes reuniones, cuya celebración está prevista en diferentes ciudades de nuestra geografía: el congreso de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana se celebrará en Valencia, del 1 al 3 de junio, la reunión del grupo de Docencia y Difusión de la Microbiología tendrá lugar en Madrid, del 14 al 15 de julio, tras el Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología Prof. J.R. Villanueva, que también se está organizando en Madrid. El congreso nacional de Micología y la reunión del grupo de Microbiología Molecular tendrán lugar del 7 al 9 de septiembre en Valencia y Granada, respectivamente. El congreso nacional de Microbiología de los Alimentos está previsto del 12 al 15 de septiembre en Jaén, la reunión del grupo de Microbiología del Medio Acuático se celebrará en Granada, durante los días 22 y 23 de septiembre, y por último la reunión del grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad Microbiana será en el Puerto de Sóller (Mallorca), durante los días 13 al 15 de octubre de este año.

Como se puede comprobar, existe una amplia y variada oferta, que cubre áreas de la Microbiología muy diversas y estamos seguros de que serán de gran interés para los investigadores y profesionales de nuestra área de conocimiento. Anima-

mos a todos a su participación de forma activa en dichas reuniones. Me gustaría agradecer especialmente la disposición y el trabajo que vienen realizando los grupos especializados, sus juntas directivas y los responsables de la organización de estos eventos, que confiamos recuperen la dinámica habitual de las reuniones anteriores. Como hemos manifestado en ocasiones anteriores, las actividades de nuestros grupos especializados constituyen uno de los principales activos de nuestra sociedad y permiten mantener un contacto directo entre los investigadores que trabajan en dichas temáticas especializadas. También me gustaría recordar que estas reuniones permiten una participación muy activa de los investigadores microbiólogos más jóvenes, a los que animo muy especialmente a asistir y contribuir al éxito de las mismas, y recordarles que si todavía no son miembros de la SEM, por una cuota muy reducida, pueden formar parte de esta gran familia que es nuestra sociedad y disfrutar de las muchas ventajas que supone la pertenencia a la SEM.

También me gustaría comunicar los cambios en algunos cargos de responsabilidad de nuestra sociedad, específicamente de los responsables de nuestras publicaciones científicas y de la página web, que se producirán a lo largo del presente año o comienzos del próximo, como consecuencia de la finalización de sus respectivos periodos como editores de éstas. En recientes reuniones de la Junta Directiva de la SEM se ha debatido y decidido realizar los nombramientos de compañeras y compañeros que serán los nuevos responsables de nuestras tres publicaciones: Asunción de los Ríos, investigadora del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), será nuestra nueva Editora-Jefe de *International Microbiology*, sus-

tituyendo a José Berenguer. Magdalena Martínez, de la Universidad de Jaén, se hará cargo de SEM@foro, en sustitución de Manuel Sánchez, quien será el nuevo responsable de las redes sociales y a partir de enero del próximo año, nuestro nuevo webmaster, en sustitución de Jordi Urmeneta. Por último, en enero de 2023 está previsto que nuestra compañera Jéssica Gil, de la Universidad Complutense de Madrid, tome las riendas de NoticiaSEM, sustituyendo a Inmaculada Llamas. Nuestro agradecimiento a los responsables salientes, Pepe, Manuel, Inma y Jordi, que tanto y tan bien han trabajado durante los pasados años, y nuestro apoyo y mejores disposiciones hacia las nuevas compañeras y compañero que irán asumiendo la responsabilidad de dirigir las citadas publicaciones en los próximos años.

Espero que disfruten de la lectura de este número de SEM@foro, que además de incluir las secciones habituales de artículos y noticias de interés, congresos y reuniones, nuestra ciencia y resúmenes de Tesis Doctorales, está dedicado al grupo de Microbiología de Plantas. Este grupo especializado se enmarca en un área de enorme importancia y gran relevancia y tradición en nuestro país, en la que trabajan investigadores de prestigio internacional, cuyas actividades y publicaciones más relevantes se reflejan en este número dedicado al mismo.

Antonio Ventosa

Presidente de la Sociedad Española de Microbiología



Editorial

MANUEL SÁNCHEZ ANGULO

Director editorial de SEM@foro

✉ m.sanchez@umh.es

“Ojalá vivas tiempos interesantes” es una conocido refrán chino. Bueno, pues si tuviera que resumir en una sola frase mi etapa como director de SEM@foro sería esta: *Fue mucho más interesante de lo esperado*. No os mentiré si os digo que cuando Víctor J. Cid me lo propuso, me entró un poco (mucho) de vértigo. Llevaba ya unos cuantos años haciendo algo de divulgación científica de la microbiología y pertenecía a la Junta Directiva del grupo D+DM. Pero responsabilizarse de uno de los órganos que dan visibilidad a nuestra Sociedad eran palabras mayores. Afortunadamente tanto Montserrat Llagostera como Víctor confiaron en mí y me echaron más de un cable durante aquellos primeros pasos. También conté con la inestimable ayuda y cooperación de Antonio Ventosa y de todos los presidentes y presidentas de los grupos especializados con los que tuve

que coordinarme para realizar los especiales de SEM@foro. Quiero dejar constancia de mi agradecimiento a todos ellos y también a todos aquellos que habéis contribuido con vuestros artículos a que SEM@foro haya conseguido tener un contenido de gran calidad. Aprovecho para agradecer especialmente a Isabel Perdiguero por su inestimable ayuda y la labor de Ana Ordóñez y Rafael Moreno de la empresa Diseño y Control Gráfico a la hora de finalizar exitosamente la maquetación e impresión de la revista durante todos estos años, sobre todo durante la pandemia del coronavirus y la modernización del formato de la revista por el 75 aniversario de la SEM. Como he dicho al principio, fueron tiempos interesantes.

Ahora ha llegado el momento de dejar el timón en nuevas manos. El próximo

número de diciembre la revista estará a cargo de nuestra compañera Magdalena Martínez Cañamero. Le deseo que la nueva singladura siga siendo interesante, pero no porque sucedan eventos inesperados, sino porque estoy seguro de que la microbiología española seguirá aportando nuevas aventuras y experiencias en el avance del conocimiento. Como muchas veces le he oído a Víctor, lo que hace que el motor de la SEM se mueva es la ilusión de todos los miembros de esa comunidad. Y creo que Malema tiene ilusión de sobra para la nueva etapa.

Ha sido un auténtico placer.



IUMS 2022
Rotterdam, Netherlands

**International Union of
Microbiological Societies**

**The Hybrid Edition
Rotterdam, Netherlands**

iums2022.com



**JULY 20–22
2022**

Nuestros Grupos

Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación



ANA M. GARCÍA
Presidenta del Grupo

Este año corresponde la renovación total de la Junta Directiva del Grupo (Presidencia, Vicepresidencia, Secretaría-Tesorería y tres Vocalías). En nuestra última reunión, celebrada el pasado 27 de abril, la JD del Grupo BBB tratamos el asunto y ya hemos empezado con los trámites. Tenemos previsto abrir el plazo de presentación de candidaturas del 16 al 31 de mayo de 2022 y realizar las votaciones hacia mediados de junio. Os mantendremos informados a través del correo electrónico de los detalles del proceso y del calendario electoral. Desde la Junta Directiva os animamos a presentar candidaturas y participar activamente en las elecciones para que la nueva Junta cuente con el máximo respaldo de los socios del Grupo.

La tercera edición del International Meeting on New Strategies in Bioremediation Processes (BioRemid2022) que tenía previsto celebrarse en Basilea (Suiza) durante el 2 y 3 de junio, ha tenido que ser aplazado al año que viene por motivos de salud del organizador, el Profesor Philippe Corvini. Os iremos informando de las novedades a través del correo electrónico y la página web.

Taxonomía, Filogenia y Diversidad



JESÚS LÓPEZ ROMALDE
Presidente del Grupo

La próxima Reunión científica del Grupo Especializado en Taxonomía, Filogenia y Diversidad (XVII TAXON) tendrá lugar en Puerto de Sóller (Mallorca) durante los días 13 al 15 de octubre de 2022 y será organizada por Margarita Gomila, Jorge Lalucat y Elena García-Valdés. La Sede del Congreso será la sala del oratorio de Santa Catalina de Alejandría en el Museo del Mar de dicha localidad. Durante este Congreso se entregará el Premio a la mejor Tesis Doctoral, realizada durante el bienio 2020/2021. Este premio, que está dotado con 500 €, incluye también la inscripción gratuita en la Reunión del ganador/a y la exposición de un resumen de su trabajo. Por otro lado, se entregarán dos premios, patrocinados por IJSEM y ASM, a las mejores comunicaciones científicas.

En breve se enviará una segunda circular con información más detallada sobre la página web, el alojamiento, y los precios de inscripción.

Os esperamos en Mallorca.

“MIRRI” la infraestructura de investigación sobre microorganismos avanza en su consolidación y se posiciona en el Espacio Europeo de Investigación

ROSA AZNAR NOVELLA^{1,2}, AURORA ZUZUARREGUI MIRÓ¹, LIDIA RODRIGO-TORRES², JOSÉ MIGUEL LÓPEZ CORONADO¹

¹Colección Española de Cultivos Tipo. Universitat de València, C/ Catedrático Agustín Escardino 9, 46980 Paterna, España

²Departamento de Microbiología y Ecología. Universitat de València, Av. Dr. Moliner 50, 46100 Burjassot, España

✉ raznar@cect.org

MIRRI “Microbial Resource Research Infrastructure” es la Infraestructura de Investigación pan-Europea para la conservación, investigación sistemática, provisión y valorización de los recursos microbianos y de la biodiversidad. Tiene como misión facilitar el acceso a los recursos microbianos de calidad, a la información sobre los mismos y a los servicios asociados, garantizando el cumplimiento de las leyes, de los códigos éticos y de la bioseguridad.

Se trata de una Infraestructura de Investigación (“Research Infrastructure”, RI) distribuida que agrupa a los principales centros de recursos microbianos de Europa y que reúne a más de 50 instituciones científicas de 11 países, a través de sus respectivos nodos nacionales. Tendrá su sede estatutaria en la Universidade do Minho (Braga, Portugal), desde donde se coordina la oficina operativa (Central Coordination Unit, CCU), y su sede informática y telemática en la Universitat de València, a través de la Colección Española de Cultivos Tipo (CECT) (Paterna, España).

Los inicios de MIRRI se remontan a 2010 cuando fue incluida en la Hoja de Ruta del Foro Estratégico Europeo de Infraestructuras de Investigación (ESFRI). El diseño de MIRRI, como parte de la fase preparatoria, se financió con el proyecto “Microbial



Sede de MIRRI (Central Coordination Unit, CCU) en la Universidade do Minho (Braga, Portugal).

Resource Research Infrastructure” (MIRRI, FP7-Infrastructures GA No.: 312251), entre 2012 y 2016. Al igual que otras RIs, MIRRI experimentó un periodo de incubación previo a su implementación y sigue avanzando hacia su establecimiento legal como “European Research Infrastructure Consortium” (ERIC), lo que permitirá que pueda operar como RI. Un hito importante en este camino ha sido el reconocimiento como “Landmark” en la Hoja de Ruta de ESFRI 2021, el pasado mes de diciembre. Este hecho posiciona a MIRRI como un actor de referencia en el Espacio Europeo de Investigación (“European Research Area”, ERA), junto con las principales RIs europeas dentro del dominio “Salud y Alimentación”.

Los años 2020 y 2021 han sido decisivos para el desarrollo de MIRRI. Por un lado, el trabajo conjunto de los representantes de los países que apoyan esta RI, liderados por la Presidenta de la Asamblea de Miembros (ApM), Marleen Boschaerts (BCCM, Bélgica) y de los representantes de las instituciones científicas, liderados por la Presidenta del Foro de Coordinadores Nacionales (INCF), Rosa Aznar (CECT, España), ha permitido establecer los estatutos y los procedimientos que regularán la fase operativa de la RI, preceptivos para la solicitud de creación del ERIC. Por otro, se ha iniciado la fase de construcción y consolidación de la RI en el marco del proyecto H2020 “Implementation and Sustainability



Prof. Dr. Nelson Lima, Coordinador del proyecto IS_MIRRI21 durante la 2ª Asamblea General celebrada en Braga (Marzo 2022).

of Microbial Resource Research Infrastructure for 21st Century” (IS_MIRRI21, RIA GA No.: 871129) cuya ejecución se extiende entre 2020-2023. Participan 14 instituciones de 10 países europeos, incluyendo Centros de Recursos Biológicos y Colecciones de Cultivo de ámbito microbiano, Institutos de Investigación, una consultora científica y un centro de computación gráfica. El trabajo en colaboración de todos ellos está permitiendo avanzar rápidamente en la implementación de servicios accesibles a la comunidad científica y en la consolidación y sostenibilidad de la RI para el futuro. Desde el inicio del proyecto, en febrero de 2020, los principales hitos alcanzados son: i) el lanzamiento de la página web (www.mirri.org), ii) la implementación y publicación del catálogo de cepas de 30 de las 48 colecciones europeas del consorcio MIRRI, iii) el desarrollo y publicación de un catálogo de servicios

(individuales y combinados), iv) el inventario de cursos de formación, v) la creación del Clúster de Expertos que proporcionarán consultoría en temas legales, y que posteriormente se ampliará a otras áreas científicas (Taxonomía, Aplicaciones biotecnológicas y Bioindustria, Bioprospección, Conservación y Cultivo, Tecnologías y Plataformas, y Gestión de calidad de mBRCs), vi) el lanzamiento de la Agenda Estratégica de Investigación e Innovación (“Scientific Research and Innovation Agenda”, SRIA), donde MIRRI se posiciona como aliado estratégico de instituciones públicas y privadas para ofrecer soluciones a retos globales en los dominios de Agroalimentación, Salud, Medioambiente y Energía. Además, MIRRI pone al servicio de los investigadores a nivel mundial el programa de Acceso Transnacional (“Transnacional Access”, TNA), para la movilidad internacional de investigadores, el acceso remo-

to a cepas y servicios y, el acceso virtual a datos y aplicaciones. Hasta el momento se han ofertado dos convocatorias de TNA, financiadas por el proyecto IS_MIRRI21, la primera se abrió en enero de 2021 y la segunda en abril de 2022. Cabe destacar que los galardonados en la primera convocatoria han tenido la oportunidad de participar en un programa de *mentoring* biotecnológico, el “Biotech Business Mentoring Support (BBMS) Programme”, financiado por la embajada británica en Lisboa en colaboración con MIRRI. El trabajo de asesoría lo llevó a cabo una firma británica que proporciona soporte a jóvenes investigadores, asesorándoles y dirigiéndoles para llevar al mercado los resultados de su trabajo de investigación.

En paralelo a las actividades del proyecto, se están constituyendo los nodos nacionales en los distintos países que apoyan

MIRRI. En España, en mayo de 2021 se firmó el convenio que regula la participación de las entidades españolas en MIRRI, es decir, el MICINN, la Universitat de València, la Universidad de las Palmas de Gran Canaria y LifeWatch-ERIC Common Facilities in Spain (el nodo español de la ESFRI LifeWatch-ERIC), coordinado desde la Universitat de València-Colección Española de Cultivos Tipo. Al mismo tiempo, la CECT, como coordinadora del nodo, ha estado liderando diferentes iniciativas a nivel nacional para promover la participación de otras entidades en MIRRI, especialmente a través de la Red Española de Microorganismos (REDESMI, redesmi.es) y la Red de Excelencia MicroBioSpain (microbiospain.org). REDESMI nace en 2015 gracias a una acción complementaria INIA (AC2013-00028) y tiene su continuidad con el proyecto “Conservación sostenible de recursos microbianos españoles bajo estándares de calidad, mediante una aproximación integradora y potenciando su visibilidad”, RMP2015-0001-00-00, financiado por la Agencia Española de Investigación a través del INIA con fondos FEDER (SEM@FORO NUM. 67 | JUNIO 2019). Los principales hitos de este proyecto han sido i) mapear las instituciones nacionales que trabajan con recursos genéticos microbianos, ii) ayudar a los investigadores con jornadas de formación sobre manejo y utilización de recursos genéticos microbianos, incluyendo aspectos legales (Protocolo de Nagoya), y iii) desarrollo de una aplicación web (StrainsApp) para la gestión de los ceparios y con posibilidad de ofrecer un catálogo “on-line” de cepas (SEM@FORO NUM. 69 | JUNIO 2020), necesario si se quiere participar en MIRRI como proveedor de microorganismos. Además, en 2017 se creó MicroBioSpain, una red de excelencia (CGL2016-81969-REDT) que profundizó en los requisitos que deben cumplir las instituciones que quieren participar en el nodo español de MIRRI, incluyendo los aspectos económicos. Como fruto de esta colaboración esperamos que en un futuro próximo haya más instituciones españolas formando parte del nodo nacional.

Actualmente MIRRI, a través de sus instituciones asociadas y nodos nacionales,

participa en proyectos colaborativos para infraestructuras de investigación, enmarcados en programas europeos del H2020 y del nuevo Horizonte Europa, como i) EOSC-Life (www.eosc-portal.eu/eosc-life) liderado por ELIXIR, en el que participa la CECT, que trata de facilitar el acceso a datos biológicos procedentes de diferentes RIs, ii) “canSERV – Providing cutting edge cancer research services across Europe”, liderado por BBMRI-ERIC, donde participa la Micoteca de la Universidad del Miño (MUM/UMinho, Portugal) como socio de MIRRI, iii) “AgroServ – Integrated services supporting a sustainable agroecological transition”, liderado por AnaEE y CNRS y donde MIRRI está representada por las instituciones BCCM-MUCL (Bélgica) y CIRM-INRAE (Francia), iv) “BeYond-COVID (BY-COVID)”, liderado por ELIXIR, que abordará los problemas de datos que pueden dificultar una respuesta eficaz a la pandemia, y donde participan tres organizaciones del nodo italiano de MIRRI (MIRRI-IT): Ospedale Policlinico San Martino (USMI), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSve), and Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell’Emilia Romagna (IZSLER).

La Colección Española de Cultivos Tipo-Universitat de València (CECT-UVEG) tiene un papel destacado en la consolidación de MIRRI, colaborando desde los inicios en el diseño (proyecto MIRRI) y actualmente en la implementación y sostenibilidad de la RI (proyecto IS_MIRRI21). Así mismo, cabe destacar la implicación de la CECT entre los miembros de otras colecciones europeas en el proceso de evaluación de ESFRI que ha llevado a demostrar el nivel de madurez de la RI hasta conseguir el estatus de “Landmark”. La apuesta de la UVEG (representada por la CECT) por MIRRI es una inversión a futuro, ya que formar parte de una ESFRI amplía las posibilidades de participación de la universidad en ‘Horizonte Europa’, el nuevo programa marco de investigación e innovación de la Unión Europea, y sitúa a la CECT en una posición destacada entre las principales colecciones de cultivos europeas.

.....



Sigue la actualidad de MIRRI en su página web: www.mirri.org

Y en redes sociales:

https://twitter.com/MIRRI_live

<https://www.facebook.com/mirri.esfri/>

<https://www.youtube.com/channel/UCcRB8P7t-uQTT9SNL-wLhfw>

<https://www.linkedin.com/company/microbial-resource-research-infrastructure/mycompany/?viewAsMember=true>

Bacillota y otros exabruptos

DAVID R. ARAHAL

Universidad de Valencia. Vicepresidente del Grupo Especializado en Taxonomía, Filogenia y Diversidad de la SEM

JESÚS L. ROMALDE

Universidad de Santiago de Compostela. Presidente del Grupo Especializado en Taxonomía, Filogenia y Diversidad de la SEM

✉ arahal@uv.es | jesus.romalde@usc.es

A comienzos de año hubo bastante revuelo mediático en torno a la validación de algunos nombres de filo (Oren y Garrity, 2021) conforme a un cambio reciente (Oren *et al.*, 2021a) en el **código de nomenclatura procariota**. No faltaron ni siquiera algunos memes como los que reproducimos aquí.

En una disciplina como la nomenclatura biológica esto es algo tan infrecuente que conviene aprovecharlo para hacer pedagogía, explicando todos los hechos clave y todos los actores. También desmentir errores: las redes sociales aportan mucha rapidez, pero también menos rigor que otras formas de comunicación.

ICSP e ICPN

El Comité Internacional de Sistemática de Procariotas (ICSP), anteriormente Comité Internacional de Bacteriología Sistemática (ICSB), es el organismo que supervisa la nomenclatura de los procariotas y determina las reglas por las cuales se nombran los procariotas a través del Código Internacional de Nomenclatura de Procariotas (ICPN). Por tanto, el ICNP es una publicación oficial del ICSP que a su vez es un comité internacional. Para los que no estén familiarizados con tantas siglas recomendamos visitar la página web (<http://www.the-icsp.org>) ya que es bastante funcional y directa.

En el siglo XIX y a comienzos del siglo XX, muchos microbiólogos seguían las disposiciones del Código Botánico de Nomenclatura, porque las bacterias eran consideradas una parte de los hongos, los esquizomic-



Autor: Marcel Suleiman (@SuleimanMarcel)/Twitter.

tos. Algunos, en cambio se apoyaban en el Código Zoológico y otros nombraban los organismos que descubrían sin aten-

der a reglas establecidas. A esto hay que sumar que los métodos de estudio eran muy diferentes respecto a las otras disci-

plinas biológicas y también las necesidades, reconociéndose el valor del concepto de tipo en la estandarización de nombres. Así, en el Primer Congreso Internacional de Microbiología en París en 1930, se propuso que la Bacteriología estableciera su propio Código de Nomenclatura. Se nombró un comité que, bajo la dirección del bacteriólogo estadounidense R.E. Buchanan comenzó a trabajar en dicho código, y ya en el Segundo Congreso en Londres en 1936 se presentó el primer proyecto.

El texto del primer borrador está organizado en Consideraciones Generales, Principios y Reglas (acompañadas por Recomendaciones en muchos casos), una estructura que aún mantiene. Entre los Principios podemos destacar:

1. Estabilidad de los nombres. Esto se asegura mediante su publicación válida y aplicando los conceptos de legitimidad y prioridad de publicación.
2. Los nombres deben ser inequívocos. Esto se asegura mediante el establecimiento de tipos para todos los taxones (ordenes, clases, etc) pero que en última instancia (con las especies y subespecies) remiten a material biológico: las cepas tipo.
3. Los nombres deben ser necesarios. Esto se asegura mediante la publicación de las descripciones de los organismos y el rechazo de los nombres superfluos.

En los siguientes Congresos de Microbiología se mejoró la redacción y se incluyó una disposición sobre la creación de la Comisión Judicial para emitir Opiniones sobre cuestiones taxonómicas, revisiones del código, etc. La primera edición del Código Internacional de Nomenclatura de Bacterias y Virus se publicó en 1958. La nomenclatura de los virus se transfirió más tarde al Congreso Internacional de Virología, creándose un comité para ese propósito.

Aun siendo un gran hito, la introducción de un código propio no resolvía un problema preexistente: la gran cantidad de nombres que habían ido apareciendo en diferentes publicaciones a lo largo de más de siglo y medio pero que tenían escasa utilidad debido a la falta de buenas descripciones y/o cultivos tipo. Por ello en 1975, el Código Bacteriológico (Revisión de 1975) introdujo un nuevo concepto, el de la publicación válida de nombres.



Autor: Alec Grossman (@GrossmanMicrbio)/Twitter.

La publicación de las *Approved Lists of Bacterial Names* (AL) fue parte de este concepto y marcó un nuevo punto de partida en la nomenclatura de procariontes. En las AL quedaron 2212 nombres de géneros, especies o subespecies, y 124 nombres de taxones superiores (de un total de más de veinte mil nombres recopilados). Este primer núcleo de nombres válidos ha seguido creciendo desde entonces con los nombres publicados en la revista *IJSB/IJSEM* (<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem>) ya sea directamente (*valid publication*, VP) o mediante inclusión en una lista de validación (*validation list*, VL).

Comparativamente los cambios en la siguiente edición (Revisión 1990) fueron de menos calado, lo que indica que se trata ya de un documento con un buen nivel de consolidación y aceptación. Además, esto

coincide con un auge en la actividad taxonómica propiciado por la incorporación de una serie de mejoras metodológicas en las herramientas de clasificación.

La edición más reciente es la Revisión de 2008 (Parker *et al.*, 2019), que por primera vez lleva la denominación *International Code of Nomenclature of Prokaryotes*, y que fue publicada en 2019 en el *IJSEM*. Sin duda el cambio más significativo afecta a la Regla 30, estableciéndose la necesidad de aportar certificados de depósito (al menos dos y de países diferentes) de la cepa tipo para validar nombres de especie. Este cambio había entrado en vigor el 1 de enero de 2001 con la intención de corregir algunos problemas detectados en cuanto a la disponibilidad de las cepas tipo. En estos momentos se está ultimando una revisión cuya publicación está prevista para 2023 (Oren *et al.*, 2021b)

y que incluirá cambios tan importantes como el tratamiento de las cianobacterias (Oren *et al.*, 2021c) y la incorporación del filo (Oren *et al.*, 2021a) como categoría taxonómica.

Nombres de filios en el ICNP

La categoría filo (*Phylum*) no estaba en el ICNP. La comprobación es rápida, basta abrir el pdf de la última edición (Parker *et al.*, 2019) y buscar el término: no se encuentra. Los que tengan una edición anterior en papel pueden ir directamente a la Regla 5b y comprobar que la categoría taxonómica más alta es la Clase (*Classis*). En el código de los zoólogos tampoco se contempla el filo, pero sí en el de los botánicos (que además de plantas abarca algas y hongos). A partir de los 90 se populariza su uso en la sistemática de procariotas. Como curiosidad histórica, en Wayne *et al.* (1987), que es una publicación de un comité *ad hoc* de expertos con más de 6000 citas, leemos:

🔗 *There is no need at this time for more than one kingdom, but there may be need for a term to describe major primary lineages. A rank such as phylum may be needed in the future.*

Desde entonces no solo hemos visto que necesitamos más de un reino para describir toda la diversidad procariota sino que además, la necesidad de contar con filios hace tiempo que llegó. Y con la necesidad, la solución; que en este caso supuso que se fueran nombrando filios. Cualquier microbiólogo en activo (y probablemente cualquier otro profesional de las Ciencias de la Vida o de las Ciencias de la Salud) conoce al menos media docena de esos nombres. La pregunta es, si los usamos con frecuencia ¿por qué tienen que ser nombres al margen de nuestro código de nomenclatura?

Como ha quedado claro en el apartado anterior, el ICNP es un documento vivo. Desde el primer borrador de 1936 se ha reeditado varias veces y seguirá haciéndolo. Cualquiera puede elevar una propuesta siguiendo el mecanismo establecido en los estatutos del ICSP.

Pues bien, en el caso de la inclusión del filo como categoría taxonómica la propuesta llegó de la mano de nueve autores, incluyendo dos compañeros de SEM,

en Oren *et al.* (2015); a la que se sumaron dos autores más en Whitman *et al.* (2018). Tras el correspondiente periodo de discusión pública y votación de opciones por los miembros del ICSP, el resultado se publicó hace un año (23 de junio de 2021) en Oren *et al.* (2021a).

Puede que algunos se sientan confundidos viendo algunos autores en común en estas tres publicaciones, pero hay una diferencia importante. Como queda dicho, cualquiera puede elevar una propuesta. Por tanto, podrían haber sido otros o podrían haberse acumulado varias propuestas alternativas. En cambio, la última publicación refleja una decisión final del ICSP y sus autores lo son por sus cargos dentro del ICSP, cargos que por otra parte están sujetos a renovaciones.

Aún falta un peldaño más en este apartado: las modificaciones del ICNP en Oren *et al.* (2021a) abren la puerta a los nombres de filo pero no contienen una lista, digamos, inicial. De nuevo, esa es una posibilidad abierta a cualquiera, si bien los primeros fueron Oren y Garrity (2021) con la publicación válida de 42 nombres de filo (25 de octubre de 2021).

El comunicado de NCBI Taxonomy levanta ampollas

Los indicadores bibliométricos de las cuatro publicaciones anteriores son bastante discretos. El más antiguo es el que más citas ha recibido (53) y el más reciente es el más mediático (con 40 reseñas en Altmetrics) [datos a 27 de abril de 2022].

El empujón mediático llega después de un comunicado de NCBI Taxonomy a través del canal NCBI Insights (el 10 de diciembre de 2021) (<https://ncbiinsights.ncbi.nlm.nih.gov/2021/12/10/ncbi-taxonomy-prokaryote-phylo-added/>). El comunicado es breve: apenas tres párrafos y una tabla pequeña. El contenido no tiene pegas: lo que plantea es perfectamente coherente con la labor de unos mantenedores de bases de datos biológicos que desean informar a sus usuarios sobre un cambio venidero. En los días siguientes se abren varios hilos y alguno supera los 1000 *likes* (insignificante en el universo de las redes sociales, pero todo un hito en su tema). Por desgracia, salvando algunos memes ocurrentes, casi todo lo que se vierte es paja plagada de

errores, desinformación en estado puro. Aunque siempre se puede agradecer que proporcione mayor visibilidad a un tema que es realmente importante.

De las redes a las revistas

Por suerte el debate continúa después en revistas. A principios de año (4 de enero), *The Scientist* publica un artículo de opinión de Dan Robitzski (Robitzski, 2022) analizando el tema de manera mucho más informada. Poco después (10 de enero), *Nature Reviews Microbiology* publica un comentario de K. G. Lloyd y G. Tahon (Lloyd & Tahon, 2022). A ambos podemos encontrarlos entre los tuitos disconformes y aunque se les pueda agradecer el interés en la materia y que opten por dar su punto de vista en una publicación científica, lamentablemente contiene demasiados errores, seguramente fruto de la premura y de no haberse molestado en conocer bien al menos los cuatro documentos de base. El artículo incide también en otras cuestiones, pero de nuevo lo hace evidenciando mucho desconocimiento. La réplica por parte del ICSP se publicó en el mismo medio el mes siguiente (18 de febrero), con un enfoque reconciliador pero sacando a la luz todas las imprecisiones para lo cual fue necesario incluso una tabla suplementaria en la página web del ICSP, ya que la revista no permitió aumentar la extensión del artículo ni aceptar material suplementario.

La parte positiva de todo esto es el aumento de visibilidad, tomar conciencia de cómo se perciben algunas cuestiones de nomenclatura y tener la oportunidad de explicar las que se han distorsionado. La parte negativa también la sabemos: es más fácil hacer ruido que tocar un instrumento.

Y a mí ¿cómo me afecta?

Pues francamente debería ser para bien ya que es positivo que la categoría filo se contemple en el ICNP y que se hayan propuesto ya nombres conforme a esa nueva posibilidad. Algunos nos pueden causar sorpresa (y rechazo a juzgar por las reacciones) pero no estamos hablando de un apagón analógico ni de un colapso informativo. Esa reacción la hemos vivido otras veces cuando se transfieren especies (por

ejemplo *Cronobacter sakazakii*, antes *Enterobacter sakazakii*) o cuando se revisa la nomenclatura de un género como *Salmonella*. Los nombres Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria y Bacteroidetes eran nombres vernaculares y eso no ha cambiado. La única novedad es que ahora contamos también con otros nombres formados conforme al ICNP y podemos optar por usarlos o no. Dada la inercia propia de los humanos lo más probable es que durante un tiempo esos nombres nuevos los veamos poco, después irán asomando junto a los viejos y más adelante serán los que se queden. Tampoco podemos pasar por alto que:

➤ De los 42 nombres de filo propuestos la polémica se ha centrado en 4 (que coincide con los filos mayoritarios). Aparentemente los 38 restantes han sido bien acogidos.

➤ En el par *Actinobacteria-Actinomycetota*, lo lógico sería defender *Actinomycetota* por estar más próximo a *Actinomycetes* Krassilnikov 1949 (Approved Lists 1980), *Actinomycetaceae* Buchanan 1918 (Approved Lists 1980) y *Actinomyces* Harz 1877 (Approved Lists 1980), mientras que *Actinobacteria* Stackebrandt *et al.* 1997 sólo existe como clase y es posterior.

➤ En el par *Bacteroidota-Bacteroidetes* el cambio de grafía es mínimo afectando sólo al sufijo.

➤ En los pares *Proteobacteria-Pseudomonadota* y *Firmicutes-Bacillota* el cambio de grafía es radical pero aun sí merece la pena afrontarlo por las ventajas que supone tanto para la demarcación del taxón, al contar con un taxón tipo con la misma raíz, como por tener el sufijo indicativo del rango (-ota).

Referencias

➤ **Oren A., G.M. Garrity.** 2021. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 71: 005056. DOI 10.1099/ijsem.0.005056.

➤ **Oren, A., D.R. Arahal, R. Roselló-Móra, I.C. Sutcliffe, E.R.B. Moore.** 2021a. Emendation of Rules 5b, 8, 15 and 22 of the International Code of Nomenclature of Prokaryotes to include the rank of phylum. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 71: 004851. DOI 10.1099/ijsem.0.004851.

➤ **Skerman, V.B.D., V. McGowan, P.H.A. Sneath.** 1980. Approved list of bacterial names. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 30: 225-420. DOI 10.1099/00207713-30-1-225

➤ **Parker, C.T., B.J. Tindall, G.M. Garrity (Editors).** 2019. International Code of Nomenclature of Prokaryotes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 69: S1-S111. DOI 10.1099/ijsem.0.000778.

➤ **Oren, A., D.R. Arahal, R. Roselló-Móra, I.C. Sutcliffe, E.R.B. Moore.** 2021b. Preparing a revision of the International Code of Nomenclature of Prokaryotes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 71: 004598. DOI 10.1099/ijsem.0.004598.

➤ **Oren, A., D.R. Arahal, R. Roselló-Móra, I.C. Sutcliffe, E.R.B. Moore.** 2021c. Emendation of General Consideration 5 and Rules 18a, 24a and 30 of the International Code of Nomenclature of Prokaryotes to resolve the status of the Cyanobacteria in the prokaryotic nomenclature. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 71: 004939. DOI 10.1099/ijsem.0.004939.

➤ **Wayne, L.G., D.J. Brenner, R.R. Colwell, P.A.D. Grimont, O. Kandler, M.I. Krichevsky, L.H. Moore, W.E.C. Moore, R.G.E. Murray, E. Stackebrandt, M.P. Starr, H. G. Truper.** 1987. Report of the Ad Hoc Committee on Reconciliation of Approaches to Bacterial Systematics. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 37: 463-464. DOI 10.1099/00207713-37-4-463.

➤ **Oren, A., M.S. da Costa, G.M. Garrity, F.A. Rainey, R. Roselló-Móra, B. Schink, I. Sutcliffe, M.E. Trujillo, W.B. Whitman.** 2015. Proposal to include the rank of phylum in the International Code of Nomenclature of Prokaryotes. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65: 4284-4287. DOI 10.1099/ijsem.0.000664.

➤ **Robitzski, D.** 2022. Newly Renamed Prokaryote Phyla Cause Uproar. *The Scientist* (<https://www.the-scientist.com/news-opinion/newly-renamed-prokaryote-phyla-cause-uproar-69578>)

➤ **Lloyd, K.G., G. Tahon.** 2022. Science depends on nomenclature, but nomenclature is not science. *Nature Rev. Microbiol.* 20: 123-123. DOI /10.1038/s41579-022-00684-2.

➤ **Sutcliffe, I., D.R. Arahal, M. Göker, A. Oren.** 2022. ICSP response to 'Science depends on nomenclature, but nomenclature is not science'. *Nature Rev. Microbiol.* 20: 249-250. DOI /10.1038/s41579-022-00706-z.

Exposición *Pioneras de la Microbiología* en el Museo Nacional de Ciencias Naturales

RAÚL RIVAS GONZÁLEZ

Departamento de Microbiología y Genética. Universidad de Salamanca

✉ raulrg@usal.es



Figura 1. Inauguración de la exposición "Pioneras de la Microbiología" en el Museo Nacional de Ciencias Naturales.

La exposición *Pioneras de la Microbiología* fue inaugurada en el Museo Nacional de Ciencias Naturales el 11 de febrero de 2022 con motivo de la celebración del Día Internacional de la Mujer y la Niña en la Ciencia (Figura 1). Reconocer el papel de las mujeres y de las niñas en la ciencia, no sólo como beneficiarias, sino también como agentes de cambio y progreso facilita la concienciación social y la consecución de objetivos igualitarios. Las mujeres científicas lideran investigaciones audaces en todo el mundo. Sin embargo, a pesar de los notables descubrimientos que realizan, las muje-

res todavía representan solo el 33,3 % de los investigadores a nivel mundial, y en muchas ocasiones a lo largo de la historia su trabajo rara vez ha obtenido el reconocimiento merecido.

Así, por desgracia, al examinar los nombres más notables de la historia de la Microbiología, es común percibir un vacío femenino que invita a pensar que las mujeres no han tenido un papel destacado en el desarrollo de estudios relacionados con la bacteriología, la virología, la epidemiología u otras especialidades vinculadas

con los microorganismos. No es cierto. Es necesario desterrar esa sensación, porque hay pioneras de la microbiología, no solo por lo logros alcanzados en esta área, sino también por el extraordinario legado que nos han donado (Figura 2).

Quizás un obstáculo que provoca que no haya suficientes mujeres en las carreras en ciencia, tecnología, ingeniería y matemáticas (STEM por sus siglas en inglés: Science, Technology, Engineering and Mathematics) es que las niñas y mujeres jóvenes no encuentran suficientes mode-

los femeninos que las inspiren y animen a desarrollar trayectorias científicas para llegar a ser líderes visibles que obtienen reconocimiento y premios, y no “figuras ocultas de la ciencia”. El objetivo principal de esta exposición es dotar a niños y a niñas de referentes femeninos en el ámbito de la microbiología, mujeres pioneras, que contribuyan desde edades tempranas al fomento de las vocaciones científicas.

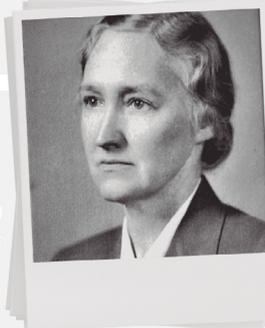
Aunque desconocidas para el público en general, numerosas microbiólogas han liderado estudios relacionados con diversas especialidades vinculadas con los microorganismos. Muchas niñas quieren convertirse en científicas cuando sean mayores, y es oportuno dotarlas de referentes femeninos que hayan sido líderes en investigación y mentoras veneradas. Esta colección de infografías recoge a algunas de esas mujeres notables y apasionadas por su trabajo que permitieron expandir el conocimiento microbiológico en épocas donde el rol científico de las mujeres tendía a ser relegado o infravalorado.

La exposición “Pioneras de la Microbiología”, compuesta por 14 paneles infográficos complementados con códigos QR, presenta a doce de estas mujeres. Los códigos QR amplifican la posibilidad de acceder a información relacionada con cada una de las infografías presentadas. Los paneles permiten descubrir quienes fueron estas mujeres y comprender los hitos que alcanzaron. Es cierto que no están todas las que deberían, tan solo ofrecemos una pequeña selección, pero todas las que figuran en la exposición han sido personajes excepcionales, adelantadas a su época, luchadoras y tenaces, mentes brillantes que realizaron contribuciones pioneras y relevantes para la Sociedad, permitiendo el desarrollo y el progreso de la Microbiología.

Entre las seleccionadas aparecen Abigail Salyers que revolucionó la investigación

Margaret Pittman (1901-1995)

Margaret Pittman fue una bacterióloga estadounidense que de 1957 a 1971 dirigió la División de Estándares Biológicos del Laboratorio de Productos Bacterianos.



Pittman aisló la cepa de influenza responsable de la mayoría de las meningitis infantiles, ayudó a identificar la causa de la conjuntivitis epidémica y realizó observaciones clave que llevaron al desarrollo de una vacuna contra *Salmonella*.

Uno de sus grandes logros fue, junto a otros compañeros, el desarrollo de un método para comprobar la seguridad y la eficacia de la vacuna de la tos ferina, un trabajo que se convirtió en la base de los requisitos internacionales de potencia exigida a esta vacuna.

De este modo, Margaret Pittman es reconocida por su trabajo para obtener una vacuna mejorada y estandarizada contra la tosferina. El trabajo de Margaret Pittman cambió los estándares modernos de investigación en vacunas.

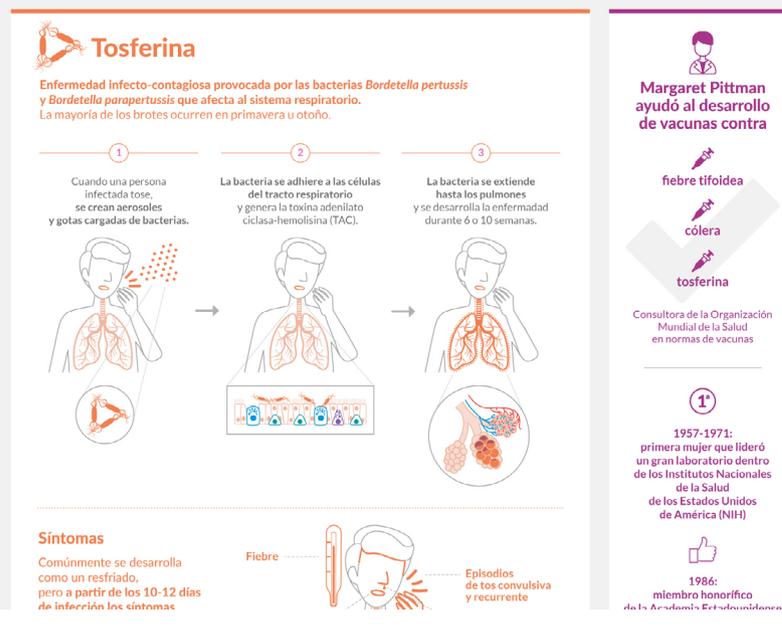


Figura 2. Detalle de la infografía de Margaret Pittman.

del microbioma humano. Alice Catherine Evans que promovió la pasteurización sistemática de la leche y redujo la incidencia de la brucelosis. Esther Miriam Zimmer Lederberg que descubrió el bacteriófago lambda, un virus que quedó convertido en un organismo modelo y en una herramienta de trabajo muy utilizada en estudios de genética molecular. Fanny Hesse que transformó la bacteriología sugiriendo el uso del agar como agente gelificante en los medios de cultivo bacterianos. Florence Nightingale que promovió la prevención

de la transmisión de enfermedades infecciosas en ambientes hospitalarios. Jessie Isabelle Price que impulsó la microbiología veterinaria y es conocida por crear métodos para controlar las enfermedades microbianas en las aves acuáticas. June Almeida, viróloga pionera en la identificación, el diagnóstico y la obtención de imágenes de virus, que fue la primera persona que vio un coronavirus en un microscopio. Mary Wortley Montagu, conocida como Lady Montagu, que es reconocida por ser la precursora de la inmunización contra la



Figura 3. La exposición "Pioneras de la Microbiología" en el Museo Nacional de Ciencias Naturales.



Figura 4. Parte de los paneles expuestos en el Edificio Dioscórides de la Facultad de Biología de la Universidad de Salamanca.

viruela en Europa. Zoe Rosinach Pedrol, pionera de la Microbiología en España, que diseñó nuevos medios de cultivo para mejorar el diagnóstico de la difteria. Margaret Pittman que ayudó al desarrollo de vacunas contra la fiebre tifoidea, el cólera y la tos ferina y cambió los estándares modernos de investigación en vacunas. Mary-Dell Chilton que fue la primera persona en demostrar que una bacteria era capaz de transferir una parte de su ADN a células vegetales, lo que condujo a la

obtención de la primera planta transgénica. Rebecca Craighill Lancefield que realizó investigaciones que permitieron desarrollar nuevos métodos de prevención y tratamiento de las enfermedades causadas por estreptococos.

La exposición *Pioneras de la Microbiología* fue expuesta simultáneamente en el Museo Nacional de Ciencias Naturales de Madrid y en el Aula Lucía de Medrano de las Escuelas Mayores de la Universidad

de Salamanca, del 11 de febrero al 8 de marzo de 2022 (Figura 3). Posteriormente, dicha exposición ha iniciado una itinerancia sumando las sedes del Edificio Dioscórides de la Facultad de Biología de la Universidad de Salamanca (Figura 4), del 9 de marzo al 3 de abril de 2022 y el IES Lucía de Medrano de Salamanca, del 25 de marzo al 4 de abril de 2022.

Pretendemos que la exposición continúe viva y circulando por centros educativos con el afán de que cada historia, única e irrepetible, despierte sentimientos de emoción y admiración. Queremos que los niños y las niñas conozcan a estas científicas memorables, todas ellas pioneras de la Microbiología. Nuestra intención es ofrecer referentes femeninos y promover las vocaciones científicas relacionada con la microbiología. ¿Serás tú la siguiente?

Higienización de alimentos listos para el consumo

J.A. ORDÓÑEZ^{1,2} Y M.C. CABEZA¹

¹Sección Departamental de Tecnología de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense. Ciudad Universitaria. 28040. Madrid.

²Real Academia de Ciencias Veterinarias de España. C/ Maestro Ripoll, 8, 28006. Madrid.

✉ ordonezpereda@hotmail.com | ccabeza@ucm.es



Figura 1. Vitrinas de productos RTE de los sectores cárnico, lácteo y vegetal

Introducción

En las últimas décadas se ha producido un profundo cambio en los hábitos alimentarios que han conducido, entre otras prácticas, a la preparación masiva de alimentos listos para el consumo (RTE)¹ a partir de productos procesados (p. ej., pastas, encurtidos, embutidos, fiambres, pescados ahumados, quesos) o frescos (p. ej., *carpaccio*, tartar, algunas frutas y hortalizas). La elaboración de estos alimentos implica una reducción de tamaño para transformarlos en lonchas, filetes, cortes, rodajas, porciones, etc. que se envasan en raciones individuales, familiares o para colectividades y se exponen en vitrinas, normalmente refrigeradas, para que el consumidor elija entre una ingente variedad de productos, conformaciones y precios (Figura 1).

Los alimentos RTE facilitan el consumo, ahorran tiempo a las personas, ofrecen una calidad sensorial estable, agilizan el trabajo en el hogar, contribuyen quizás a disminuir el gasto familiar, y probablemente aporten otras ventajas. Sin embargo, su elaboración ha creado problemas de diversa índole. Tal vez, el más destacado es el

de la seguridad microbiológica debido a la trascendencia que tiene en la salud de los consumidores. Todas las operaciones que se precisan para la preparación de productos RTE (troceado, loncheado, dosificación o envasado) incrementan los riesgos de contaminación por la microbiota procedente del entorno, equipos de loncheado y envasado, manipuladores, etc., y, potencialmente, en esta microbiota puede haber algún patógeno. De hecho, se ha observado que lonchas de derivados cárnicos (específicamente, jamón cocido o bacon) tenían una incidencia mayor de *Listeria monocytogenes* que esos mismos productos antes del loncheado, lo que indica que se había contaminado durante esta operación o la de envasado (Zhu y col., 2005). La salvaguarda de la salud del consumidor es una acción prioritaria en el suministro de alimentos y ante la posibilidad de que algún patógeno llegue al alimento, se hace imprescindible la higienización del mismo para garantizar su inocuidad.

Importancia de *Listeria monocytogenes* en los alimentos RTE

Entre los patógenos que pueden aleatoriamente contaminar el alimento durante

la preparación de productos RTE figuran diversos serovares de *Salmonella* (principalmente Enteritidis y Typhimurium), *Escherichia coli* (incluido el serotipo O157:H7), *Campylobacter jejuni*, *Yersinia enterocolitica*, *Staphylococcus aureus* y *L. monocytogenes*, entre otros. No obstante, *L. monocytogenes* es el que más preocupa por su carácter ubicuo y psicrotrofo, su resistencia en condiciones disgenésicas y a actividades de agua relativamente bajas y su capacidad de formar biofilms en los equipos de procesamiento, pudiendo persistir durante meses o años en plantas de procesamiento de alimentos (Lunden y col., 2003; Wulff y col., 2006). En consecuencia, su eliminación hasta niveles seguros constituye la diana para la higienización de estos alimentos.

En la elaboración de alimentos RTE no hay una fase bactericida intermedia durante su producción, por lo que no puede garantizarse que el producto final esté libre de patógenos. Así lo ha entendido la FDA que emitió un informe en 2001, manteniéndose la opinión en las actualizaciones de 2015 (Ordóñez y col., 2017), sobre el salmón ahumado en frío listo para el consumo. En él, decía: “Given the ubiquitous nature of *L. monocytogenes*, the lack of listericidal steps in the cold-smoking procedure, and the ability of the organism to become established in the processing environment and re-contaminated pro-

¹ RTE, del inglés, *ready-to-eat*

ducts, it is not possible to produce cold-smoked fish consistently free of *L. monocytogenes*. This is not unique to cold-smoked fish because this microorganism can be isolated from a wide range of ready-to-eat (RTE) foods". De hecho, en un estudio realizado en Australia sobre la incidencia de *L. monocytogenes* durante el periodo 2001 - 2010, se concluía "...that ready-to-eat foods are high-risk vehicles for transmitting listeriosis", siendo los productos cárnicos los más frecuentemente implicados (Popovic y col., 2014).

De las consideraciones anteriores, fácilmente se desprende la necesidad de higienizar los productos RTE, entendiendo por tal la consecución del objetivo de seguridad alimentaria (FSO, valor máximo admisible de la concentración y/o frecuencia de un peligro, en este caso microbiológico, en un alimento en el momento del consumo, que permite un nivel adecuado de protección del consumidor) respecto a *L. monocytogenes*. Si se logra el FSO para esta bacteria se asegura también para los otros patógenos mencionados anteriormente.

Tecnologías disponibles para la higienización de alimentos RTE

Independientemente de la tecnología que se aplique, es necesario estimar, en términos de reducciones decimales, el grado de reducción de la carga microbiana para lograr el FSO (criterio de rendimiento, CR) teniendo en cuenta las normas microbiológicas que rigen para *L. monocytogenes*. En este artículo se considera el escenario más desfavorable: productos RTE que permiten el crecimiento de *L. monocytogenes* y el criterio de "tolerancia cero" (ausencia en 25 g o cm²).²

Las tecnologías convencionales que habitualmente se utilizan para eliminar los microorganismos patógenos, de forma especial el tratamiento térmico, no pueden aplicarse para la higienización de alimen-



Figura 2. Equipo de altas presiones; vasija de 55 litros. Fuente: hiperbaric.com (con permiso).



Figura 3. Acelerador de electrones Rhodotron TT200. Fuente: <http://almadeherrero.blogspot.com/2012/09/ionisos-iberica.html> (consultado 14/03/2022).

tos RTE porque, aparte de otras razones, el alimento está ya envasado y dispuesto para su distribución y venta. Por tanto, es necesario recurrir a otras estrategias. En principio, las únicas tecnologías factibles plenamente desarrolladas para la higienización de alimentos RTE son las altas presiones hidrostáticas (APH) (Figura 2) y las radiaciones ionizantes. Los datos recogidos en este artículo se refieren a la ionización con electrones acelerados (EA) (Figura 3)³. Se remite al lector a la obra de

Ordóñez y García de Fernando (2019) donde se describen ampliamente los fundamentos de ambas tecnologías así como la cinética de muerte microbiana y el efecto en los componentes de los alimentos.

Optimización del tratamiento higienizante

Para calcular las condiciones del proceso para higienizar los alimentos RTE se requiere, en primer lugar:

- Determinar la potencial contaminación del producto durante las operaciones que se realicen para preparar el alimento. Se suele aceptar el valor de 10 células/g ($\log_{10} = 1$) como número inicial de listerias ya que, de acuerdo con la ICMSF (2004), en frankfurters ese es el grado de contaminación post-proceso descrito en el peor de los casos.

² En algunos países, como Estados Unidos, Nueva Zelanda, Sudáfrica, etc. el criterio microbiológico para *L. monocytogenes* es de "tolerancia cero" pero la Unión Europea es más permisiva; de forma general es de 100 ufc/g o cm² aunque el de "tolerancia cero" se aplica en algún caso. Véase el Reglamento (CE) número 1441/2007 de la Comisión, de 05/12/2007 que modifica el 2073/2005.

³ De las tres modalidades de tecnologías ionizantes (radiación gamma, rayos X y electrones acelerados) se ha elegido en este trabajo la última por ser una tecnología "limpia" (no genera residuos de ninguna naturaleza), fácil de aplicar, barata, de resultados repetitivos, funciona en flujo continuo y no requiere operaciones preparativas ni post-proceso.

TABLA 1
CAPACIDAD HIGIENIZANTE DE ELECTRONES ACELERADOS Y ALTAS PRESIONES HIDROSTÁTICAS EN ALIMENTOS RTE ENVASADOS EN BOLSAS DE TAMAÑO FAMILIAR Y COMPARACIÓN DE AMBAS TECNOLOGÍAS EN RELACIÓN CON LOS ASPECTOS QUE SE INDICAN.

Parámetros comunes a ambas tecnologías						
Objetivo de seguridad alimentaria de "tolerancia cero" (FSO)				Ausencia /25 g		
Contaminación asumida durante el procesado:				$H_0 = 10$ células/g		
Almacenamiento: 5 °C durante (días):				10	20	30
Criterio de rendimiento (Nº reducciones decimales)				3,44	4,49	5,54
Parámetros particulares de ambas tecnologías y comparación de los atributos que se indican						
Concepto	Electrones acelerados			Altas presiones hidrostáticas		
Almacenamiento (5 °C)	10 días	20 días	30 días	10 días	20 días	30 días
Consecución FSO (kGy)	1,68	2,2	2,7	-	-	-
Consecución FSO 600 MPa	-	-	-	Sí	Sí	No
Vida útil a 5 °C (días)	>30	>30	>30	>30	>30	-
Atributo	Electrones acelerados			Altas presiones hidrostáticas		
Tipo de proceso	No térmico			No térmico		
Microorganismos diana	Formas vegetativas			Formas vegetativas		
Letalidad sobre patógenos	Muy alta			Alta		
Cinética de muerte	Primer orden			Compleja (varios modelos)		
Gráficas supervivencia	Log-lineal			Diversas formas		
Dosis para higienización	1 (3 D) - 2,5 kGy (5D)			600 MPa (~ 4 D)		
Eficacia del proceso	Predecible			Fallos ocasionales "colas"		
Consecución FSO	Sí			Sí, si almacenamiento < 30 días		
Detección ausencia 25 g	No			A veces (si hay "colas")		
Efecto propiedades sensoriales	No a menos 2-3 kGy			Gelificación algunas proteínas		
Tejidos más sensibles	Carne picada fresca			Carne picada, tejidos blandos		
Limitación color en carne fresca	Adquiere una tonalidad oscura			Color rojo se pierde		
Limitación textura	No a menos de 3 kGy			Gelificación (p. ej. salmón ahumado)		
Oxidación grasa	Posible aceleración >2kGy			Cristalizaciones reversibles		
Efectos en nutrientes	Mínimos			Mínimos		
Funcionamiento proceso	Flujo continuo			Discontinuo		
Capacidad del proceso	~ 7.000 bolsas (200 g)/h			1.000-5.000 bolsas (200 g)/h*		
Operaciones pre-proceso	Ninguna			Ninguna		
Operaciones post-proceso	Ninguna			Limpieza externa envases		
Residuos	Ninguno			Ninguno, solo utiliza agua corriente		
Precio (bolsas 200 g)	~ 0,08 €			0,10-0,20 €		
Efecto en medio ambiente	Respetuosa			Respetuosa		
Acogida consumidores	Dudosa			Positiva		
Aspectos legislativos (UE)	Requiere autorización			Sin problemas		
Comercio terceros países	Solicitud autorización			Sin problemas		

*Dependiendo del modelo.

Fuente: Adaptada de datos procedentes de Ordóñez y García de Fernando (2019).

➤ Estimar el aumento de listerias durante la vida comercial del producto bajo refrigeración. Se considerará un incremento del número de células de $0,105 \log_{10}$ ufc/día a 5 °C, deducido de un informe de

la FDA (2003) donde se tabulan muchos valores de diversos autores acerca del crecimiento de *L. monocytogenes* en diversos alimentos refrigerados (Ordóñez y García de Fernando, 2019).

A partir de estos datos, se calcula el CR de acuerdo con la ecuación $H_0 - CR + \Delta x = FSO$ (ICMSF, 2004), donde H_0 es la contaminación inicial, Δx es el incremento del número de microorganismos en x días y

el FSO, para el criterio de “tolerancia 0”, es ausencia en 25g (4 ufc/100 g; $\log_{10} = -1,39$). EL CR es de 5,54 reducciones decimales para, por ejemplo, un periodo de almacén de 30 días.⁴

Finalmente, hay que determinar las condiciones del tratamiento (criterio del proceso, CP) para lograr el FSO con ambas tecnologías. Para ello, se requiere conocer la sensibilidad de *L. monocytogenes* frente a los EA y las APH. En el primer caso, no presenta dificultad alguna porque repetidas veces se ha demostrado que la cinética de muerte por EA se ajusta a las reacciones de primer orden (véase, por ejemplo, Cambero y col., 2012). Los valores D (dosis de reducción decimal) más habituales para *L. monocytogenes* se sitúan entre 0,42 - 0,56 kGy con un valor medio 0,49 kGy (Ordoñez y García de Fernando, 2019). La muerte bacteriana por APH no se ajusta, en cambio, a una cinética de primer orden y la forma más práctica para conocer el efecto bactericida de las APH es mediante el recuento de los microorganismos supervivientes en las condiciones experimentales que se utilicen. El Comité Científico de la Agencia Española de Seguridad Alimentaria (AESA) emitió en 2005 una opinión sobre la aplicación de APH en la carne y productos cárnicos, en la que se incluía una revisión acerca de la manorresistencia de diversas bacterias patógenas, concluyendo que el FSO para alimentos RTE se consigue con un tratamiento a 300 - 400 MPa en matrices alimentarias para *E. coli* O157:H7 (reducción de 2,4 D) y con 550 MPa para *L. monocytogenes* (reducción de 4 D) teniendo en cuenta el crecimiento durante el almacenamiento (Ordoñez y García de Fernando, 2019). Las investigaciones realizadas al respecto permiten deducir que las condiciones más aconsejables son del orden de 600 MPa durante 3-8 minutos, lográndose una reducción media de 3-5 unidades logarítmicas (Ordoñez y García de Fernando, 2019).

A modo de resumen se ha preparado la tabla 1 en la que se comparan los valores aproximados de varios parámetros relacionados con la eficacia de ambas tecnologías con tiempos de almacén de 10, 20 y 30 días y, adicionalmente, se ofrecen

también los efectos de los tratamientos en diversos atributos.

Conclusiones

A la luz de los conocimientos actuales, las dos tecnologías plenamente desarrolladas que pueden ser útiles para la higienización de productos RTE (y otros productos mínimamente procesados) son las basadas en la ionización y las altas presiones hidrostáticas.

El tratamiento con electrones acelerados no modifica de forma significativa las propiedades nutritivas y sensoriales de una gran mayoría de productos RTE a la intensidad de tratamiento optimizada para alcanzar el FSO y la dosis necesaria para ello es del orden de un 70% más baja que la establecida por la FAO/IAEA/OMS⁵. Sin embargo, su aplicación en algunos productos tiene efectos no deseables que pueden conducir al rechazo del alimento por el consumidor. Tal es el caso de los productos cárnicos frescos que deben mantener la mioglobina en estado reducido u oxigenado (hamburguesas, tartar, carpaccio, etc.), ya que el tratamiento potencia la oxidación del pigmento dando lugar a metamioglobina que confiere un color pardo cuestionable. En cuanto a la aplicación comercial de los electrones acelerados, debe cumplir las directivas europeas y estar autorizada por las autoridades donde se efectúe el tratamiento y por las del país receptor de la mercancía.

Las APH es una tecnología aceptada sin problema alguno por los consumidores y está autorizada prácticamente en todos los países; no modifica las propiedades nutritivas ni sensoriales de los productos, salvo algunos, como hamburguesas (se pierde el color rojo) y ciertos pescados ahumados (se producen gelificaciones). Opera de forma discontinua, lo que puede ser una característica algo problemática en las grandes industrias procesadoras y quizás sea cara para su instalación en las pequeñas industrias pero tienen al alcance el servicio de maquila.

⁵ En 1980, un comité de expertos de la FAO/IAEA/OMS declaró que “la irradiación de cualquier artículo alimentario hasta una dosis global media de 10 kGy no provoca peligros tóxicos; por lo tanto, no se requiere el ensayo toxicológico del alimento”.

Bibliografía

- Cambero M.I., Cabeza M.C., Escudero R., Manzano S., García-Márquez I., Velasco R., Ordóñez J.A. 2012. Sanitation of selected ready-to-eat intermediate-moisture foods of animal origin by E-beam irradiation. *Foodborne Pathogens Disease*, 9, 594-599.
- FDA (Food and Drug Administration). 2003. Quantitative assessment of the relative risk to public health for foodborne *Listeria monocytogenes* among selected categories of ready-to-eat foods. Docket No 1999N-1168.
- ICMSF (International Commission on Microbiological Specification for Foods). 2004. *Listeria monocytogenes* en salchichas cocidas (frankfurters), En “Microorganismos de los Alimentos 7”, págs. 289-316. Acribia. Zaragoza.
- Lunden J. M., Autio T.J., Sjoberg A.M., Korkeala H.J. 2003. Persistent and nonpersistent *Listeria monocytogenes* contamination in meat and poultry processing plants. *Journal of Food Protection*, 66, 2062-2069.
- Ordóñez, J.A., Velasco, R. y Cabeza, M.C. 2017. El tratamiento con electrones acelerados permite asegurar la inocuidad de los alimentos listos para el consumo. Sociedad Iberoamericana de Información Científica (SIIC). doi: <http://dx.doi.org/10.21840/siic/154618>. 1ª ed. 13/09/2017; 2ª ed. 07/06/2021.
- Ordóñez, J.A. y García de Fernando, G. (eds). 2019. Tecnología Alimentarias. Vol. 2. Procesos de Conservación. Págs. 467-484. Síntesis. Madrid.
- Popovic, I., Heron, B. y Covacin, C. 2014. Listeria: an Australian perspective (2001-2010). *Foodborne Pathogens and Disease*, 11, 425- 432.
- Wulff G., Gram L., Ahrens P., Vogel, B. F. 2006. One group of genetically similar *Listeria monocytogenes* strains frequently dominates and persists in several fish slaughter-and smokehouses. *Applied and Environmental Microbiology*, 72, 4313-4322.
- Zhu, M.J., Du, M., Cordray, J. and Ahn, D.U. 2005. Control of *Listeria monocytogenes* contamination in ready-to-eat meat products. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 4, 34-42.

⁴ Hay que advertir que en estos cálculos no se considera la fase de latencia, que siempre existe y puede ser de días, lo que se traduce en una sobreprotección.

XVII Reunión de la Red de Microorganismos Extremófilos

JUAN M. GONZÁLEZ GRAU

Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, 41012, Sevilla

✉ jmgra@irnase.csic.es



Foto de asistentes a la XVII Reunión de la Red de Microorganismos Extremófilos, 30 Marzo-1 Abril, 2022.

Del 30 de Marzo al 1 de Abril 2022 tuvo lugar la XVII Reunión de la Red de Microorganismos Extremófilos RedEx) en Sevilla. Esta edición marca ya más de 25 años desde su origen en reuniones y actividades en esta red. A diferencia de la pasada edición en el 2021 que tuvo que ser organizada en modo telemático, en esta ocasión hemos podido celebrarla en modo presencial en la Facultad de Matemáticas de la Universidad de Sevilla. La financiación del Ministerio de Ciencia e Innovación (ref. RED2018-102734-T) ha hecho posible este encuentro.

En esta ocasión se han presentado 36 comunicaciones orales de forma presencial presentadas en su mayoría por jóvenes investigadores que desarrollan su actividad científica en los grupos participantes de esta red temática. El nivel de estos trabajos ha demostrado el elevado estandar de la investigación que se lleva a cabo en España en relación con los microorganismos extremófilos y donde se comunicaron muy diversos temas que abarcan el amplio abanico de disciplinas relacionadas con el

mundo de los extremófilos. Se incluyeron todo tipo de microorganismos extremófilos, y distintos aspectos incluyendo, entre otros, biología molecular, bioquímica, biotecnología, ecología, fisiología, genómica, taxonomía, etc.

Además, esta XVII edición ha incorporado dos presentaciones en modo telemático de investigadores extranjeros por parte de los Prof. H. Atomi (Universidad de Kioto, Japón) y R. Batista (Universidad Autónoma del Estado de Morelos, México) que nos han hecho partícipes de lo más novedoso que se está investigando en sus laboratorios a la vez que han representado otras redes que investigan en el mismo campo, tal como la International Society of Extremophiles, la Red Mexicana de Microorganismos Extremófilos y la Red Latinoamericana de Extremófilos. De este modo enlazamos la red nacional con otras a nivel internacional, continental y nacional de otros países.

En esta ocasión también hemos contado con la participación directa de empre-

sas como la Fundación Medina, Lubrizol y Lasing SL, que complementan la investigación básica y aplicada de los grupos participantes. Armando Izquierdo (Lasing) nos presentó nuevos equipamientos científicos.

Otra singularidad de esta edición es la presentación de un trabajo de divulgación llevada a cabo por el alumnado del IES Aquis Querquernis (Bande, Ourense) que nos ofreció un video muy interesante sobre sus actividades y especialmente aquellas con microorganismos extremófilos a través del proyecto Divulga-AQUIS (FECYT, FCT-20-16399).

Los que esteis interesados en más información o que tengan curiosidad por esta investigación pueden contactar con nosotros, por ejemplo, en jm.gonzalez@csic.es. Si quereis consultar el programa y los resúmenes de los trabajos presentados podeis hacerlo en el enlace <https://web.ua.es/es/rnme/documentos/redex-sevilla-2022.pdf>

Esperamos pronto comenzar a pensar en la próxima edición. Os esperamos.

Cuarto Retiro de la Academia Europea de Microbiología en La Granja de San Ildefonso

ALICIA SÁNCHEZ GOROSTIAGA

Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario. 28805 Alcalá de Henares, Madrid

MIGUEL VICENTE

Centro Nacional de Biotecnología. C/Darwin 3. 28049 Madrid

✉ alicia.sanchez.gorostiaga@madrid.org | mvicente200647@gmail.com



European Academy of
MICROBIOLOGY



Figura 1. Panel de Discusión. Eliora Ron (de espaldas), Ramón Roselló Mora, Juan Luis Ramos y Víctor de Lorenzo. Foto cortesía de Edward Bayer.

Durante los días 22 y 23 de abril se celebró en La Granja de San Ildefonso el Cuarto Retiro de la Academia Europea de Microbiología (EAM). El evento estuvo organizado por Alicia Sánchez Gorostiaga (Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Ambiental, IMIDRA) y Miguel Vicente (Centro Nacional de Biotecnología, CSIC, y miembro de la EAM). Como muchas otras reuniones

científicas, este retiro bianual que se viene celebrando en esta localidad segoviana desde 2014, tuvo que ser pospuesto en 2020 debido a la pandemia de COVID-19. Tras las cálidas palabras de bienvenida a cargo de Hilary Lappin-Scott (presidenta de la FEMS) los casi 50 académicos presentes asistieron a la presentación de trabajos científicos por varios de los académicos elegidos en 2021. José Penadés

(Imperial College de Londres) expuso su trabajo acerca de los elementos genéticos móviles y su papel en la patogenicidad de *Staphylococcus aureus*. Destacó el mecanismo de transducción lateral intra e interespecífica de islas cromosómicas de patogenicidad inducida por fagos y el papel que esta movilidad juega en la virulencia de bacterias y en la resistencia a antimicrobianos.



Figura 2. Anat Herskovits durante su presentación. Fotos cortesía de Edward Bayer.

Sun Nyut Wai (Universidad de Umeå) presentó una retrospectiva de su carrera científica desde sus primeras experiencias en el campo de la ginecología clínica hasta su actual interés en la respuesta inmunitaria de células eucarióticas frente a la presencia de vesículas extracelulares de origen bacteriano. Dado el papel que estas vesículas juegan en la regulación epigenética y en la senescencia de las células del hospedador y gracias a que son capaces de liberar diversas moléculas al ambiente, Wai propone su desarrollo para el tratamiento de infecciones bacterianas o cáncer.

Otros miembros de la EAM recientemente elegidos también expusieron el trabajo que se realiza en sus laboratorios, entre ellos Monika Ehling-Schulz (Universidad de Viena) quien presentó su trabajo sobre toxinas bacterianas y la producción de vesículas extracelulares y Anat A. Herskovits (Universidad de Tel Aviv) quien habló sobre la virulencia de *Listeria monocyto-*

genes. Ines Mandić-Mulec (Universidad de Ljubljana) e Itzhak Mizrahi (Universidad de Ben-Gurion) centraron sus exposiciones en los parámetros que rigen las interacciones intra e intercelulares en comunidades bacterianas organizadas en biofilms o provenientes de microbiomas intestinales. Finalmente, Inês Cardoso Pereira (Instituto de Tecnología Química y Biológica, Universidade Nova de Lisboa) explicó la plasticidad de bacterias sulfuroductoras y cómo su metabolismo energético está no solo involucrado en los ciclos biogeoquímicos de nuestro planeta, sino también en enfermedades humanas como el cáncer intestinal y las enfermedades inflamatorias intestinales.

También se discutieron los esfuerzos de la Academia para dar visibilidad a sus actividades, ya sea a través de su página web (<https://fems-microbiology.org/european-academy-of-microbiology/>), la revista científica μ Life (@microLifeJrnl) o la partici-

pación en las redes sociales (@FEMSmicro, #EAM). Se debatieron asimismo los objetivos de los grupos de trabajo de la EAM y el procedimiento para la elección de nuevos académicos. También surgió un animado debate, dirigido por Eliora Ron, Jay Hinton y Carmen Buchrieser, sobre las futuras líneas estratégicas de la Academia. Como colofón, La Granja de San Ildefonso fue elegida por unanimidad como sede para la próxima reunión de la Academia, expresando la intención de varios miembros de asociar el nombre de esta localidad a la reunión bianual de los más prestigiosos microbiólogos del continente.



**Microbiología
de Plantas**

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

La microbiología de plantas en España

JUNTA DIRECTIVA DEL GRUPO ESPECIALIZADO EN MICROBIOLOGÍA DE PLANTAS DE LA SEM

✉ emilia.lopez@upm.es

🌐 <https://www.semicrobiologia.org/grupos-especializados/microbiologia-de-plantas>

El grupo especializado de Microbiología de Plantas, MiP, de la Sociedad Española de Microbiología tiene su origen formal en noviembre de 2002 gracias al impulso por parte de Antonio de Vicente (Universidad de Málaga) y Jesús Murillo (Universidad Pública de Navarra), para que se generara un foro común en el que pudieran encontrarse los investigadores trabajando en interacciones planta-microorganismos en España.

Desde la colonización del medio terrestre, la vida de las plantas ha estado siempre apoyada en la de los microorganismos circundantes. Las interacciones de las plantas con microorganismos endosimbióticos y con organismos patógenos se conocen desde hace más de un siglo. La disponibilidad de herramientas de análisis molecular integrado de las poblaciones que conviven con las plantas, en combinación con técnicas de cultivo axénico ha revelado el papel esencial del microbioma asociado, constituido en un elemento clave para la capacidad de las plantas de sobrevivir en medios naturales. El análisis de las poblaciones microbianas presentes en cada compartimento vegetal (rizosfera/filosfera, apoplasto) ha demostrado que dichos compartimentos están poblados de forma natural por una gran diversidad de microorganismos, constituyendo todo ello un meta-organismo denominado holobionte. El estudio de sus interacciones sigue múltiples líneas concurrentes: al mismo tiempo que se van descubriendo los mecanismos empleados por los microorganismos patógenos para superar las barreras de la planta y proliferar en la mismas, se ha demostrado la capacidad de otros microorganismos para defenderlas, proveerlas de nutrientes y estimular su crecimiento. Estas son sólo algunas de las funciones de esta microbiota tan diversa. La búsqueda de otras funciones, seguramente dependientes de la sinergia entre los componentes de la misma, está abriendo un nuevo campo en el desarrollo de estrategias sostenibles para la biofertilización y la defensa de los cultivos frente a factores bióticos y abióticos.

Alrededor de estos intereses giran las líneas de investigación de los equipos integrados en el grupo especializado. Las áreas específicas en las que los miembros del grupo desarrollan su actividad pueden clasificarse en:

- Mecanismos de patogenicidad y colonización.
- Control, epidemiología, diagnóstico y manejo integrado de enfermedades de plantas.
- Interacciones beneficiosas.
- Microbiota asociada a plantas.

Desde su creación el grupo no ha dejado de crecer y en la actualidad cuenta con 116 socios. Se han realizado reuniones bianuales desde su creación de modo que la siguiente reunión, prevista para el año 2023 será la X Reunión del grupo. En todas ellas hemos comprobado la evolución del grupo en calidad, éxito y visibilidad internacional de la investigación en microbiología de plantas en España. En este número, gracias a la contribución de un buen número de equipos, mostramos una imagen representativa del alto nivel e interés de las líneas desarrolladas por los miembros del grupo.

Nuevos mecanismos de adaptación de los rizobios a la simbiosis

JOSÉ MANUEL PALACIOS ALBERTI, LUIS REY NAVARRO, MARTA ALBAREDA CONTRERAS

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP), Universidad Politécnica de Madrid (UPM/INIA-CSIC)

✉ jose.palacios@upm.es | luis.rey@upm.es | marta.albareda@upm.es

Nuestro grupo de investigación “Asociaciones de bacterias simbióticas con plantas” está dirigido por el profesor José M. Palacios y desarrolla su labor científica en el Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, UPM-INIA/CSIC) desde su inauguración en 2010. La principal línea de investigación del grupo es el estudio de nuevos mecanismos de adaptación de los rizobios a la simbiosis con plantas leguminosas, un proceso de gran importancia ambiental y agrícola y que contribuye significativamente a la sostenibilidad de diferentes agroecosistemas.

Se persiguen tres objetivos específicos: i) el análisis de los mecanismos de tolerancia al estrés de los rizobios derivados de las limitaciones energéticas, la adquisición de metales y la competencia en la rizosfera; ii) la identificación de las funciones vinculadas a los sistemas de secreción de los rizobios (sistemas tipo III y tipo VI); y iii) la generación de inoculantes de rizobios eficaces y competitivos.

Nuestra hipótesis de trabajo es que conjuntos diferenciales de compuestos/condiciones dependientes de la planta controlan la actividad de las bacterias de forma específica para el huésped. Las bacterias responden a estas diferentes condiciones expresando conjuntos definidos de proteínas que contribuyen a su adaptación al huésped (Durán *et al.*, 2021). Datos obtenidos de la comparación de la simbiosis con dos hospedadores (guisante y lenteja) nos han permitido establecer un catálogo de más de 100 proteínas bacterianas expresadas diferencialmente



Foto de grupo.

en ambos hospedadores. Estas proteínas incluyen transportadores de diferentes sustratos, reguladores transcripcionales, proteínas de respuesta al estrés (sHSPs, USPs), enzimas implicadas en el metabolismo bacteriano del C y el N y una hidrogenasa. Durante mucho tiempo hemos estudiado el papel de la hidrogenasa en la simbiosis (Sotelo *et al.*, 2021; Irisarri *et al.*, 2021), ahora comparando diferentes cepas vamos a evaluar si el H₂ podría actuar también como combustible para bacterias de la rizosfera de plantas que crecen junto a las leguminosas. El estudio de una potencial proteína de unión al zinc, RLV_3444, sobreexpresada en la simbiosis con guisantes indica un papel en la importación de zinc a los bacteroides de guisante. Otra proteína de interés es una escilo-inositol

aminotransferasa codificada en el plásmido simbiótico (RLV_1940, **Figura 1A**) que podría participar en la síntesis de rizopinas junto con una inositol deshidrogenasa (RLV_5886). La capacidad de utilizar rizopinas se ha citado como un factor importante para la competitividad en la rizosfera.

También estamos estudiando el papel que desempeñan las proteínas rizobianas (efectores) secretadas a través de los sistemas de secreción de tipo III o de tipo VI que podrían tener un papel en la rizosfera, en el establecimiento de una simbiosis efectiva y en la definición del rango del hospedador. El análisis de los sistemas de secreción de tipo VI han mostrado que los mutantes en dicho sistema en rizobios de judía y de altramuz están comprometidos

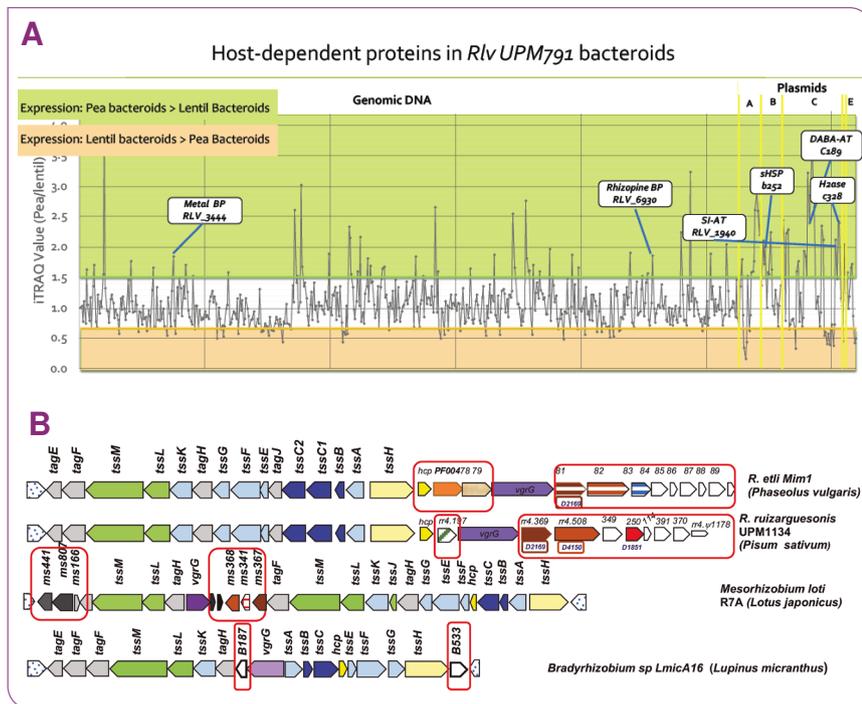


Figura 1. A. Identificación de proteínas con expresión dependiente del huésped en *Rlv UPM791*. Los trazos representan valores comparativos guisante/lenteja de un análisis proteómico de bacteroides (Durán et al., 2021). Los valores >1,5 se consideran sobreexpresados en guisante (área verde), mientras que < 0,67 (área naranja) están sobreexpresados en lenteja. Las proteínas relevantes están resaltadas. B. Agrupaciones génicas de T6SS de rizobios estudiados en el grupo. Los recuadros rojos destacan genes no conservados entre especies.

en la capacidad simbiótica y en la competencia interbacteriana (Salinero-Lanzarote et al., 2019, Tighilt et al., 2021). Actualmente estudiamos el papel de este sistema en rizobios de guisante y de *Lotus* (en colaboración con el Dr Garrido-Oter, Colonia, Alemania). Muchos efectores dependientes de T6SS se han descrito en patógenos de plantas y animales con actividad antibacteriana. El sistema tipo VI es poco conocido en rizobios y aún no se ha caracterizado ningún efector en estas bacterias que parecen codificar mayoritariamente efectores diferentes de los hasta ahora descritos (De Sousa et al., 2021).

Nuestro grupo dispone de más de 100 aislados de rizobios de suelos obtenidos de zonas tradicionales de lenteja y veza en las IGP Tierra de Campos y Alcalá de Henares, respectivamente. Algunas de estas cepas se están caracterizando como potenciales candidatas para elaborar inoculantes de lenteja y veza en base a su alto rendimiento simbiótico en condiciones de invernadero (Ballesteros et al., Álvarez et al., manuscritos en preparación).

En colaboración con el Dr. Juan Imperial y con grupos de investigación de Argelia (Dra F Boulila) y Túnez (Dr A Msaddak), estamos caracterizando nuevos rizobios de leguminosas que incluyen varias especies de la tribu *Genisteeae* como altramuces y retamas de gran valor alimentario y ecológico (Msaddak et al., 2021, Jorrin et al., 2020, Ahnia et al., 2018).

Bibliografía

- ▶ Ahnia H, Bourebaba Y, Durán D, Boulila F, Palacios JM, Rey L, Ruiz-Argüeso T, Boulila A, Imperial J. (2018). *Bradyrhizobium algeriense* sp. nov., a novel species isolated from effective nodules of *Retama sphaerocarpa* from Northeastern Algeria. Syst Appl Microbiol 41:333-339.
- ▶ De Sousa BFS, Castellane TCL, Tighilt L, de Macedo Lemos E G, Rey L. (2022). Rhizobial Exopolysaccharides and Type VI Secretion Systems: A Promising Way to Improve Nitrogen Acquisition by Legumes. Frontiers in Agronomy 3:661468

- ▶ Durán D, Albareda M, García C, Marina AI, Ruiz-Argüeso T, Palacio, JM. (2021). Proteome Analysis Reveals a Significant Host-Specific Response in *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae* Endosymbiotic Cells. Molecular & Cellular Proteomics 20:100009.

- ▶ Irisarri P, Imperial J, Lattanzi FA, Monza J, Palacios J, Sanjuan J, Grossman, J. (Eds.). (2022). Maximizing Nitrogen Fixation in Legumes as a Tool for Sustainable Agriculture Intensification. Frontiers in Agronomy 3:796717.

- ▶ Jorrin B, Palacios J M, Peix Á, Imperial J. (2020). *Rhizobium ruizarguesonis* sp. nov., isolated from nodules of *Pisum sativum* L. Systematic and Applied Microbiology, 43(4), 126090.

- ▶ Msaddak A, Rey L, Imperial J, Palacios JM, Mars M, Pueyo JJ. (2021). Phylogenetic Analyses of Rhizobia Isolated from Nodules of *Lupinus angustifolius* in Northern Tunisia Reveal *Devosia* sp. as a New Microsymbiont of Lupin Species. Agronomy 11, 1510.

- ▶ Salinero-Lanzarote, A, Pacheco-Moreno, A, Domingo-Serrano, L, Durán, D, Ormeño-Orrillo, E, Martínez-Romero, E, Albareda, M, Palacios, JM, Rey, L. (2019). The type VI secretion system of *Rhizobium etli* Mim1 has a positive effect in symbiosis. FEMS Microbiology Ecology fiz054.

- ▶ Sotelo M, Ureta AC, Muñoz S, Sanjuán J, Monza, J, Palacios J. (2021). Introduction of H2-Uptake Hydrogenase Genes Into Rhizobial Strains Improves Symbiotic Nitrogen Fixation in *Vicia sativa* and *Lotus corniculatus* Forage Legumes. Frontiers in Agronomy, 3, 44.

- ▶ Tighilt L, Boulila F, De Sousa BFS, Giraud E, Ruiz-Argüeso T, Palacios JM, Imperial J, Rey L. (2021). The *Bradyrhizobium* Sp. LmicA16 Type VI Secretion System Is Required for Efficient Nodulation of *Lupinus* Spp.. Microbial Ecology 1–12.

Bacteriología en el INIA/CSIC: utilidad de las técnicas ómicas para el control de enfermedades provocadas por bacterias en planta

JAIME CUBERO, SARA CUESTA-MORRONDO, PILAR SABUQUILLO, LAURA HERNÁNDEZ-ESCRIBANO, CRISTINA REDONDO Y LETICIA MARTÍN

Grupo de Bacteriología. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA/CSIC). Crta de La Coruña Km 7,5. 28040 Madrid

✉ cubero@inia.es

Introducción

Las tecnologías de secuenciación masiva han permitido profundizar en el conocimiento sobre los mecanismos que median las interacciones de las bacterias con las plantas, y muy especialmente de aquellas que son fitopatógenas. En los últimos años estas técnicas han contribuido además a descubrir los componentes de la microbiota vegetal y el efecto de ésta sobre los cultivos, identificando dentro de la misma, en ocasiones, bacterias no patógenas taxonómicamente muy cercanas a cepas que causan enfermedad. El grupo de Bacteriología en el INIA/CSIC ha utilizado estas tecnologías para desentrañar diversos aspectos de la patogenicidad y virulencia de bacterias mediante análisis de genómica y transcriptómica comparativas, y además, ha realizado estudios sobre la microbiota presente en diversos sistemas, incluyendo plantas o insectos vectores transmisores de bacterias.

Nuestra vocación es la investigación aplicada sustentada por un trabajo básico previo, y así por ejemplo, nuestros estudios de genómica han servido para el diseño de estrategias de detección de patógenos y diagnóstico de enfermedades importantes para la agricultura europea.

Genómica y transcriptómica comparativas en modelos de *Xanthomonas*

La especie *Xanthomonas arboricola* incluye numerosos patovares caracterizados por afectar diferentes especies de plantas huésped de forma específica. Nuestros pri-



Grupo de Bacteriología en el INIA/CSIC. De izquierda a derecha, arriba: Jaime Cubero y Cristina Redondo. Abajo: Pilar Sabuquillo, Leticia Martín, Laura Hernández-Escribano y Sara Cuesta-Morrondo.

meros estudios en *X. arboricola* comenzaron con el patovar pruni (Xap) que infecta *Prunus* spp. y que tiene gran importancia en melocotonero, albaricoquero, ciruelo o el almendro. Con genomas obtenidos mediante las primeras tecnologías de secuenciación masiva disponibles, fuimos capaces de identificar aquellos genes que diferenciaban cepas patógenas y no patógenas de *Xanthomonas* residentes en estas especies vegetales (Garita-Cambroneiro *et al.* 2016, 2017). Inicialmente a partir de genomas incompletos obtenidos mediante la tecnología IonTorrent, pudimos determinar que los sistemas de secreción (SST) y particularmente efectores del SST3, diferenciaban claramente cepas patógenas y no patógenas de *Xanthomonas* en *Prunus*. Además, encontramos diferencias en otros

elementos del genoma involucrados en la síntesis de sensores ambientales, adhesinas fimbriales y no fimbriales, enzimas pectolíticas y celulolíticas y detectamos secuencias particulares en la proteína principal del flagelo (Garita-Cambroneiro *et al.* 2016, 2017). Estos resultados se han ampliado recientemente cuando hemos aplicado nuevas técnicas de secuenciación y combinado secuencias largas (PacBio) y cortas (Illumina) para obtener ensamblajes híbridos (Cuesta-morrondo *et al.* 2022). Además, se han incluido en los análisis a los patovares corylina (Xac) y juglandis (Xaj) de *X. arboricola*, que afectan avellano y nogal, respectivamente (Garita-Cambroneiro *et al.* 2018; Cuesta-morrondo *et al.* 2022). En todos los casos nuestra intención es además relacionar los resultados

de genómica con el comportamiento fenotípico de las bacterias (Garita-Cambronero *et al.* 2019; Sabuquillo and Cubero 2021).

Los resultados de genómica comparativa nos han permitido además identificar dienas de PCR para el desarrollo de un método de detección más específico para Xap que ha sido adoptado dentro del protocolo recomendado por la "European and Mediterranean Plant Protection Organization" (EPPO/OEPP). Igualmente, en la actualidad se están abordando estrategias similares para Xac y Xaj, que serán validadas utilizando los criterios de especificidad y sensibilidad de EPPO (Catara *et al.* 2021).

Mediante RNAseq y transcriptómica comparativa, el grupo de Bacteriología del INIA/CSIC realiza estudios de diferentes situaciones en los procesos de infección. Por ejemplo, se están analizando los contrastes a nivel de expresión génica entre cepas patógenas y no patógenas aisladas de un mismo huésped o se evalúan los mecanismos que rigen los procesos de agregación y formación de biopelículas o el efecto de la luz y oscuridad en Xap, Xaj y Xac. En la mayoría de los casos, estos estudios incluyen análisis de secuenciación masiva y una fase de validación de los resultados mediante qRT-PCR sobre genes representativos en todos estos procesos. Nuestros estudios van dirigidos a aumentar el conocimiento de los procesos de infección para el desarrollo de métodos de control de estas bacteriosis.

Microbiota asociada a plantas y a vectores transmisores de bacterias

El grupo de Bacteriología del INIA/CSIC además está interesado en el estudio de la microbiota de las plantas, para observar su efecto en la salud de las mismas y como herramienta para la selección de posibles agentes de biocontrol. De esta manera, ha participado en un consorcio mundial para el análisis de la microbiota y el microbioma de los cítricos a nivel global, determinándose los géneros de bacterias que forman parte del "core microbiome" y las características funcionales del mismo, e infiriendo su potencial efecto positivo sobre el cultivo (Xu *et al.* 2018). En el grupo, además, se están realizando actividades similares para el análisis de la microbiota de las especies

de *Prunus* y su posible influencia en el desarrollo o no de la mancha bacteriana de los frutales de hueso y del almendro. Asimismo, los estudios van también dirigidos a la selección de elementos de la microbiota que pudieran ser utilizados en estrategias de control biológico contra enfermedades en estos huéspedes.

Finalmente, en el grupo de Bacteriología del INIA/CSIC estamos interesados en la bacteria *Candidatus Liberibacter* causante de enfermedades como el Huanglongbing o HLB de los cítricos, la "Zebra Chip" en patata o desordenes en zanahoria, chirivía, etc (Pierson *et al.* 2022). En los últimos años hemos caracterizado aislados presentes en España afectando a cultivos como la zanahoria, el apio o la chirivía y ocasionalmente la patata (Ruiz-Padilla *et al.* 2020). En este modelo realizamos estudios de genómica para el desarrollo de nuevas metodologías de detección e identificación y análisis de la microbiota de los psyllidos que transmiten esta bacteria en nuestro país mediante tecnologías de secuenciación por nanoporos. Todo ello tiene como objetivo el alcanzar un mayor conocimiento de *C. Liberibacter* y las enfermedades que produce para poder desarrollar formas eficientes de control.

Los resultados presentados en publicación son parte de proyectos de I+D+i / RTI2018-96018-R-C31, RTA2014-00018-C02-01 y RTA-0008-C04-03-E, financiados por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ "FEDER Una manera de hacer Europa" y el INIA.

Bibliografía

- ▶ Catara V, Cubero J, Pothier JF, Bosis E, Bragard C, Đermić E, Holeva MC, Jacques MA, Petter F, Pruvost O, Robène I, Studholme DJ, Tavares F, Vicente JG, Koebnik R y Costa J. (2021) Trends in Molecular Diagnosis and Diversity Studies for Phytosanitary Regulated *Xanthomonas*. *Microorganisms* 9:862.
- ▶ Cuesta-Morrondo S, Redondo C, Palacio-Bielsa A, Garita-Cambronero J y Cubero J. (2022) Complete Genome Sequence Resources of Six Strains of the Most Virulent Pathovars of *Xanthomonas arboricola* Using Long- and Short-Read Sequencing Approaches. *Phytopathology*, en prensa.
- ▶ Garita-Cambronero J, Palacio-Bielsa A y Cubero J. (2018) *Xanthomonas arboricola* pv. pruni, causal agent of

bacterial spot of stone fruits and almond: its genomic and phenotypic characteristics in the *X. arboricola* species context. *Mol Plant Pathol* 19:2053–2065.

- ▶ Garita-Cambronero J, Palacio-Bielsa A, López MM y Cubero J. (2017) Pan-Genomic Analysis Permits Differentiation of Virulent and Non-virulent Strains of *Xanthomonas arboricola* That Cohabit *Prunus* spp. and Elucidate Bacterial Virulence Factors. *Front Microbiol* 8:573.

- ▶ Garita-Cambronero J, Palacio-Bielsa A, López MM y Cubero J. (2016) Comparative Genomic and Phenotypic Characterization of Pathogenic and Non-Pathogenic Strains of *Xanthomonas arboricola* Reveals Insights into the Infection Process of Bacterial Spot Disease of Stone Fruits. *PLoS One* 11:e0161977.

- ▶ Garita-Cambronero J, Sena-Vélez M, Ferragud E, Sabuquillo P, Redondo C y Cubero J. (2019) *Xanthomonas citri* subsp. *citri* and *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*: Comparative analysis of two pathogens producing similar symptoms in different host plants. *PLoS One* 14:e0219797.

- ▶ Pierson EA, Cubero J, Roper C, Brown JK, Bock CH y Wang N. (2022) 'Candidatus Liberibacter' Pathosystems at the Forefront of Agricultural and Biological Research Challenges. *Phytopathology* 112:7–10.

- ▶ Ruiz-Padilla A, Redondo C, Asensio A, Garita-Cambronero J, Martínez C, Pérez-Padilla V, Marquín R, Collar J, García-Méndez E, Alfaro-Fernández A, Asensio-S-Manzanera C, Palomo JL, Siverio F, León L y Cubero J. (2020) Assessment of multilocus sequence analysis (MLSA) for identification of *Candidatus Liberibacter solanacearum* from different host plants in Spain. *Microorganisms* 8:1446.

- ▶ Sabuquillo P y Cubero J. (2021) Biofilm formation in *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*: Structure and development. *Agronomy* 11: 546.

- ▶ Xu J, Zhang Y, Zhang P, Trivedi P, Riera N, Wang Y, Liu X, Fan G, Tang J, Coletta-Filho HD, Cubero J, Deng X, Ancona V, Lu Z, Zhong B, Roper MC, Capote N, Catara V, Pietersen G, Vernière C, Al-Sadi AM, Li L, Yang F, Xu X, Wang J, Yang H, Jin T y Wang N. (2018) The structure and function of the global citrus rhizosphere microbiome. *Nat Commun* 9:4894.

Mecanismos de defensa, evasión de defensa y virulencia en la interacción de *Pseudomonas syringae* con su planta huésped

JAVIER RUIZ ALBERT Y CARMEN R. BEUZÓN LÓPEZ

Departamento Biología Celular, Genética y Fisiología, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea, Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC)

✉ javieruizal@uma.es | CBL@uma.es

🌐 <http://www.type3secretionlab.es>

🐦 @type3lab

Historial del grupo

El grupo se creó en 2003 en el Área de Genética de la Universidad de Málaga (UMA), está codirigido por Carmen R. Beuzón y Javier Ruiz Albert, y forma parte del Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea IHSM-UMA-CSIC, en cuyas instalaciones dispone de laboratorios, equipamiento y servicios.

La investigación se centra en interacción molecular planta-patógeno, utilizando estirpes modelo de la bacteria fitopatogénica *Pseudomonas syringae* (1448a, DC3000, B728a), y plantas modelo (*Arabidopsis*) o de relevancia agronómica (tomate y judía). Investigamos la contribución a la virulencia del Sistema de Secreción Tipo III (T3SS) y sus efectores asociados (T3Es), del flagelo, y de otros determinantes de virulencia. También analizamos la regulación de su expresión génica, incluyendo la formación de subpoblaciones por heterogeneidad fenotípica en poblaciones clonales, y sus consecuencias en el proceso de colonización. Recientemente hemos empezado a caracterizar estos fenómenos en relación a la capacidad de *Salmonella enterica* para colonizar plantas.

Hemos obtenido financiación del Plan Nacional (ininterrumpida desde 2003), Junta de Andalucía, y Fundación Genoma



Foto de grupo. De izquierda a derecha: Laura Mancera Miranda, Jose Rufián Plaza, Javier Ruiz Albert, Ángel del Espino Pérez, Carmen R. Beuzón López, Javier Rueda Blanco, Nieves López Pagán

España, hemos participado en tres acciones COST, hemos desarrollado numerosas colaboraciones nacionales e internacionales, y mantenemos un ritmo dinámico de publicación.

El grupo constituye un excelente entorno para investigadores postdoctorales e investigadores en formación, contribuyendo a iniciar la carrera investigadora de estudiantes pregraduados (40 TFGs y TFMs experimentales defendidos y/o en progreso), y posgraduados (9 Tesis Doctorales defendidas y cuatro en progreso), con una considerable producción científica por doctorando.

Líneas de investigación

Nuestra aproximación experimental es abierta, interdisciplinar y evoluciona con los proyectos, abordando preguntas que amplíen el campo de investigación. No nos limitamos a caracterizar mecanismos de virulencia del patógeno, sino que también caracterizamos sistemas de regulación y defensa de la planta, que en ocasiones toma un papel central, dejando al patógeno y sus efectores el papel de herramientas moleculares.

En sus inicios el grupo caracterizó la regulación de la expresión del T3SS y la

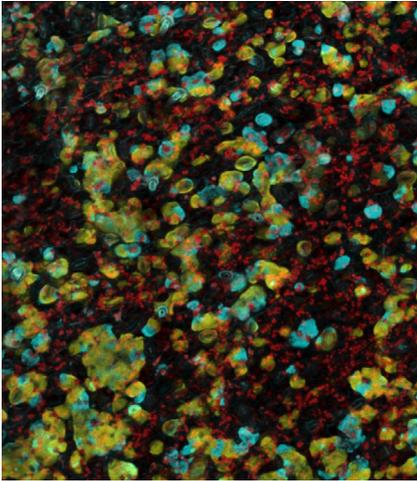


Foto 1. Microcolonias de *P. syringae* creciendo en el apoplasto de la planta, durante una infección mixta con alta dosis de inóculo: la estirpe silvestre está marcada en cian (eCFP) y el mutante KO para el T3SS (*delta-hrcV*) está marcado en amarillo (eYFP); en rojo, los cloroplastos (autofluorescencia).

contribución a la virulencia del repertorio de T3Es en la estirpe modelo 1448a, y ha colaborado en establecer un vínculo entre regulación de la expresión y secreción. También optimizamos técnicas de generación de mutantes y desarrollamos técnicas de análisis genético *in planta* (*competitive index*, CIs). Los resultados de esta investigación y las técnicas desarrolladas dieron lugar a numerosas publicaciones.

La caracterización de T3Es ha evolucionado al análisis de mecanismos moleculares de virulencia de T3Es específicos. Fuimos los primeros en describir la supresión de todos los niveles de defensa de la planta (PTI, ETI, y SAR) por parte de un único efector, HopZ1, y recientemente hemos identificado la MAP quinasa MKK7 como su diana en *Arabidopsis*, caracterizando su acetilación por HopZ1, y sus consecuencias moleculares (Rufián *et al.*, 2021). También hemos caracterizado en su patosistema natural la supresión de defensas por el efector HopZ3 (Rufián *et al.*, 2018a). Las técnicas optimizadas se han hecho accesibles a la comunidad científica (Rufián *et al.*, 2019)

La caracterización de la regulación de la virulencia ha evolucionado para analizar la heterogeneidad fenotípica en poblaciones bacterianas clonales durante la colonización de la planta. Hemos descrito por vez

primera en un fitopatógeno heterogeneidad fenotípica en la expresión del T3SS (Rufián *et al.*, 2016) y estamos caracterizando su impacto en otros procesos relevantes para la colonización. También hemos analizado la dinámica, clonalidad e interacciones de poblaciones mixtas *in planta* (Rufián *et al.*, 2018b).

En una línea reciente centrada en la planta, hemos caracterizado en *Arabidopsis* cómo, en ausencia del patógeno, el pequeño RNA miR825-5p regula negativamente los niveles de mensajero del gen de defensa MIST1, que codifica un TIR-NBS-LRR, y actúa como nodo para la regulación indirecta de numerosos genes similares (López-Márquez *et al.* 2020; López-Márquez *et al.*, 2021).

Finalmente, estamos analizando la heterogeneidad fenotípica durante la colonización de la planta por *Salmonella*, asociada a más del 25% de los brotes epidémicos por contaminación interna de fruta y verdura (CDC-USA). Resultados preliminares ya han proporcionado una primera publicación (Zarkani *et al.*, 2020).

Perspectivas futuras

Seguimos caracterizando T3Es que interaccionan con módulos de MAP kinasas para suprimir defensa en planta, y analizando la formación de complejos múltiples efector-diana ensamblados en la membrana plasmática de la célula vegetal.

También analizamos el papel potencial de la metilación de DNA en la regulación epigenética de la heterogeneidad fenotípica. Para ello, estamos determinando el metiloma de *P. syringae* en distintas condiciones de laboratorio y en planta, definiendo motivos de metilación, generando mutantes de las metilasas de DNA de 1448a y DC3000, asociando motivos a metilasas, y buscando *loci* candidatos a regulación por metilación. También estamos caracterizando heterogeneidad fenotípica del flagelo y otros determinantes de virulencia en *P. syringae* y *Salmonella*, y su potencial valor adaptativo.

En cuanto al sistema de regulación de defensa determinado por miR825-5p y MIST1, estamos caracterizando su evolución durante el desarrollo de la planta, y la interacción con mecanismos reguladores post-transcripcionales como el *nonsense-mediated-decay* (NMD).

Referencias

- Rufián JS, Sánchez-Romero M-A, López-Márquez D, Macho AP, Mansfield JW, Arnold DL, Ruiz-Albert J, Casadesús J, Beuzón CR. (2016) *Pseudomonas syringae* differentiates into phenotypically distinct subpopulations during colonization of a plant host. *Environ microbiol.*
- Rufián JS, Lucía A, Rueda-Blanco J, Zumaquero A, Guevara CM, Ortiz-Martín I, Ruiz-Aldea G, Macho AP, Beuzón CR, Ruiz-Albert J. (2018a) Suppression of HopZ Effector-triggered Plant Immunity in a natural pathosystem. *Front Plan Sci* 14:977.
- Rufián JS, Macho AP, Corry DS, Mansfield JW, Ruiz-Albert J, Arnold DL, Beuzón CR. (2018b) Confocal microscopy reveals in planta dynamic interactions between pathogenic, avirulent and non-pathogenic *Pseudomonas syringae* strains. *Mol Plant Pathol* 19(3):537-551.
- Rufián JS, Rueda-Blanco J, Beuzón CR, Ruiz-Albert J. (2019) Protocol: an improved method to quantify activation of systemic acquired resistance (SAR). *Plant Methods* 15:16.
- López-Márquez D, Del-Espino Á, Bejarano ER, Beuzón CR, Ruiz-Albert J. (2020) Protocol: low cost fast and efficient generation of molecular tools for small RNA analysis. *Plant Methods* 16:41.
- Zarkani AA, López-Pagán N, Grimm M, Sánchez-Romero MA, Ruiz-Albert J, Beuzón CR, Schikora A. (2020) *Salmonella* Heterogeneously Expresses Flagellin during Colonization of Plants. *Microorganisms* 8(6):815.
- Rufián JS, Rueda-Blanco J, López-Márquez D, Macho AP, Beuzón CR, Ruiz-Albert J. (2021) The bacterial effector HopZ1a acetylates MKK7 to suppress plant immunity. *New Phytol* 231(3):1138-1156.
- López-Márquez D, Del-Espino Á, López-Pagán N, Rodríguez-Negrete EA, Rubio-Somoza I, Ruiz-Albert J, Bejarano ER, Beuzón CR. (2021) miR825-5p targets the TIR-NBS-LRR gene MIST1 and down-regulates basal immunity against *Pseudomonas syringae* in *Arabidopsis*. *J Exp Bot.* 72(20):7316-7334.

Grupo fitomicrobiomas como herramientas biotecnológicas

PAJUELO E, NAVARRO-TORRE S, CAVIEDES MA, CARRASCO JA, FLORES-DUARTE NJ, GORDILLO I, TORRES-GARCÍA AM, RODRÍGUEZ-LLORENTE ID

Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad de Sevilla, Sevilla

✉ epajuelo@us.es | irodri@us.es



Integrantes del grupo BIO-181. Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla. De izquierda a derecha: Eloísa Pajuelo Domínguez; Noris J. Flores Duarte; José Antonio Carrasco López; Irene Gordillo Sánchez; Ignacio D. Rodríguez-Llorente; Salvadora Navarro de la Torre; Miguel A. Caviedes Formento; Ana Mª Torres García.

El grupo de investigación “Fitomicrobiomas como herramientas biotecnológicas” está dirigido por los Drs. Ignacio D. Rodríguez-Llorente y Eloísa Pajuelo. Componentes: Dr. Miguel Ángel Caviedes, Dra. Salvadora Navarro de la Torre (PSI), Dr. José Antonio Carrasco (contrato “María Zambrano”), Noris Flores Duarte (predoctoral), Ana María Torres (técnico). El grupo tiene una formación multidisciplinar, incluyendo licenciados/graduados en Farmacia, Biología, Química y Microbiología.

Nuestra investigación se centra en las interacciones beneficiosas plantas-bacterias, particularmente en situaciones de estrés. Las condiciones medioambientales presentes y los cambios que se vaticinan

están disminuyendo la productividad vegetal, siendo determinantes factores de estrés como la contaminación y el incremento de la salinidad de los suelos, el incremento de la temperatura global y el nivel de CO₂, el efecto invernadero y periodos prolongados de sequía. Para mantener la producción vegetal de forma medioambientalmente respetuosa proponemos el uso de inoculantes bacterianos. Abordamos el efecto de los metales pesados, de la salinidad y de las condiciones de cambio climático sobre la producción y la fisiología de las plantas, centrándonos en el papel beneficioso de la fitomicrobiota en el aumento de la resiliencia de las plantas en situaciones de estrés. Disponemos de una amplia colección de bacterias

–rizosféricas y endofíticas– con elevada resistencia a metales pesados, salinidad, sequía y/o altas temperaturas. Además, presentan propiedades promotoras del crecimiento vegetal (PGPB: plant growth promoting bacteria).

Las líneas de investigación abordan cuatro aspectos: a) prospección de halófitas por su potencial en fitodesalinización y fitorremediación de suelos, así como fuentes de bioproductos de alto valor añadido; b) descripción de la microbiota de halófitas, incluyendo nuevas especies; c) diseño de biofertilizantes bacterianos útiles para mejorar la producción vegetal en el escenario del cambio climático; y d) búsqueda de bacterias productoras de ACC-desami-

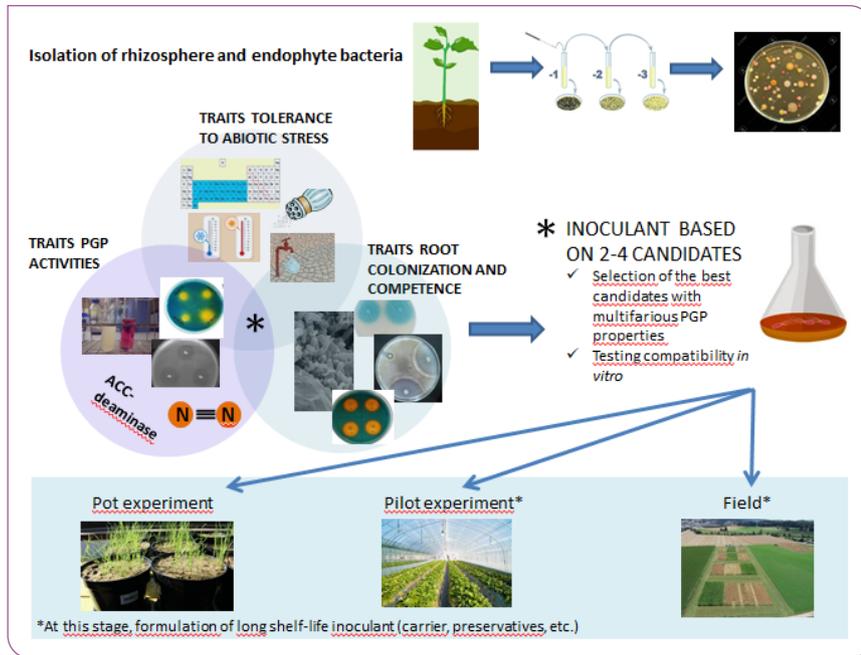


Figura 1. Esquema de la selección de bacterias y el diseño de inoculantes microbianos para la inoculación de plantas.

nasa para fomentar la nodulación de leguminosas en suelos degradados.

La investigación realizada tiene un doble componente, básico y aplicado. A través de la secuenciación de los genomas bacterianos y herramientas moleculares de estudios de expresión génica, nos hemos aproximado a los mecanismos que subyacen en la fitoprotección ejercida por las bacterias frente al estrés. Al mismo tiempo, inoculantes bacterianos formados por consorcios de las mejores PGPB se están utilizando en cultivos de interés agronómico y económico en Andalucía, como la fresa, en un proyecto en fincas de la provincia de Huelva. Utilizando inoculantes basados en bacterias resistentes a salinidad y sequía, hemos disminuido el consumo de agua de riego en cultivos de fresas hasta un 30 %. Pajuelo *et al.* (2021) refleja esta evolución desde la ciencia básica a la aplicada, aplicando bacterias rizosféricas en el cultivo de vegetales en un huerto urbano. Los biofertilizantes basados en estas bacterias (Figura 1) constituyen una alternativa a los agroquímicos, como modo de producción agraria ecológica, con menor insumo de recursos y menor contaminación medioambiental.

Actualmente tenemos en vigor los proyectos: a) Mejora de la sostenibilidad del

cultivo de fresa mediante bioherramientas (FEDER 2020/00000092); b) MESEM-BOLOMA: Valorización de la halófila de las costas andaluzas *Mesembryantemum crystallinum* como fuente de bioproductos de interés farmacológico y nutracéutico. Del microbioma al metaboloma (PAIDI PY20-00682); c) Nanopartículas troyanas: comida por fuera, veneno por dentro. Diseño y evaluación de nanopartículas biodegradables para su aplicación en medicina personalizada (FEDER US-1380878); y d) Prueba de concepto, con los usuarios finales, de una bioherramienta para la mejora de prácticas agrícolas intensivas (BIOFERSA).

Mantenemos fructíferas relaciones tanto en España como en el exterior, destacando la “simbiosis” con el grupo de la Dra. Susana Redondo- Gómez (Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Biología, US), con quienes compartimos proyectos y publicaciones.

Como consecuencia de las investigaciones llevadas a cabo en los últimos 10 años se han publicado más de 30 artículos científicos en revistas de alto impacto, algunos de los cuales son:

1. Navarro-Torre, *et al.* 2016. Isolation of plant-growth-promoting and metal-resistant cultivable bacteria from *Arthrocnemum macrostachyum* in

the Odiel marshes with potential use in phytoremediation. Mar. Pollut. Bull. 110: 133-142.

2. Navarro-Torre, *et al.* 2017. Bioaugmentation with bacteria selected from the microbiome enhances *Arthrocnemum macrostachyum* metal accumulation and tolerance. Mar. Pollut. Bull. 117: 340-347.

3. Paredes-Páliz, *et al.* 2018. Investigating the mechanisms underlying phytoprotection by plant-growth promoting rhizobacteria in *Spartina densiflora* under metal stress. Plant Biol. 20: 497-506.

4. Raklami, *et al.* 2109. Safe cultivation of *Medicago sativa* in metal-polluted soils from semi-arid regions assisted by heat-and metallo-resistant PGPR. Microorganisms, 7, 212.

5. Bessadok, *et al.* 2020. The ACC-deaminase producing bacterium *Variovorax* sp. CT7.15 as a tool for improving *Calicotome villosa* nodulation and growth in arid regions of Tunisia. Microorganisms, 8, 541.

6. Pajuelo, *et al.* 2021. Coastal Ecosystems as Sources of Biofertilizers in Agriculture: From Genomics to Application in an Urban Orchard. Front. Mar. Sci. 8:685076.

7. Redondo-Gómez, *et al.* 2021. Consortia of Plant-Growth-Promoting Rhizobacteria Isolated from Halophytes Improve Response of Eight Crops to Soil Salinization and Climate Change Conditions. Agronomy 11, 1609: 1-14.

8. Merinero, *et al.* 2022. Assessing the biofortification of wheat plants by Combining a Plant Growth-Promoting Rhizobacterium (PGPR) and Polymeric Fe-Nanoparticles: Allies or Enemies? Agronomy, 12, 228.

Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales

EVA ARREBOLA, JOSÉ ANTONIO GUTIÉRREZ-BARRANQUERO, SANDRA TIENDA, RAFAEL VILLAR-MORENO, BLANCA RUÍZ, LUCÍA GUIRADO, ANTONIO DE VICENTE, FRANCISCO M. CAZORLA

Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, Spain. Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora". Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Universidad de Málaga IHSM-UMA-CSIC, Málaga, Spain.

✉ cazorla@uma.es

El grupo de investigación Biología y control de microorganismos asociados a cultivos subtropicales, pertenecientes al grupo PAI AGR0169, dedica sus recursos humanos y materiales, al estudio de las causas biológicas y de las posibles vías de solución, de los problemas que afectan a las principales plantaciones de cultivos del sur de la Península Ibérica, con especial interés en los cultivos subtropicales como el mango y el aguacate (www.mamgroup.es).

Los trabajos de investigación se pueden agrupar en dos líneas de trabajo diferenciadas. Por un lado, nuestro grupo estudia las patologías microbianas, como la necrosis apical del mango, causada por la bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* (Cazorla *et al.* 1998). Esta bacteria presenta dos estilos de vida complementarios, habitualmente se encuentra de forma epifita sobre la superficie de las hojas y yemas de la planta, sin embargo, en los meses de invierno esta bacteria puede introducirse a través de pequeñas heridas e infectar las yemas terminales provocando necrosis de los tejidos, reduciendo así el número de panículas florales de los árboles de mango (Gutiérrez-Barranquero *et al.*, 2019). También se estudia la malformación del mango, enfermedad fúngica causada por *Fusarium* spp. y que afecta a panículas florales y vegetativas. Esta enfermedad produce alteraciones en las flores y en el desarrollo de las yemas vegetativas, dando lugar a panículas estériles



Miembros del equipo de investigación tomando muestras de campo.

que hacen de reservorio de *Fusarium* spp. y que son el principal foco de dispersión de esporas (Crespo *et al.* 2014). Recientemente se trabaja en la muerte regresiva de ramas de aguacate, enfermedad causada por distintos representantes fúngicos de la familia *Botryosphaeriaceae*. Esta enfermedad se caracteriza por producir la seca y muerte de ramas, generalmente desde los brotes vegetativos o florales hasta la base de rama, con la consecuente reducción de la producción de frutos. Los hongos causantes de esta enfermedad se caracterizan por permanecer latentes en el punto de entrada hasta que las condiciones fisiológicas de la planta sean propicias para el desarrollo de la enfermedad. Estas condiciones normalmente están acompañadas de diferentes estreses que debilitan al árbol, bajando las defensas naturales del mismo, por esta razón las infecciones por *Botryosphaeria* se consideran infecciones oportunistas.

Por otro lado, se realizan estudios centrados en el control de enfermedades que afectan al mango y al aguacate. Destacan los trabajos sobre la podredumbre radicular del aguacate, causada por *Rosellinia necatrix*, o el control de enfermedades postcosecha que afectan a frutos de mango y aguacate. Entre estas medidas de profilaxis, se destaca el trabajo sobre las estrategias de control biológico y compatibles con la agricultura ecológica (Cazorla *et al.* 2006; Vida *et al.*, 2017; Tienda *et al.*, 2020). Nuestro grupo usa como modelo una cepa beneficiosa de *Pseudomonas*

chlororaphis para describir los procesos de interacción que tienen lugar en la rizosfera, y que conducen al control biológico de la enfermedad. Esta estrategia se ve complementada por el estudio detallado del efecto beneficioso sobre el suelo y las plantas que tienen las aplicaciones de enmiendas orgánicas. Por otro lado, también se emplean distintos agentes de control biológico para reducir y prevenir la aparición de enfermedades postcosecha en estos frutos.

Referencias

- **Cazorla, F.M., J.A. Torés, L. Olalla, A. Pérez-García, J.M. Farré y A. de Vicente.** Bacterial apical necrosis of mango in southern Spain: A disease caused by *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*. *Phytopathology*, 88: 614-620 (1998). DOI:10.1094/PHYTO.1998.88.7.614
- **Crespo, M., E. Arrebola, F.M. Cazorla, M. Maymon, S. Freeman, J.A. Torés y A. de Vicente.** Characterization of *Fusarium mangiferae* isolates from mango malformation disease in Southern Spain. *European Journal of Plant Pathology* 139:247-253 (2014). DOI: 10.1007/s10658-014-0398-5
- **Cazorla, F.M., S.B. Duckett, E.T. Bergström, S. Noreen, R. Odijk, B.J.J. Lugtenberg, J.E. Thomas-Oates y G.V. Bloembergen.** Biocontrol of avocado dematophora root rot by antagonistic *Pseudomonas fluorescens* PCL1606 correlates

with the production of 2-hexyl, 5-propyl resorcinol. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 19:418-428. (2006). DOI: 10.1094/MPMI-19-0418

- **Vida, C, F.M. Cazorla y A. de Vicente.** Characterization of biocontrol bacterial strains isolated from a suppressiveness-induced soil after amendment with composted almond shells. *Research in Microbiology*, 168: 583-593 (2017). Doi: 10.1016/j.resmic.2017.03.007.

- **Gutierrez-Barranquero, J.A., F.M. Cazorla y A. de Vicente.** *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* associated with mango trees, a particular pathogen within the "hodgepodge" of the *Pseudomonas syringae* complex. *Frontiers in Plant Science* 10: 570. (2019). Doi: 10.3389/fpls.2019.00570

- **Tienda, S., C. Vida, E. Lagendijk, S. de Weert, I. Linares, J. González-Fernández, E. Guirado, A. de Vicente, y F.M. Cazorla.** Soil application of a formulated biocontrol rhizobacterium, *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606, induces soil suppressiveness by impacting specific microbial communities. *Frontiers in Microbiology* 11: 1560 (2020). Doi: 10.3389/FMICB.2020.01874



Biotecnología de la interacción de microorganismos con leguminosas y otras plantas de interés agrícola

BERNAL GUZMÁN, PATRICIA. BORRERO DE ACUÑA, JOSÉ MANUEL. BUENDÍA CLAVERÍA, ANA MARÍA. CUBO SÁNCHEZ, MARÍA TERESA. ESPUNY GÓMEZ, MARÍA DEL ROSARIO. JIMÉNEZ GUERRERO, IRENE. LÓPEZ BAENA, FRANCISCO JAVIER. MEDINA MORILLAS, CARLOS. OLLERO MÁRQUEZ, FRANCISCO JAVIER. PÉREZ MONTAÑO, FRANCISCO. VINARDELL GONZÁLEZ, JOSÉ MARÍA

Departamento de Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Sevilla. Avenida de Reina Mercedes, 6. 41012-Sevilla.

✉ pbernal@us.es | jbdeacuna@us.es | buendi@us.es | cubo@us.es | espuny@us.es | ijimgue@us.es | jlopez@us.es | cmolina1@us.es | fjom@us.es | fperez@us.es | jvinar@us.es

Desde hace casi 40 años se estudian en el Departamento de Microbiología de la Universidad de Sevilla las interacciones beneficiosas entre microorganismos del suelo y plantas de interés agrícola. De esta forma, el grupo de investigación estudia diversas rizobacterias que promueven el crecimiento de plantas de interés agrícola mediante biofertilización, bioestimulación y/o biocontrol. Principalmente investigamos las señales moleculares que rigen la interacción simbiótica fijadora de N₂ atmosférico establecida entre rizobios y leguminosas (factores de nodulación, polisacáridos de superficie y efectores del sistema de secreción de tipo III o de tipo VI) y los mecanismos utilizados por bacterias para controlar el crecimiento, la colonización o la infección de bacterias fitopatógenas en cultivos de interés agrícola (sistemas de secreción de tipo VI y/o las vesículas de membrana). Utilizamos los modelos: a) *Sinorhizobium fredii*-soja, b) *Rhizobium tropici*-judía, c) *Sinorhizobium meliloti*-alfalfa, d) *Pseudomonas putida*-fitopatógenos, e) rizobiofagos-inoculantes y f) bacterias promotoras del crecimiento de las plantas.

La línea de investigación de la Dra. Bernal se centra en el estudio de los Sistemas de Secreción de Tipo VI en *P. putida*. Este microorganismo es una bacteria del suelo con la capacidad de colonizar la raíz de diferentes plantas de cultivo proporcionando ventajas de crecimiento y al mismo tiempo protección contra patógenos; por ello esta cepa es considerada un agente



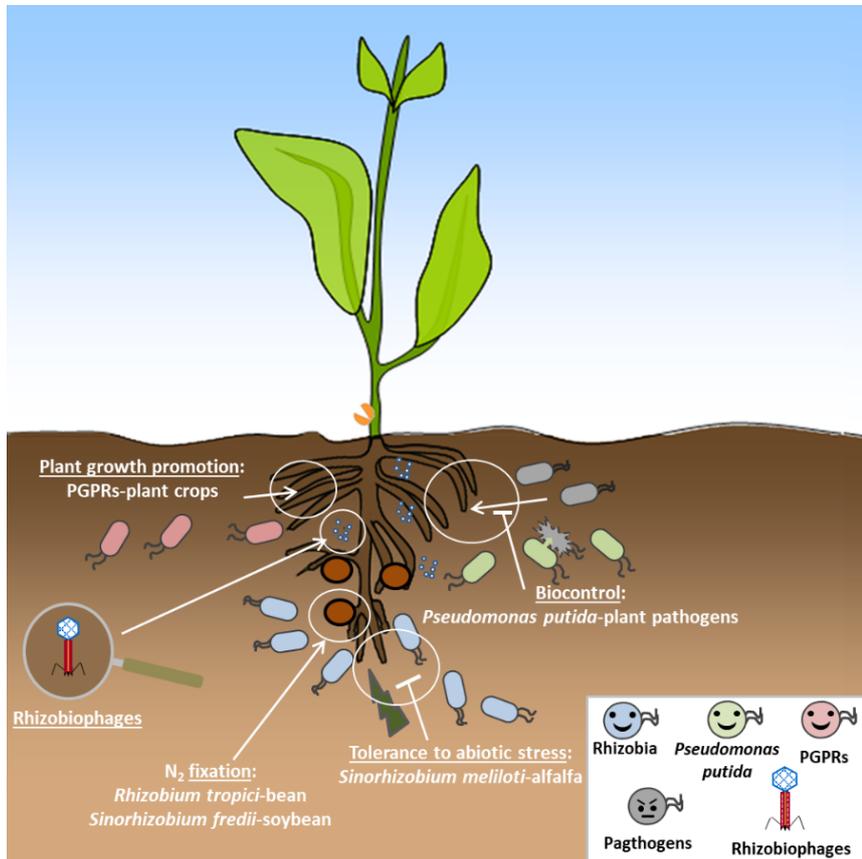
Miembros del grupo.

de control biológico (biocontrol) de gran relevancia. El biocontrol de las enfermedades producidas por patógenos de plantas se considera una excelente alternativa a los pesticidas químicos para proteger nuestros cultivos, ya que estos pueden provocar la contaminación del subsuelo y la pérdida de la microbiota natural tanto del suelo como de la planta.

La línea de investigación liderada por el Dr. Borrero de Acuña propone aprovechar todo el potencial de las vesículas externas de membrana en beneficio de las interacciones bacteria-planta mediante una aproximación biotecnológica que evita el uso de OMG. Para ello, además de determinar el cargo proteínico y metabólico de

las vesículas externas de membrana en diferentes rizobacterias (*S. fredii* HH103, *R. tropici* CIAT 899 y *P. putida*), se pretende adaptar en parte la carga proteica y metabólica de estas estructuras membranosas para que encapsulen mayoritariamente factores de nodulación, fitohormonas o inhibidores de fitopatógenos. De esta forma, el objetivo final es mejorar la fijación de nitrógeno, el crecimiento de las plantas y/o inhibir a potenciales fitopatógenos mediante el uso de vesículas cargadas a la carta, sin la necesidad de emplear la totalidad del microorganismo.

La línea de investigación liderada por los doctores López-Baena y Medina se centra en el estudio del papel del sistema de



Líneas de investigación y modelos utilizados por nuestro grupo.

secreción de tipo III de *S. fredii* HH103 en la simbiosis con diversas leguminosas hospedadoras. Este sistema especializado de secreción de proteínas está implicado en la supresión de las respuestas de defensa de la planta para promover la infección y así asegurar la supervivencia del rizobio dentro del hospedador.

Otra línea de investigación, la dirigida por los doctores López-Baena y Vinardell, intenta profundizar en los mecanismos que determinan la especificidad y la eficiencia de la nodulación por medio del estudio simultáneo e integrado de la respuesta molecular, genética y fisiológica subyacente a la interacción simbiótica entre mutantes bacterianos en genes cruciales para la simbiosis de *S. fredii* HH103 y *R. tropici* CIAT 899 y varias leguminosas modelo con importancia agrícola, así como la determinación química de algunos de los determinantes moleculares bacterianos más importantes de compatibilidad simbiótica, los lipopolisacáridos.

Finalmente, la línea de investigación liderada por el Dr. Pérez-Montaño tiene como

objetivo profundizar en los mecanismos que determinan la especificidad y la eficiencia de la nodulación mediados por el sistema de secreción de tipo VI en los rizobios, usando como organismo modelo *S. fredii* USDA257, estirpe con uno de los mayores rangos de hospedador conocido. Además, en este proyecto se pretende determinar el papel de este sistema de secreción de proteínas en la competición con otras bacterias rizosféricas incluyendo algunas fitopatógenas. Los resultados esperados de este proyecto mejorarán el conocimiento existente sobre los mecanismos responsables de la compatibilidad rizobio-leguminosa, así como el posible uso de los rizobios no solo como agentes biofertilizantes sino también como agentes de biocontrol.

Con todas estas líneas de investigación abiertas, nuestro objetivo último es generar conocimiento que contribuya a la transición hacia una agricultura sostenible y a su adaptación a ambientes adversos, con el fin de generar alternativas y así evitar o disminuir el uso de fertilizantes y pesticidas químicos.

Referencias

- Acosta-Jurado S, Alias-Villegas C, Navarro-Gómez P, Almozara A, Rodríguez-Carvajal MA, Medina C, y Vinardell JM. (2020). *Sinorhizobium fredii* HH103 *syrM* inactivation affects the expression of a large number of genes, impairs nodulation with soybean and extends the host-range to *Lotus japonicus*. *Env Microbiol* 22: 1104-1124.
- Bernal P, Furniss RCD, Fecht S, Leung RC, Spiga L, Mavridou DA y Filloux A. (2021). A novel stabilization mechanism for the type VI secretion system sheath. *Proc Nat Acad Sci USA* 118.
- Borrero de Acuña JM y Bernal P. (2021). Plant holobiont interactions mediated by the type VI secretion system and the membrane vesicles: promising tools for a greener agriculture. *Environ Microbiol* 23: 1830-1836.
- Cubo MT, Alías-Villegas C, Balsanelli E, Mesa D, De Souza E y Espuny MR. (2020). Diversity of *Sinorhizobium* (*Ensifer*) *meliloti* bacteriophages in the rhizosphere of *Medicago marina*: Myoviruses, filamentous and N4-like podovirus. *Front Microbiol* 11: 22.
- Del Cerro P, Ayala-García P, Buzón P, Castells-Graells R, López-Baena FJ, Ollero FJ y Pérez-Montaño F. (2020). OnfD, an AraC-type transcriptional regulator encoded by *Rhizobium tropici* CIAT 899 and involved in Nod factor synthesis and symbiosis. *App Environ Microbiol* 86: e01297-20.
- Jiménez-Guerrero I, Acosta-Jurado S, Medina C, Ollero FJ, Alias-Villegas C, Vinardell JM, y López-Baena FJ. (2020). The *Sinorhizobium fredii* HH103 type III secretion system effector NopC blocks nodulation with *Lotus japonicus* Gifu. *J Exp Bot* 71(19): 6043-6056.
- Jiménez-Guerrero, I., Moreno-De Castro, N., & Pérez-Montaño, F. (2021). One door closes, another opens: when nodulation impairment with natural hosts extends rhizobial host-range. *Env Microbiol* 23(4): 1837-1841.
- López-Baena, F. J., Vinardell, J. M., & Medina, C. (2019). Regulation of protein secretion systems mediated by cyclic diguanylate in plant-interacting bacteria. *Front Microbiol* 10: 1289.

Interacción entre el transcriptoma del hospedador y el microbioma de la raíz en el holobionte olivo

ANTONIO J. FERNÁNDEZ-GONZÁLEZ^a, JESÚS MERCADO-BLANCO^b, MANUEL FERNÁNDEZ-LÓPEZ^a

^aDepartamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín, CSIC. Calle Profesor Albareda 1, 18008 Granada, Spain

^bDepartamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC. Campus 'Alameda del Obispo' s/n. Avd. Menéndez Pidal s/n, 14004 Córdoba, Spain

✉ manuel.fernandez@eez.csic.es



Figura 1. Miembros de los grupos de investigación.

El olivar constituye un agro-ecosistema de gran relevancia y soporte de biodiversidad en toda la cuenca mediterránea, con indudables impactos económicos, sociales y ecológicos en España. El principal producto de su cultivo, el aceite de oliva virgen, aporta numerosos beneficios nutricionales. Esta grasa vegetal nos ayuda a reducir la aparición de enfermedades cardiovasculares como la hipertensión, algunos tipos de cáncer o la diabetes tipo 2, entre otras muchas. Además, estimula nuestro microbioma intestinal, generando una mayor diversidad de bacterias beneficiosas en nuestro sistema digestivo.

Las condiciones ambientales, pedológicas y agroclimáticas de un cultivo, como puede ser el del olivar, tienen un impacto significativo tanto en las plantas como en las comunidades microbianas que conviven con ellas. En concreto, el sistema radicular, en contacto directo con el suelo, es la zona de la planta donde se localiza la

mayor riqueza y diversidad microbiana. Es por ello, que durante décadas se ha puesto el foco de atención en dicho sistema radicular, llevándose a cabo estudios sobre los perfiles de expresión génica de la planta por un lado, y de la alteración de sus comunidades microbianas por otro, ya sea frente a situaciones de estrés biótico (por ejemplo, la infección por un patógeno, Fernández-González *et al.* 2020) o abiótico (por ejemplo, el estrés hídrico que sufren en la estación estival y que se ve agravado por la aceleración del cambio climático). Sin embargo, apenas hay estudios que evalúen al mismo tiempo el efecto de las condiciones ambientales tanto en la planta hospedadora como en la comunidad microbiana que habita en él. Desde esta perspectiva holística, y considerando al hospedador y a sus huéspedes microbianos como un todo (holobionte), es posible ir un paso más allá y estudiar las interacciones que co-ocurren entre el transcriptoma de la planta y la microbiota que alberga.

Recientemente, la colaboración entre nuestro grupo de investigación, el Instituto de Agricultura Sostenible (IAS-CSIC) y la Universidad de Jaén, ha permitido identificar, por primera vez, las relaciones que se establecen entre la expresión de genes en el sistema radicular del olivo y las comunidades microbianas asociadas al mismo (Fernández-González *et al.* 2021). El estudio se centra en dos grupos de olivos cultivados en una finca situada en el banco mundial de germoplasma de olivo en el IFAPA de Córdoba (Fernández-González *et al.* 2019). De hecho, nuestro trabajo es el primero en el que se lleva a cabo este tipo de abordaje holístico en el sistema radicular, permitiendo conocer de forma detallada los genes expresados diferencialmente y los microorganismos (bacterias y hongos) cuya abundancia relativa se ve alterada por dichos genes. El trabajo se centró en dos grupos de olivos que están entremezclados en la misma finca. La diferencia más notable entre dichos grupos es que presentaban, en el momento del muestreo, un

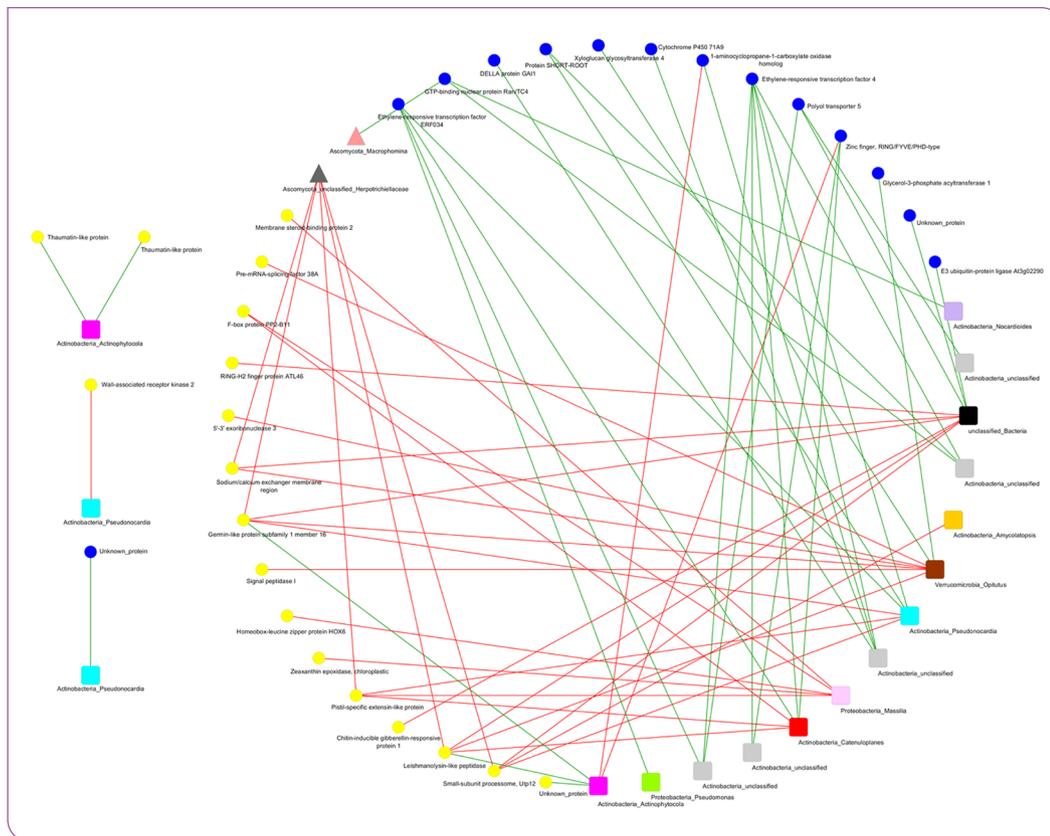


Figura 2. Redes de co-ocurrencia mostrando las interacciones entre los genes diferencialmente expresados en la raíz de olivo y los OTUs endofíticos. Sólo se muestran las correlaciones significativas ($-0.8 \leq r \leq 0.8$) de acuerdo con el método de Random Matrix Theory (RMT). Los círculos representan genes inducidos (amarillo) o reprimidos (azul) en el grupo de olivos AH. Cuadrados y triángulos representan OTUs bacterianos y fúngicos, respectivamente, coloreados de acuerdo a su anotación taxonómica. Las líneas representan las conexiones positivas (verde) y negativas (rojo). Las líneas de correlación gen-gen y OTU-OTU se han eliminado para tener una figura más clara.

perfil microbiano muy diferente habitando en el interior de sus raíces. Particularmente, el género *Actinophytocola* (*Actinobacteria*), que fue el endófito predominante en las raíces de todos los olivos estudiados, presentó una alta prevalencia en un grupo (AH) y baja en el otro grupo (AL).

El análisis de los perfiles de expresión génica de la raíz nos mostró que fueron diferentes en ambos grupos de plantas, en función de la abundancia del género *Actinophytocola*. El análisis de correlación de Pearson mostró una primera aproximación de las interacciones que ocurren entre el transcriptoma de la raíz hospedadora y la comunidad microbiana endófito. De hecho, se observó un fuerte efecto de inhibición (correlación negativa) entre la mayoría de microorganismos y los genes sobreexpresados en el grupo con alta prevalencia de *Actinophytocola*. Además, las redes de co-ocurrencia del microbioma radicular endosférico también fueron claramente diferentes. Cabe destacar que muchos de estos genes están relacionados con respuestas de protección frente a estreses bióticos o abióticos (ver Figura 2). La identificación posterior de OTUs (Unidades Taxonómicas Operativas) y genes clave,

mediante redes de co-ocurrencia, mostró interacciones significativas entre 32 genes diferencialmente expresados y 19 OTUs.

Por lo tanto, este trabajo nos ha permitido dar una visión holística de la comunicación que existe entre el sistema radicular del olivo y su microbiota endófito. No obstante, quedan otros factores a tener en cuenta, como los distintos exudados radiculares o las modificaciones estructurales de las raíces ante cada situación, para poder llegar a definir perfiles más completos que permitan conocer mejor el estado de salud de las plantas y su microbiota asociada ante un determinado escenario medioambiental. Este conocimiento permitirá desarrollar nuevas estrategias de recuperación y/o mejora de los cultivos, teniendo en cuenta no solo a la planta de interés, sino que también a su microbiota asociada, lo que de seguro repercutirá en una mejora sustancial de dichas estrategias.

Bibliografía

➤ Fernández-González AJ, Villadas PJ, Gómez-Lama Cabanás C, Valverde-Corredor A, Belaj A, Mercado-Blanco

J y Fernández-López M. (2019). Defining the root endosphere and rhizosphere microbiomes from the World Olive Germplasm Collection. *Scientific Reports* 9: 20423. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-56977-9>

➤ Fernández-González AJ, Cardoni M, Gómez-Lama Cabanás C, Valverde-Corredor A, Villadas PJ, Fernández-López M y Mercado Blanco J. (2020). Linking belowground microbial network changes to different tolerance level towards *Verticillium wilt* of olive. *Microbiome* 8: 11. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-020-0787-2>

➤ Fernández González AJ, Ramírez-Tejero JA, Nevado Berzosa M, Luque F, Fernández López M y Mercado Blanco J. (2021). Coupling the endophytic microbiome with the host transcriptome in olive roots. *Computational and Structural Biotechnology Journal* 19: 4777-4789. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2021.08.035>.

Grupo Interacciones Microbianas (GIM)

RAÚL RIVAS, PEDRO F. MATEOS, ENCARNA VELÁZQUEZ, ESTHER MENÉNDEZ, ZAKI SAATI-SANTAMARÍA, PAULA GARCÍA-FRAILE, EUSTOQUIO MARTÍNEZ-MOLINA

Departamento de Microbiología y Genética. Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE). Universidad de Salamanca

✉ raulrg@usal.es

 <https://microusal.com/>

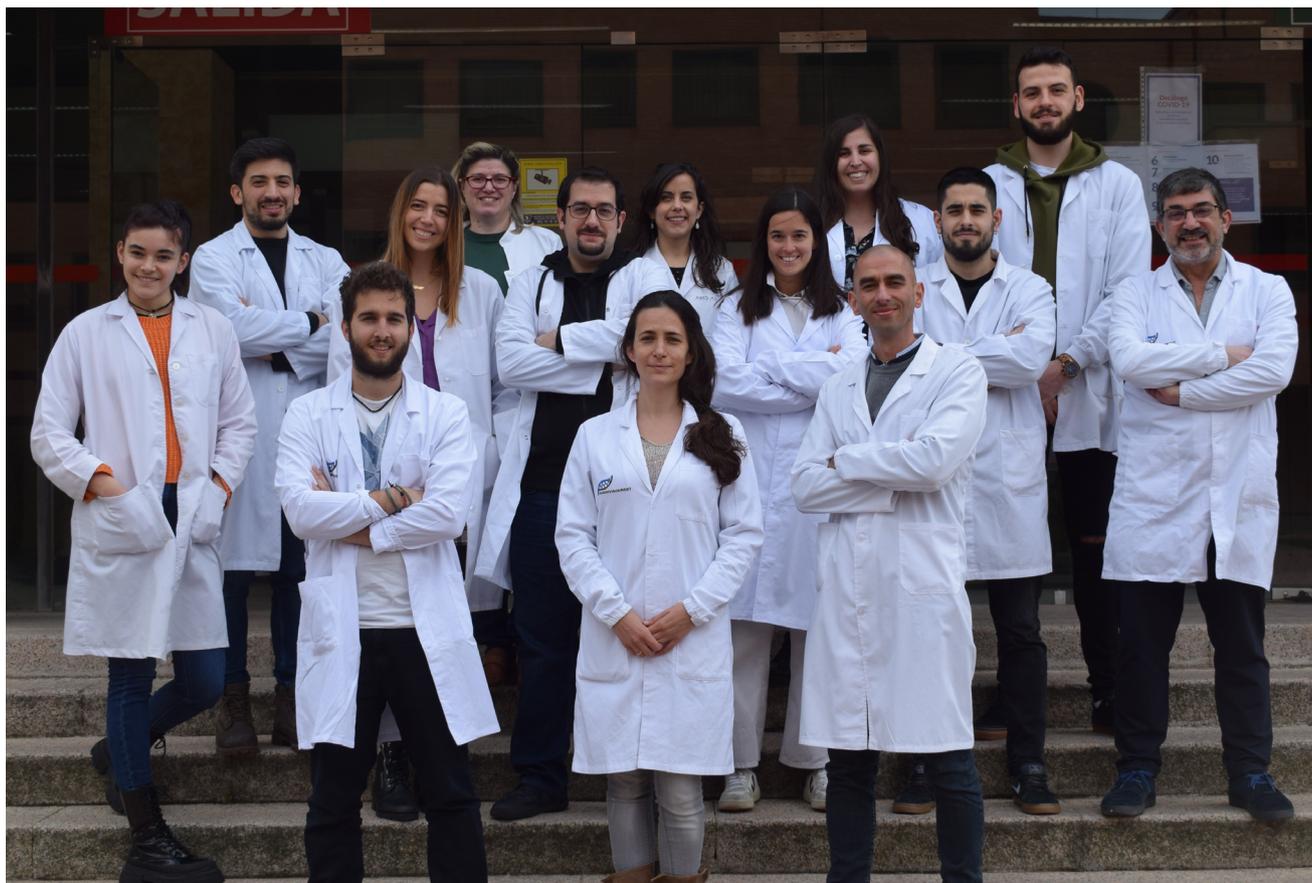


Foto de grupo.

El Grupo de Investigación Reconocido (GIR) de la Universidad de Salamanca, «INTERACCIONES MICROBIANAS» comenzó su trayectoria en la década de 1980, tras la incorporación del Dr. Martínez-Molina al área de Microbiología de la Universidad de Salamanca. Desde entonces, con el esfuerzo de los primeros miembros, el grupo ha mantenido una producción continua en investigación, docencia, gestión y transferencia. En los últimos años, los investigadores e investigadoras senior del equipo

han preparado el relevo generacional del grupo, facilitando la labor de investigadores e investigadoras noveles que han aportado perspectivas científicas diversas y la apertura de nuevas líneas de investigación. En la actualidad, el grupo tiene el estatus de Unidad Asociada al Grupo Interacción Planta-Microorganismo del Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca del CSIC (IRNASA-CSIC) y es reconocido como Grupo de Excelencia y como Unidad de Investigación Consolidada por

la Junta de Castilla y León. Además, es grupo fundador de la Sociedad Española de Fijación de Nitrógeno (SEFIN).

En las últimas décadas, una de las líneas principales del grupo está relacionada con las «Interacciones beneficiosas planta-microorganismo». La experiencia acumulada permite afrontar los retos tanto de formación de investigadores como de ejecución de proyectos básicos y aplicados. En este sentido, durante estos años hemos obte-

nido financiación para más de 70 proyectos, en convocatorias competitivas, tanto nacionales como internacionales, y contratos con empresas privadas, que han dado como resultado a más de 200 publicaciones científicas, más de 300 contribuciones a congresos nacionales e internacionales, más de 50 ponencias, más de 10 patentes y la formación de más de 30 doctores.

En la actualidad las líneas de trabajo que el grupo desarrolla en el ámbito de la interacción microorganismo-planta son las siguientes:

1. Estudio de la biodiversidad, caracterización y análisis de la estructura taxonómica de poblaciones microbianas implicadas en interacciones microorganismo-planta y microorganismo-insecto-planta y análisis de su potencial biotecnológico. En los últimos años hemos realizado reorganizaciones taxonómicas en base a estudios genómicos y filogenómicos y análisis de la diversidad y funcionalidad de las poblaciones microbianas de diferentes nichos mediante técnicas de secuenciación masiva.

2. Análisis molecular y funcional de células simbióticas en las interacciones *rhizobia*-leguminosa y sus aplicaciones biotecnológicas. Los resultados confirman la funcionalidad de la célula CelC2 en la colonización, infección y nodulación durante el establecimiento de la simbiosis fijadora de nitrógeno en leguminosas. Además, los datos disponibles en biosíntesis y degradación de celulosa apoyan el potencial biotecnológico de dicha celulosa.

3. Análisis de las interacciones beneficiosas planta-microorganismo a nivel molecular a través de estudios transcriptómicos, generación de mutantes mediante CRISPR/Cas y análisis de fenotipos simbióticos.

4. Mejora de la producción primaria en cultivos de interés mediante el

diseño y utilización de inóculos bacterianos como biofertilizantes multifuncionales seleccionados para mejorar el crecimiento vegetal, el bienestar de la planta y la producción agrícola cuantitativa y cualitativamente aumentando en los frutos el contenido de compuestos beneficiosos para la salud.

5. Diseño de agentes de biocontrol basados en bacterias beneficiosas que utilizan métodos directos e indirectos contra hongos y nemátodos fitopatógenos y plagas de insectos.

6. Estrategias de mejora de sistemas agronómicos basadas en microbiomas para formular consorcios microbianos que mantengan o restauren la salud de los cultivos afectados por estreses tanto abióticos (sequía, salinidad) como bióticos (hongos y nematodos fitopatógenos).

Publicaciones recientes seleccionadas

➤ **Ayuso-Calles, M. et al.** (2020). *Rhizobium laguerreae* improves productivity and phenolic compounds content of lettuce (*Lactuca sativa* L.) under saline-stress conditions. *Foods* 9 (9): 1166. doi: 10.3390/foods9091166.

➤ **Flores-Félix, JD. et al.** (2021). Connecting the Lab and the Field: Genome Analysis of *Phyllobacterium* and *Rhizobium* Strains and Field Performance on Two Vegetable Crops. *Agronomy* 11 (6): 1124. doi: 10.3390/agronomy11061124.

➤ **González-Dominici, LI. et al.** (2020). Genome Analysis and Genomic Comparison of the Novel Species *Arthrobacter ipsi* Reveal Its Potential Protective Role in Its Bark Beetle Host. *Microbial Ecology* 81: 471-482. Doi: 10.1007/s00248-020-01593-8.

➤ **Jiménez-Gómez, A. et al.** (2020). Increase in phenolic compounds of *Corian-*

drum sativum L. after the application of a *Bacillus halotolerans* biofertilizer. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 100 (6): 2742-2749. doi: 10.1002/jsfa.10306.

➤ **Menéndez, E. et al.** (2019). Legumes display common and host-specific responses to the rhizobial cellulase CelC2 during primary symbiotic infection. *2019. Scientific Reports* 9: 13907. Doi: 10.1038/s41598-019-50337-3

➤ **Pastor-Bueis, R. et al.** (2021). Yield response of common bean to co-inoculation with *Rhizobium* and *Pseudomonas* endophytes and microscopic evidence of different colonised spaces inside the nodule. *European Journal of Agronomy* 122: 126187. Doi: 10.1016/j.eja.2020.126187.

➤ **Roca-Couso, R. et al.** (2021). Mechanisms of Action of Microbial Biocontrol Agents against *Botrytis cinerea*. *Journal of Fungi* 7 (12): 1045. Doi: 10.3390/jof7121045.

➤ **Saati-Santamaría, Z. et al.** (2022). Unveiling the genomic potential of *Pseudomonas* type strains for discovering new natural products. *Microbial Genomics*. 8 (2): 758. Doi: 10.1099/mgen.0.000758

➤ **Saati-Santamaría, Z. et al.** (2021). Phylogenomic analyses of the genus *Pseudomonas* lead to the rearrangement of several species and the definition of new genera. *Biology* 10 (8): 782. doi: 10.3390/biology10080782.

➤ **Veselská, T. et al.** (2020). Comparative eco-physiology revealed extensive enzymatic curtailment, lipases production and strong conidial resilience of the bat pathogenic fungus *Pseudogymnoascus destructans*. *Scientific Reports* 10 (1): 16530. Doi: 10.1038/s41598-020-73619-7.

BACPLANT: Innovando en el control biológico de *Erwinia amylovora* y *Ralstonia solanacearum* para una agricultura ecosostenible y segura

ELENA G. BIOSCA¹, ÀNGELA FIGÀS SEGURA¹, RICARDO D. SANTANDER^{1,2} Y BELÉN ÁLVAREZ^{1,3}

¹Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València (UV), 46100 Valencia

²College of Agricultural, Human, and Natural Resource Sciences, Irrigated Agriculture Research and Extension Center (IAREC)- Washington State University, 99350 Washington, United States

³Departamento de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA), 28800 Alcalá de Henares

✉ elena.biosca@uv.es



Miembros actuales de BACPLANT. De izquierda a derecha y de abajo a arriba: Elena G. Biosca, Àngela Figàs-Segura, Belén Álvarez y Ricardo D. Santander.

El conocimiento de la biología de las bacterias fitopatógenas es crucial para mejorar las medidas de prevención y control de las enfermedades que causan, y para desarrollar métodos innovadores de biocontrol. El interés de BACPLANT se centra en estudiar la biología de bacterias fitopatógenas de relevancia y en explorar nuevas aproximaciones biotecnológicas de control basadas en bacterias antagonistas y bacteriófagos (fagos).

Biología y control biológico de *Erwinia amylovora*

E. amylovora, agente etiológico del fuego bacteriano de las rosáceas, es una bacteria psicotrofa capaz de crecer entre 4°C y 37°C, pero la mayoría de estudios se han realizado a temperaturas a las que se producen los brotes en campo ($\geq 18^\circ\text{C}$).

Nuestro grupo ha investigado el efecto de tres temperaturas (28°C, 14°C y 4°C) sobre distintos aspectos de la biología de esta bacteria, revelando que mantiene su virulencia y supervivencia a temperaturas ambientales templadas y frías, lo que probablemente ha contribuido a su diseminación a países con climas muy diferentes (Santander *et al.*, 2017). Además, su ciclo de vida comprende periodos dentro y fuera de la planta en los que tiene que

enfrentarse a estrés oxidativo. Nuestros resultados han demostrado el importante papel de las catalasas de *E. amylovora* tanto en virulencia como en supervivencia durante la interacción con la planta, y también en supervivencia en condiciones de inanición (Santander *et al.*, 2018). Las rutas de infección de este patógeno a través de las raíces también precisaban de un mayor conocimiento. Nuestros hallazgos han demostrado la capacidad de *E. amylovora* para infectar, colonizar e invadir las raíces de la planta y causar síntomas de fuego bacteriano tanto en la parte aérea como en el sistema radicular (Santander *et al.*, 2020).

Respecto al control biológico, nos hemos centrado en explorar la microbiota de la planta como fuente de nuevos agentes de biocontrol de *E. amylovora*. En colaboración con el Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), hemos caracterizado y seleccionado nuevas bacterias asociadas a plantas con actividad antagonista frente a este patógeno (Barbé *et al.*, 2022), lo que podría conllevar nuevos métodos de biocontrol.

Biocontrol y biología de *Ralstonia solanacearum*

Los avances en medidas de biocontrol de *R. solanacearum*, causante de la marchitez bacteriana en plantas solanáceas y ornamentales, incluyen un creciente interés por los fagos. Aunque se han descrito fagos activos frente a especies muy relacionadas con *R. solanacearum* (Álvarez y Biosca, 2017), hasta recientemente no se había descrito ninguno con potencial de biocontrol eficaz frente a esta especie. En colaboración con el IVIA, hemos aislado, caracterizado y seleccionado tres fagos líticos específicos de *R. solanacearum* eficaces en reducir tanto la incidencia de la marchitez bacteriana en planta como densidades elevadas del patógeno en agua ambiental (Álvarez *et al.*, 2019). Esta solución innovadora de control de la marchitez bacteriana ha generado una patente entre la Universitat de València y el IVIA (ES2592352B2) en 2017, exten-

dida a E.E.U.U. en 2019 (US10508266B2) y a Europa en 2020 (EP3305892B1). Más recientemente, el análisis genómico de estos tres fagos ha confirmado su idoneidad como agentes de control seguros y ha aportado información sobre sus proteínas líticas y despolimerasas, componentes esenciales para dañar las células de este patógeno (Biosca *et al.*, 2021). Esto ha arrojado luz sobre sus capacidades de biocontrol de *R. solanacearum*. Adicionalmente, para la comercialización de estos fagos, hemos evaluado su supervivencia y actividad lítica tras su conservación mediante liofilización con crioprotectores. Los resultados de viabilidad y estabilidad de los fagos tras su liofilización han sido satisfactorios, demostrando además que conservan su eficacia de biocontrol en planta (Álvarez *et al.*, 2022). Actualmente estamos ultimando estudios sobre la capacidad de *R. solanacearum* de enfrentar factores ambientales que determinan su expansión geográfica en condiciones de cambio climático.

Perspectivas futuras

Innovar en aplicaciones biotecnológicas de microorganismos ambientales para ofrecer soluciones naturales eficaces y sostenibles para la prevención y/o control de bacteriosis de plantas en condiciones mediterráneas, así como proporcionar alimentos seguros y saludables.

Bibliografía

- ▶ **Álvarez B y Biosca EG** (2017). Bacteriophage-based bacterial wilt biocontrol for an environmentally sustainable agriculture. *Front Plant Sci* 8: 1218. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01218>
- ▶ **Álvarez B, Gadea-Pallás L, Rodríguez A, Vicedo B, Figàs-Segura À y Biosca EG**. (2022). Viability, stability and biocontrol activity *in planta* of specific *Ralstonia solanacearum* bacteriophages after their conservation prior to commercialization and use. *Viruses* 14: 183. <https://doi.org/10.3390/v14020183>
- ▶ **Álvarez B, López MM y Biosca EG**. (2019). Biocontrol of the major plant pathogen *Ralstonia solanacearum* in irrigation water and host plants by novel waterborne lytic bacteriophages. *Front Microbiol* 10: 2813. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02813>
- ▶ **Barbé S, Figàs-Segura À, Benada M, Navarro-Herrero I, Sampaio TM, Biosca EG, Marco-Noales E**. (2022). Plant-associated microbiota as a source of antagonistic bacteria against the phytopathogen *Erwinia amylovora*. *Environ Microbiol Rep* (In press). <https://doi.org/10.1111/1758-2229.13064>
- ▶ **Biosca EG, Català-Senent JF, Figàs-Segura À, Bertolini E, López MM y Álvarez B**. (2021). Genomic analysis of the first European bacteriophages with depolymerase activity and biocontrol efficacy against the phytopathogen *Ralstonia solanacearum*. *Viruses* 13: 2539. <https://doi.org/10.3390/v13122539>
- ▶ **Santander RD y Biosca EG**. (2017). *Erwinia amylovora* psychrotrophic adaptations: evidence of pathogenic potential and survival at temperate and low environmental temperatures. *PeerJ* 5: e3931. <https://doi.org/10.7717/peerj.3931>
- ▶ **Santander RD, Català-Senent JF, Figàs-Segura À y Biosca EG**. (2020). From the roots to the stem: unveiling pear root colonization and infection pathways by *Erwinia amylovora*. *FEMS Microbiol Ecol* 96: fiae210. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiae210>
- ▶ **Santander RD, Figàs-Segura À y Biosca EG**. (2018). *Erwinia amylovora* catalases KatA and KatG are virulence factors and delay the starvation-induced viable but non-culturable (VBNC) response. *Mol Plant Pathol* 19: 922-34. <https://doi.org/10.1111/mpp.12577>

Trichoderma, desde el laboratorio al campo: contribución a la agricultura eco-sostenible

ROSA HERMOSA Y ENRIQUE MONTE

Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE). Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca. Río Duero 12, Campus de Villamayor. 37185 Salamanca

✉ rhp@usal.es

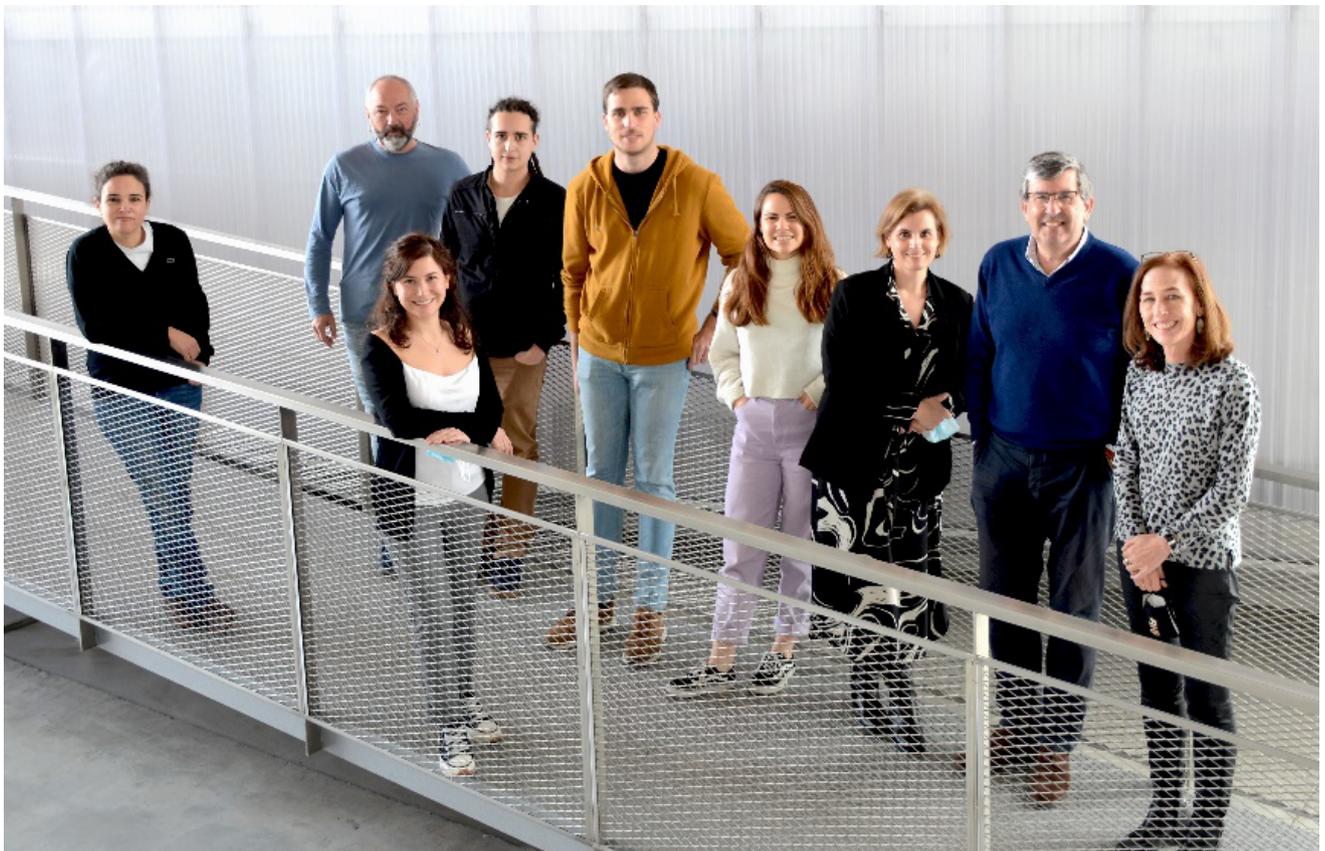


Foto de grupo. De izquierda a derecha: María Eugenia Morán Díez, Ángel Emilio Martínez de Alba, Claudia Margarita Sanabria Rojas, Julio Ascaso Pérez, Alberto Pedrero Méndez, María Illescas, María Belén Rubio, Enrique Monte y Rosa Hermosa.

El Grupo de Fitopatología y Control Biológico del Departamento de Microbiología y Genética de la Universidad de Salamanca (USAL) estudia desde 1989 hongos filamentosos del género *Trichoderma* como agentes de control biológico en agricultura. En 2000 participó en la fundación del CIALE y promovió el primer proyecto UE de genómica funcional de *Trichoderma*. Desde 2003, el grupo ha centrado su investigación en descifrar el diálogo molecular *Trichoderma*-planta para comprender los efectos beneficiosos de cepas de este hongo en

términos de promoción del crecimiento y activación de defensas de las plantas frente a estreses bióticos y abióticos. En la actualidad, el grupo posee las menciones de Grupo de Investigación Reconocido de la USAL y de Unidad de Investigación Consolidada de la Junta de Castilla y León (JCyL), y pertenece a la Unidad de Excelencia AgriEnvironment de la JCyL.

Algunos hitos alcanzados son: primera formulación líquida de *Trichoderma* patentada como agente de biocontrol

(1995), primer biofungicida registrado en España e inclusión de cepas de *Trichoderma* en la lista de sustancias activas para el registro en la UE (2008), descripción de la activación por *Trichoderma* de defensas de la planta dependientes de ácido salicílico (2009), secuenciación y anotación de los genomas de *T. atroviride* y *T. virens* y demostración de que el micoparasitismo es un estilo de vida ancestral en *Trichoderma* (2011), modelo molecular que explica los efectos beneficiosos de *Trichoderma* sobre las plantas (2012), demostración de

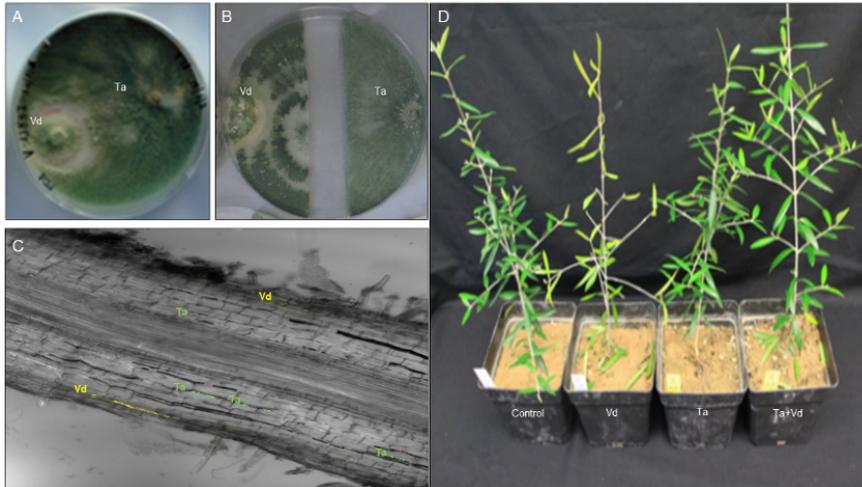


Figura 1. Interacción *Trichoderma*-*Verticillium*-olivo. A) Cultivo dual de *T. atroviride* (Ta) y *V. dahliae* (Vd) en medio PDA. B) Cultivo dual Ta-Vd en medio PDA discontinuo. C) Imagen confocal de corte longitudinal de raíz de olivo (Ta, marcado en verde; Vd, marcado en amarillo). D) Plantas de olivo Picual de 28 meses con verticilosis: sin tratar (control); con síntomas de verticilosis causada por la infección artificial de Vd cuando tenían 18 semanas; tratadas con Ta cuando tenían 16 semanas; y tratadas con Ta e infectadas con Vd (Ta+Vd). Fotografías: Irene Carrero Carrón.

la heredabilidad del efecto de *Trichoderma* sobre la planta (2017), beneficios del uso compatible de *Trichoderma* con hongos micorrícicos (2019), influencia de *Trichoderma* sobre el microbioma de la rizosfera de trigo cultivado en campo (2020), desarrollo de comunidades sintéticas para aliviar el estrés hídrico de las plantas (2021), y producción de distintas clases de fitohormonas por *Trichoderma* y su participación en el incremento de la tolerancia de las plantas a la sequía (2021).

Las actuales líneas incluyen: i) las aplicaciones de *Trichoderma* en un escenario “carbon farming”; ii) reducción de fertilizantes inorgánicos en cultivos extensivos; iii) explotación de *Trichoderma* como bioestimulante; iv) el proyecto 400 genomas de *Trichoderma*; y v) marcas epigenéticas y herencia transgeneracional de la planta asociadas a *Trichoderma*.

Algunas publicaciones de los últimos 5 años:

➤ **Carrero-Carrón I, Rubio MB, Niño-Sánchez J, Navas JA, Jiménez-Díaz RM, Monte E y Hermosa R.** (2018). Interactions between *Trichoderma harzianum* and defoliating *Verticillium dahliae* in resistant and susceptible wild olive clones. *Plant Pathol* 67: 1758-67.

➤ **Debbi A, Bouregghda H, Monte E y Hermosa R.** (2018). Distribution and

genetic variability of *Fusarium oxysporum* associated with tomato diseases in Argelia and a biocontrol strategy with indigenous *Trichoderma* spp. *Front Microbiol* 9: 282.

➤ **Illescas M, Rubio MB, Hernández-Ruiz V, Morán-Díez ME, Martínez de Alba AE, Nicolás C, Monte E y Hermosa R.** (2020). Effect of inorganic N top dressing and *Trichoderma harzianum* seed-inoculation on crop yield and the shaping of root microbial communities of wheat plants cultivated under high basal N. *Front Plant Sci* 11: 575861.

➤ **Medeiros HA, Araújo Filho JV, Freitas LG, Castillo P, Rubio MB, Hermosa R y Monte E.** (2017). Tomato progeny inherit resistance to the nematode *Meloidogyne javanica* linked to plant growth induced by the biocontrol fungus *Trichoderma atroviride*. *Sci Rep* 6: 40216.

➤ **Morán-Díez ME, Carrero-Carrón I, Rubio MB, Jiménez-Díaz, RM, Monte E y Hermosa R.** (2019). Transcriptomic analysis of *Trichoderma atroviride* overgrowing plant-wilting *Verticillium dahliae* reveals the role of a new M14 metallocarboxypeptidase CPA1 in biocontrol. *Front Microbiol* 10: 1120.

➤ **Morán-Díez ME, Martínez de Alba AE, Rubio MB, Hermosa R y Monte E.** (2021). *Trichoderma* and the plant heritable priming responses. *J Fungi* 7: 318.

➤ **Pedrero-Méndez A, Insuasti HC, Neagu T, Illescas M, Rubio MB, Monte E y Hermosa R.** (2021). Why is the correct selection of *Trichoderma* strains important? The case of wheat endophytic strains of *T. harzianum* and *T. simmonsii*. *J Fungi* 7: 1087.

➤ **Rivera-Méndez W, Obregón M, Morán-Díez ME, Hermosa R y Monte E.** (2020). *Trichoderma asperellum* induces systemic resistance against *Sclerotium cepivorum* in onion plants enhancing the production under tropical climate condition. *Biol Control* 141: 104145.

➤ **Rubio MB, Hermosa R, Vicente R, Gómez-Acosta FA, Morcuende R, Monte E y Bettiol W.** (2017). The combination of *Trichoderma harzianum* and chemical fertilization leads to the deregulation of phytohormone networking, preventing the adaptive responses of tomato plants to salt stress. *Front Plant Sci* 8: 294.

➤ **Vicente I, Baroncelli R, Hermosa R, Monte E, Vanacci G y Sarrocco S.** (2022). Role and genetic basis of specialized secondary metabolites in *Trichoderma* ecophysiology. *Fungal Biol Rev* 39: 83-99.

Debaryomyces hansenii y *Hansenula polymorpha* inducen mecanismos de respuesta a deficiencia de Fe en plantas de pepino (*Cucumis sativus* L.)

LUCENA C¹, ALCALÁ-JIMÉNEZ MT², ROMERA FJ¹, GARCÍA MJ¹, PÉREZ-VICENTE R², RAMOS J³

¹Departamento de Agronomía (DAUCO-María de Maeztu Unidad de Excelencia), Edificio C-4, Campus de Rabanales Ceia3, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España

²Departamento de Botánica, Ecología y Fisiología Vegetal, Edificio C-4, Campus de Rabanales Ceia3, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España

³Departamento de Química Agrícola, Edafología y Microbiología, Edificio C-6, Campus de Rabanales Ceia3, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España

✉ mi1raruj@uco.es | b42lulec@uco.es

La deficiencia de hierro (Fe) es un problema agronómico de primer orden que origina una disminución significativa del rendimiento y calidad de las cosechas. Paradójicamente, el Fe es muy abundante en los suelos de cultivo, aunque en su forma oxidada, que es poco soluble y con baja disponibilidad para las plantas. Ante esta situación, las plantas desarrollan mecanismos de respuesta morfológicos y fisiológicos, principalmente en sus raíces, dirigidos a facilitar su adquisición (Lucena *et al.* 2015). A pesar de estos mecanismos de respuesta, en muchos casos es necesario aplicar fertilizantes de Fe, mayoritariamente en forma de quelatos de Fe, para corregir esta deficiencia en campo. La enorme presión que la agricultura moderna ejerce desde hace décadas sobre los cultivos, ha supuesto el uso abusivo de fertilizantes químicos, provocando serios problemas medioambientales y un aumento del coste de la producción por el elevado precio que alcanzan estos productos. Esto restringe su uso a cultivos con alto valor añadido (Briat *et al.*, 2015). Una de las alternativas más sostenibles al uso de agroquímicos, y que más peso está alcanzando actualmente, pasa por un mayor conocimiento y mejor manejo de la rizosfera y de las comunidades microbianas asociadas a la misma en los suelos de cultivo. Existen numerosos microorganismos rizosféricos con capacidad de solubilizar nutrientes, como el Fe, con escasa disponibilidad para las plantas. Diversos estudios, realizados todos ellos con hongos o bacterias promotoras del crecimiento, han demostrado



Miembros del grupo: de izquierda a derecha, Rafael Pérez Vicente, José Ramos Ruiz, Carlos Lucena León, Francisco Javier Romera Ruiz y María José García del Rosal.

que su aplicación al suelo de cultivo puede mejorar la nutrición de Fe en plantas (Ipek *et al.* 2017). Recientemente, en un estudio publicado por Kaur y colaboradores (2020), se ha conseguido caracterizar, por primera vez, el papel que juegan determinadas cepas de la levadura *Debaryomyces hansenii* (Dh) en la detoxificación de arsénico en plantas de arroz. Además, en dicho estudio los autores también observaron que, aparte de mitigar el estrés provocado por el arsénico, la inoculación con esta levadura

mejoró tanto el estado nutricional como el crecimiento de las plantas de arroz. Sin embargo, nada se sabía hasta el momento del papel que juegan las levaduras en la nutrición férrica de las plantas. Nuestro Grupo ha sido pionero en evaluar la implicación de diferentes especies de levaduras [*Debaryomyces hansenii* (Dh), *Saccharomyces cerevisiae* (Sc) y *Hansenula polymorpha* (Hp)] en la inducción de mecanismos de respuesta a deficiencia de Fe en plantas dicotiledóneas. La finalidad de este estudio

dio ha sido el de comprobar si estas tres levaduras, o alguna de ellas, podrían ser utilizadas como posibles biofertilizantes de Fe. Esto supondría una fertilización más respetuosa con el medio ambiente que la habitual aplicación de quelatos, llevada a cabo para combatir la clorosis férrica (Lucena *et al.* 2021).

Para esta evaluación, se han desarrollado ensayos con plantas de pepino crecidas en medio hidropónico. Se hizo un seguimiento durante los cuatro días siguientes a la aplicación de tratamientos de deficiencia de Fe y a la inoculación con las levaduras, evaluando el efecto de las levaduras sobre cuatro de los mecanismos de respuesta que las plantas activan frente a la deficiencia de Fe: (1) la acidificación de la rizosfera; (2) la capacidad de reducir el Fe³⁺, forma más abundante, a Fe²⁺, forma preferentemente absorbida; (3) el incremento de la absorción del Fe²⁺ (mediante la expresión del gen que codifica al transportador de membrana); y (4) la proliferación de pelillos radicales. Los resultados obtenidos reflejaron el carácter inductor de las tres levaduras estudiadas sobre los diferentes mecanismos de respuesta a deficiencia de Fe evaluados en este trabajo (Lucena *et al.* 2021). No obstante, de las tres levaduras analizadas, destacaron *Debaryomyces hansenii* y *Hansenula polymorpha* por su mayor capacidad inductora, tanto de mecanismos de respuesta fisiológicos (acidificación de la rizosfera, capacidad reductora y transporte de Fe), como de mecanismos morfológicos (proliferación de pelillos radicales en la zona subapical de raíces jóvenes, tanto en plantas crecidas sin Fe como en aquellas que crecieron con Fe; **Figura 1**).

Los resultados obtenidos abren una esperanzadora línea de investigación que implica a estas dos especies de levadura (Hp y Dh) en el grupo de microorganismos susceptibles de ser utilizados como biofertilizantes de Fe, en aras de conseguir una agricultura más sostenible y respetuosa con el medio ambiente.

Profundizar en el papel que juegan estas levaduras frente a otras deficiencias nutricionales, como la de fósforo, por ejemplo, así como evaluar la interacción de estas con otros microorganismos beneficiosos, son los objetivos futuros de nuestro grupo de investigación.

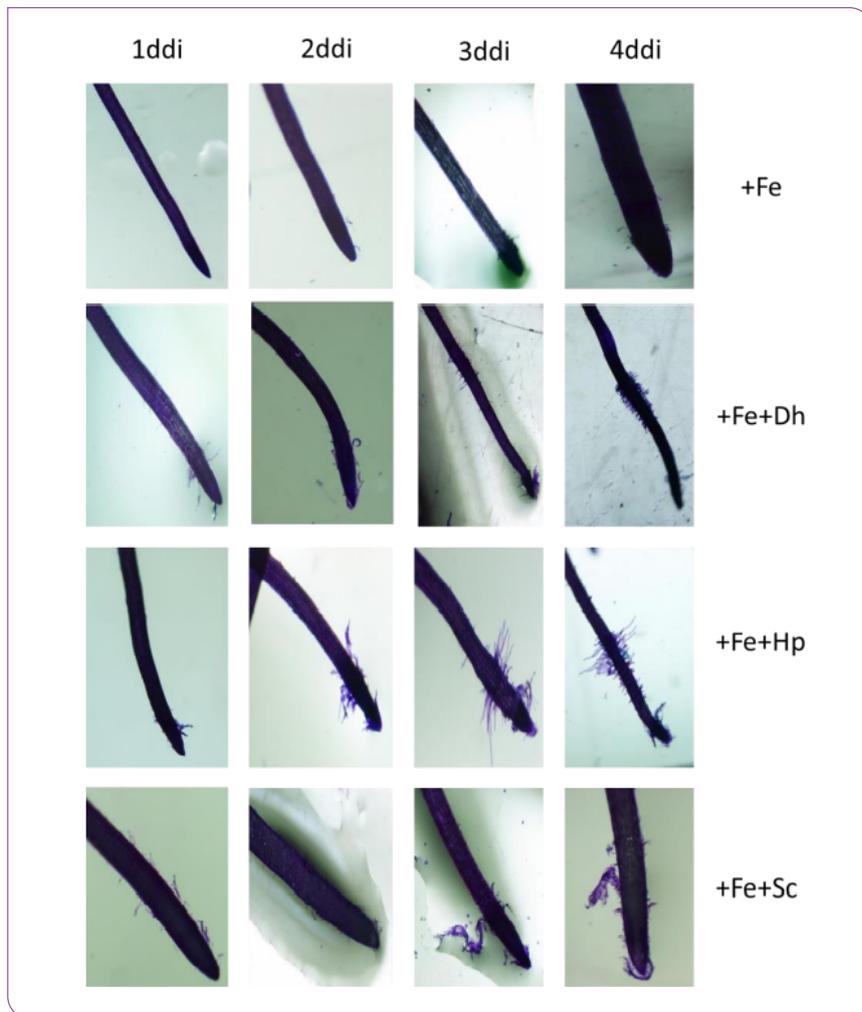


Figura 1. Análisis de la evolución de la formación y proliferación de pelillos radicales en la zona subapical de raíces jóvenes en plantas de pepino crecidas en condiciones de suficiencia de Fe (40 µM) e inoculadas o no con las tres levaduras objeto de estudio en este trabajo: Dh, Hp y Sc. Las imágenes se obtuvieron 1, 2, 3 y 4 días después de la inoculación (ddi) mediante microscopio estereoscópico con cámara incorporada, después de haber teñido las raíces con azul de toluidina.

Bibliografía

- Briat JF, Dubos C, & Gaymard F. (2015). Iron nutrition, biomass production, and plant product quality. Trends in Plant Science 20: 33-40.
- Ipek M, Aras S, Arıkan Ş, Eşitken A, Pırlak L, Dönmez, MF & Turan M. (2017). Root plant growth promoting rhizobacteria inoculations increase ferric chelate reductase (FC-R) activity and Fe nutrition in pear under calcareous soil conditions. Scientia Horticulturae 219:144-151.
- Kaur J, Anad V, Srivastava S, Bist V, Tripathi P, Naseem M. (2020). Yeast strain *Debaryomyces* for ameliorations of

arsenic stress in rice. Ecotoxicology and Environmental Safety 195: 110480.

- Lucena C, Romera FJ, García MJ, Alcántara E and Pérez-Vicente R. (2015). Ethylene participates in the regulation of Fe deficiency responses in Strategy I plants and in rice. Frontiers in Plant Science. 6: 1056.

- Lucena C, Alcalá-Jiménez MT, Romera FJ & Ramos J. (2021). Several yeast species induce iron deficiency responses in cucumber plants (*Cucumis sativus* L.). Microorganisms 9: 2603.

Laboratorio de “Señalización celular y producción de antibióticos en fitobacterias”

MIGUEL A. MATILLA

Departamento de Biotecnología y Protección Ambiental. Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, 18008, Granada

✉ miguel.matilla@eez.csic.es

El laboratorio “Señalización celular y producción de antibióticos en fitobacterias” se encuentra integrado en el Departamento de Biotecnología y Protección Ambiental de la Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC, Granada) y se constituyó en el año 2020 tras la incorporación al grupo de “Microbiología Ambiental y Biotecnología” del Dr. Miguel A. Matilla como Científico Titular.

Los microorganismos fitopatógenos representan uno de los principales problemas a la hora de proteger la producción agrícola. El control de estas infecciones se basa fundamentalmente en el uso de plaguicidas químicos, cuyo empleo y comercialización están sometidos a unas crecientes restricciones legislativas. Además, el uso excesivo de fertilizantes químicos en las labores agrícolas afecta negativamente a la salud de los suelos, afectando a las interacciones entre microorganismos y sus hospedadores vegetales – asociaciones que son fundamentales para la promoción del crecimiento vegetal, el estado nutricional y la salud de las plantas en sus entornos naturales. Entre las estrategias utilizadas para el control racional de enfermedades vegetales se encuentra el empleo de agentes de biocontrol, así como la identificación y desarrollo de nuevos antibióticos basados en productos naturales de origen microbiano.

Dicho lo cual, el objetivo fundamental del laboratorio “Señalización celular y producción de antibióticos en fitobacterias” es comprender los mecanismos moleculares por los que las bacterias asociadas a plantas promueven el crecimiento vegetal y protegen frente a fitopatógenos. En particular, nuestras investigaciones se enfocan al estudio de la biosíntesis de metabolitos secundarios con propiedades antibióticas sintetizados por diversas bacterias rizosféricas. Entre estos antibióticos se encuentran policétidos y péptidos de sín-

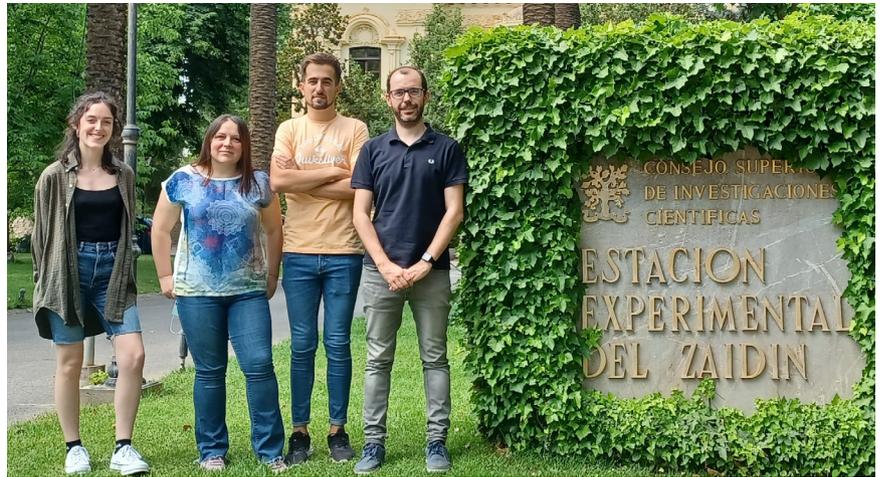


Foto de grupo: Integrantes del Grupo de Miguel A. Matilla en la Estación Experimental del Zaidín, Granada.

tesis no ribosómica como las “oocidinas”, “zeaminas”, “andrimid” y “prodigiosinas”. Estos metabolitos secundarios presentan elevadas actividades biológicas frente a un amplio espectro de microorganismos fitopatógenos, incluyendo hongos (ej. *Verticillium dahliae*, *Fusarium oxysporum*, *Gaeumannomyces graminis*), oomicetos (ej. *Pythium ultimum*, *Phytophthora parasitica*) y bacterias (ej. *Agrobacterium tumefaciens*, *Dickeya solani*, *Xanthomonas campestris*), así como frente a nematodos (**Figura 1A**). Es habitual que los conjuntos génicos implicados en la producción de metabolitos secundarios se adquieran mediante transferencia genética horizontal. Es por ello que también analizamos el papel de bacteriófagos en este proceso (**Figura 1B**).

La síntesis de metabolitos secundarios representa un enorme coste para las bacterias productoras. Por lo tanto, no es de extrañar que la expresión de los correspondientes conjuntos biosintéticos esté altamente regulada tanto a nivel transcripcional como post-transcripcional. Las investigaciones que desarrollamos en nuestro

laboratorio están también enfocadas al estudio de la regulación de la producción de metabolitos secundarios con propiedades antibióticas. En este sentido, hemos determinado el papel que juegan distintos estímulos ambientales (ej. temperatura, pH, nutrientes específicos) en la modulación de la producción de “oocidinas”, “zeaminas”, “andrimid” y “prodigiosinas”. Asimismo, hemos identificado también distintos reguladores transcripcionales y post-transcripcionales que juegan un papel en la modulación de la producción de estos antibióticos. Entre ellos, se encuentran diversas proteínas sensoras. Es por ello nuestro interés en identificar las moléculas señal implicadas en estos procesos regulatorios. Por ejemplo, nuestros estudios han demostrado que el ácido indolacético controla la síntesis de antibióticos en una bacteria rizosférica a través del reconocimiento específico de esta auxina por un regulador transcripcional (**Figura 1C**).

Paralelamente a lo mencionado con anterioridad, es también nuestro interés explorar los mecanismos implicados en

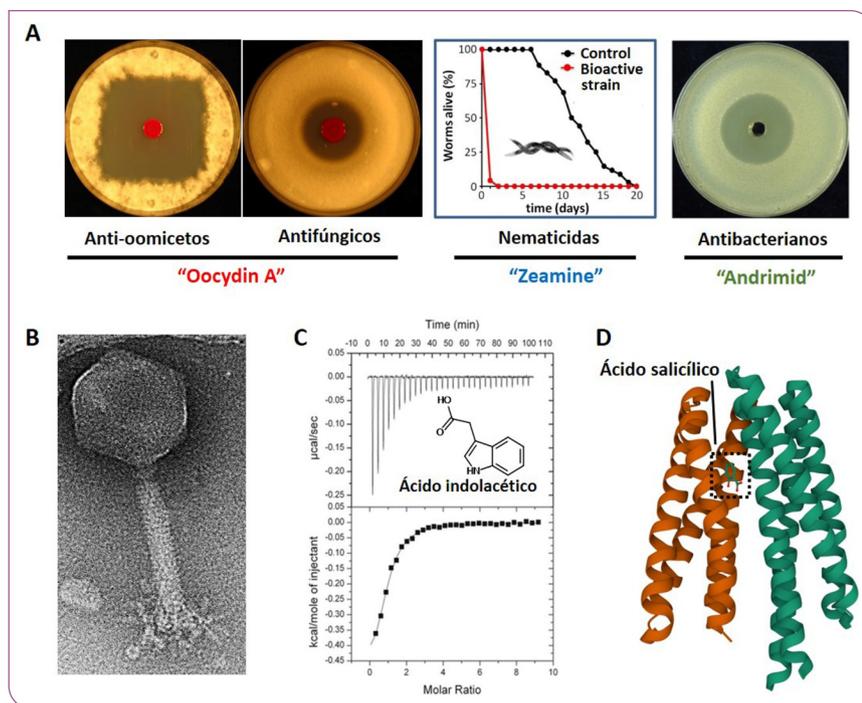


Figura 1. Representación de las distintas actividades experimentales del laboratorio “Señalización celular y producción de antibióticos en fitobacterias”. A. Producción de distintos antibióticos por bacterias rizosféricas empleadas como modelo en el laboratorio de Miguel A. Matilla. B. Micrografía electrónica de transmisión del bacteriófago transductor ϕ MAM1. C. Titulación microcalorimétrica del regulador transcripcional AdmX del agente de biocontrol *Serratia plymuthica* con ácido indolacético; D. Estructura tridimensional del dominio sensor del quimiorreceptor PcaY_PP de la bacteria promotora de crecimiento y agente de biocontrol *Pseudomonas putida* KT2440 con ácido salicílico unido.

la interacción planta-bacteria y que participan en la colonización de hospedadores vegetales por fitobacterias beneficiosas y patógenas. En particular, en esta área de investigación analizamos el papel de moléculas señal derivadas de plantas en la modulación de la formación de biopelículas y motilidad bacteriana. Nos centramos especialmente en el estudio de las respuestas quimiotácticas en diferentes modelos bacterianos que incluyen promotores del crecimiento vegetal, agentes de biocontrol y fitopatógenos. Las investigaciones de nuestro laboratorio han contribuido a identificar y caracterizar múltiples quimiorreceptores. Entre ellos, los implicados en la modulación de respuestas quimioatrayentes a aminoácidos, ácidos orgánicos, compuestos aromáticos, poliaminas, aminas cuaternarias, compuestos inorgánicos y fitohormonas (Figura 1D). Así, el laboratorio ha participado en la caracterización de los primeros quimiorreceptores que responden a nitrato, histamina, acetilcolina, poliaminas y ácido indolacético. Nuestro laboratorio también ha avanzado en el análisis del papel de las vías de quimioseñalización que modulan los niveles de segundos mensajeros en la colonización de tejidos vegetales por fitobacterias.

Para llevar a cabo los objetivos mencionados, el laboratorio emplea una amplia variedad de aproximaciones experimentales que incluyen ensayos *in vivo* en plantas,

genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, técnicas biofísicas y biología molecular y estructural, entre otras. Para acometer este abordaje multidisciplinar, el laboratorio colabora con un buen número de grupos de reconocido prestigio, tanto a nivel nacional como internacional. Los resultados del laboratorio abren perspectivas para la identificación de nuevos compuestos antibióticos y su uso en biocontrol. Asimismo, la identificación de moléculas señal implicadas en la interacción planta-bacteria permitirá sentar las bases para, por ejemplo, optimizar la capacidad colonizadora de plantas por bacterias promotoras del crecimiento, así como una estrategia alternativa al uso de antibióticos para combatir bacterias patógenas.

Diez publicaciones relevantes del laboratorio

- ▶ Matilla MA, Velando F, Tajuelo A, Martín-Mora D, Xu W, Sourjik V, Gavira JA y Krell T. (2022). Chemotaxis of the human pathogen *Pseudomonas aeruginosa* to the neurotransmitter acetylcholine. *mBio* 13: e0345821.
- ▶ Rico-Jiménez M, Roca A, Krell T y Matilla MA. (2022). A bacterial chemoreceptor that mediates chemotaxis to two different plant hormones. *Environ Microbiol*. En prensa. doi: 10.1111/1462-2920.16002.

- ▶ Gumerov VM, Andrianova EP, Matilla MA, Page KM, Dolphin AC, Cascales EM, Krell T y Zhulin IB. (2022). Amino acid sensor conserved from bacteria to humans. *Proc Natl Acad Sci USA* 119: e2110415119.

- ▶ Krell T y Matilla MA. (2022). Antimicrobial resistance: progress and challenges in antibiotic discovery and anti-infective therapy. *Microb Biotechnol* 15: 70-78.

- ▶ Matilla MA, Velando F, Martín-Mora D, Monteagudo-Cascales E y Krell T. (2022). A catalogue of signal molecules that interact with sensor kinases, chemoreceptors and transcriptional regulators. *FEMS Microbiol Rev* 46: fuab043.

- ▶ Matilla MA y Krell T. (2018). The effect of bacterial chemotaxis on host infection and pathogenicity. *FEMS Microbiol Rev* 42: fux052.

- ▶ Matilla MA, Daddaoua A, Chini A, Morel B y Krell T. (2018). An auxin controls bacterial antibiotics production. *Nucleic Acids Res* 46: 11229-11238.

- ▶ Matilla MA, Nogellova V, Morel B, Krell T y Salmond GPC. (2016) Biosynthesis of the acetyl-CoA carboxylase-inhibiting antibiotic, andrimid, in *Serratia* is regulated by Hfq and the LysR-type transcriptional regulator, AdmX. *Environ Microbiol* 18: 3635-3650.

- ▶ Matilla MA, Leeper FJ y Salmond GPC. (2015). Biosynthesis of the antifungal heteromalide, oocydin A, in *Serratia*, and its regulation by quorum sensing, RpoS and Hfq. *Environ Microbiol* 17: 2993-3008.

- ▶ Matilla MA, Fang X y Salmond GPC. (2014). Viunalikeviruses are environmentally common agents of horizontal gene transfer in pathogens and biocontrol bacteria. *ISME J* 8: 2143-2147.

Diagnóstico, epidemiología y control de bacterias patógenas de plantas en el IVIA

ESTER MARCO-NOALES¹, SILVIA BARBÉ¹, FÉLIX MORÁN¹, MARÍA LUISA DOMINGO-CALAP^{1,2}, IRENE LOZANO¹, ADELA MONTERDE¹, INMACULADA NAVARRO¹, MIRIAM SIMÓ-ESQUIVEL^{1,2}, NEREA VERCHER¹

¹Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Moncada (Valencia)

²Tragsa, Empresa de Transformación Agraria, Delegación de Valencia

✉ marco_est@gva.es



Foto del grupo. De izquierda a derecha: Félix Morán, Irene Lozano, Nerea Vercher, Miriam Simó-Esquivel, María Luisa Domingo-Calap, Ester Marco-Noales, Inmaculada Navarro, Adela Monterde y Silvia Barbé.

Historia

El actual grupo de Bacterias Fitopatógenas del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), liderado por la Dra. Ester Marco-Noales, es heredero, desde 2017, del grupo fundado por la Dra. María Milagros López, pionera en España del estudio de las bacterias fitopatógenas. Parte de sus miembros tienen sus raíces

en aquel grupo y poseen una dilatada trayectoria y una contrastada experiencia. La incorporación de nuevos miembros ha supuesto un refuerzo en líneas ya iniciadas y la apertura de otras nuevas. En este momento el equipo consta de cuatro investigadores, cuatro técnicos y una becaria en formación, a los que se unen temporalmente diversos estudiantes en prácticas y de trabajos de fin de Grado o

Máster. A lo largo de estos cinco últimos años hemos participado en seis proyectos de investigación competitivos, cuatro de ellos europeos, en aspectos transversales de diagnóstico, epidemiología y control de tres patosistemas bacterianos prioritarios para la cuenca mediterránea: las enfermedades causadas por *Xylella fastidiosa*, el Huanglongbing (HLB) de los cítricos asociado a especies de 'Candidatus Liberibacter

bacter' y el fuego bacteriano producido por *Erwinia amylovora*. Nuestra actividad está enriquecida por colaboraciones con diversos grupos españoles e internacionales. Y, además, seguimos teniendo una línea de trabajo como Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) de Bacterias Fitopatógenas del Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación.

Líneas de investigación

La presencia de focos activos de *X. fastidiosa* en España hace que nuestra línea en esta bacteria se diversifique en distintos aspectos. Hemos demostrado que *X. fastidiosa* subsp. *multiplex* es el agente causal del chamuscado foliar del almendro en Alicante (Marco-Noales *et al.*, 2021), y disponemos de una colección de cepas de allí y de Baleares, aisladas por nosotros, que estamos caracterizando con el fin de aportar más información sobre el origen y la evolución de los brotes. Además, estamos estudiando la gama de hospedadores de estas cepas con ensayos de patogenicidad en más de 25 variedades de especies vegetales como almendro, olivo, vid y diferentes cítricos, entre otras, con un seguimiento periódico de síntomas y monitorizando la presencia de la bacteria. Estamos evaluando también la eficacia de las medidas de erradicación en Alicante mediante análisis de plantas forestales y de insectos vectores de varias zonas del foco, teniendo en cuenta parámetros como la incidencia inicial de infección en la zona, el uso del suelo o la época de muestreo. Y en el ámbito de las estrategias de control, hemos aislado ya más de 50 bacteriófagos frente a diferentes cepas de *Xanthomonas* spp., de los cuales se han seleccionado cuatro, por el momento, con fuerte actividad lítica frente a *X. fastidiosa*, que se están caracterizando fenotípica y genómicamente.

En cuanto al patosistema del fuego bacteriano, hemos seguido trabajando en diagnóstico, describiendo el peral silvestre, que es una especie amenazada, como nuevo hospedador de *E. amylovora* (Marco-Noales *et al.*, 2017). Actualmente, estamos explorando una selección de bacterias aisladas de material vegetal y suelo con potencial de biocontrol, y hemos gene-

rado una colección de más de 100 bacterias, que se han ensayado *in vitro* y *ex vivo* frente a *E. amylovora* con resultados muy prometedores (Barbé *et al.*, 2022), incluso para otras especies de bacterias fitopatógenas.

Respecto a la enfermedad del HLB, nos hemos centrado por ahora en aspectos de diagnóstico (Morán *et al.*, 2021), mediante el desarrollo de herramientas de fácil manejo y bajo coste, de tal forma que puedan ser aplicadas de manera sencilla y rápida, incluso en campo. Así, hemos diseñado y puesto a punto nuevos protocolos de PCR y técnicas de amplificación isoterma para la detección de 'Ca. Liberibacter' spp., realizando una validación de acuerdo a las directrices de la *European Plant Protection Organization*. La Comisión Europea, a través del programa *Innovation Radar*, ha seleccionado un kit de detección de HLB que estamos desarrollando como una innovación con un altísimo potencial (<https://www.innoradar.eu/innovation/38305>).

Como LNR, seguimos brindando asesoramiento y apoyo técnico a los diferentes laboratorios de Sanidad Vegetal de las Comunidades Autónomas, realizando talleres teórico-prácticos y actuando como primera línea defensiva en los Puntos de Control en Frontera. Mantenemos desde 2016 varios ensayos acreditados por ENAC (Entidad Nacional de Acreditación), y estamos trabajando para ampliar el alcance de esta acreditación como garantía de la labor que realizamos. Además, hemos comenzado la aplicación de técnicas de secuenciación masiva con diversos fines. Empleamos tecnologías de secuenciación de ácidos nucleicos de alto rendimiento (*high throughput sequencing* - HTS o *next generation sequencing* - NGS) para escrutar el microbioma que habita en plantas con desórdenes vegetativos. Estas nuevas herramientas nos permiten ensamblar, mediante aplicaciones bioinformáticas, multitud de secuencias nucleotídicas y recuperar genomas de organismos que son desconocidos hasta ahora. Desde este enfoque, en paralelo con técnicas microbiológicas convencionales, estamos abordando la enfermedad de etiología desconocida llamada chancro espumoso del almendro (*foamy canker*).

Líneas de futuro

Vamos a seguir avanzando en las distintas líneas descritas, que son transversales a los diferentes patosistemas, con las peculiaridades propias de cada uno de ellos. Nuestro objetivo final es conocer mejor las enfermedades bacterianas para poder prevenirlas y controlarlas, contribuyendo a una mejor gestión integrada de las mismas.

Bibliografía

- ▶ Barbé S, Figàs-Segura À, Benada M, Navarro-Herrero I, Sampaio TM, Biosca EG, Marco-Noales E. (2022). Plant-associated microbiota as a source of antagonistic bacteria against the phytopathogen *Erwinia amylovora*. *Environ Microbiol Rep.* <https://doi.org/10.1111/1758-2229.13064>.
- ▶ Marco-Noales E, Barbé S, Monterde A, Navarro I, Ferrer A, Dalmau V, Aure CM, Domingo-Calap ML, Landa BB, Roselló M. (2021). Evidence that *Xylella fastidiosa* is the causal agent of almond leaf scorch disease in Alicante, mainland Spain (Iberian Peninsula). *Plant Dis* 105:11, 3349-3352. <https://doi.org/10.1094/PDIS-03-21-0625-SC>.
- ▶ Marco-Noales E, Peñalver J, Navarro I, Gorris MT, Morente MC, Balguerías C, Ramírez JA, Recio C, Ruiz de la Hermosa T, Sancho R, Aedo C, López MM. (2017). Iberian wild pear (*Pyrus bourgaeana*) is a new host of *Erwinia amylovora*, the causal agent of fire blight. *Plant Dis* 101 (3): 502. <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-09-16-1251-PDN>.
- ▶ Morán F, Barbé S, Bastin S, Navarro I, Bertolini E, López MM, Hernández-Suárez E, Urbaneja A, Tena A, Siverio F, Marco-Noales E. (2021). The challenge of environmental samples for PCR detection of phytopathogenic bacteria: A case study of citrus huanglongbing disease. *Agronomy* 11 (1): 10. <https://doi.org/10.3390/agronomy11010010>.

Papel señalizador de compuestos volátiles producidos por *Rhizobium*

M^a JOSE SOTO MISFFUT, VIRGINIA CUÉLLAR MALDONADO, LYDIA M^a BERNABÉU-RODA

Grupo de Genética de Infecciones Fitobacterianas, Departamento de Biotecnología y Protección Ambiental; Estación Experimental del Zaidín, CSIC Granada

✉ mariajose.soto@eez.csic.es

Los microorganismos son capaces de producir una enorme variedad de compuestos volátiles, compuestos de bajo peso molecular (<300 Daltons), alta presión de vapor y bajo punto de ebullición, lo que facilita su evaporación y difusión. La cantidad y el perfil de volátiles orgánicos e inorgánicos producidos por un microorganismo varía en función de numerosos factores tanto ambientales como genéticos. Hoy está ampliamente reconocido que los volátiles microbianos poseen actividad biológica y desempeñan un importante papel como infoquímicos en la interacción con otros microorganismos y con organismos eucariotas (Gámez-Arcas *et al.* 2022; Netzker *et al.* 2020; Weisskopf *et al.* 2021).

Los efectos de los volátiles microbianos sobre los microorganismos son muy diversos. Algunos poseen efecto antimicrobiano, inhibiendo el crecimiento de hongos y/o bacterias. Otros son capaces de alterar la movilidad, capacidad de formar biofilm, la virulencia, o la resistencia a estreses y antibióticos de los microorganismos sobre los que actúan. Sin embargo, el conocimiento sobre cómo los microbios perciben y responden a estos compuestos sigue siendo bastante limitado. Los volátiles microbianos son especialmente conocidos por los efectos beneficiosos que generan en las plantas. A través de distintos mecanismos, estos metabolitos pueden estimular el crecimiento vegetal y aumentar la resistencia de las plantas a estreses abióticos, características que podrían aprovecharse para el desarrollo de alternativas ecológicas que ayuden a sustituir pesticidas y fertilizantes (Cellini *et al.* 2021).

Las bacterias del suelo englobadas con el nombre genérico de *Rhizobium* son conocidas por su capacidad de inducir la formación de nódulos fijadores de nitrógeno en plantas leguminosas. El



Miembros del grupo. De izquierda a derecha: Virginia Cuéllar Maldonado, Lydia M^a Bernabéu Roda, M^a José Soto Misffut, Cristina Carvia Hermoso.

establecimiento de la simbiosis *Rhizobium*-leguminosa es un proceso muy complejo que se inicia en la rizosfera con un elaborado intercambio de señales entre planta y bacteria. Sorprendentemente, y aunque *Rhizobium* probablemente sea el microorganismo mejor conocido de la microbiota vegetal, es muy poco lo que se sabe sobre los compuestos volátiles producidos por estas rizobacterias y sus funciones biológicas. Resultados recientes han puesto de manifiesto que los volátiles de *Rhizobium* (VR) pueden actuar como infoquímicos tanto en bacterias como en plantas y pueden influir en el establecimiento de interacciones planta-bacteria (Soto *et al.* 2021) (**Figura 1**). Así, la exposición de plantas no leguminosas al cóctel de volátiles o volatiloma producido por el simbionte de alfalfa *Sinorhizobium meliloti* estimula el crecimiento vegetal y activa la expresión de genes de captación de hierro y de genes de defensa (Hernán-

dez-Calderón *et al.* 2018). Sin embargo, se desconoce la influencia del volatiloma de los rizobios en el establecimiento de simbiosis con leguminosas o en resistencia frente a microorganismos patógenos.

El grupo de Genética de Infecciones Fitobacterianas (GIF) ha contribuido a incrementar el conocimiento sobre los VR. Durante el estudio de las bases moleculares que regulan el movimiento en superficie de *S. meliloti* y su influencia en la colonización de plantas de alfalfa, pusimos de manifiesto que la bacteria produce varias metilcetonas volátiles. La acumulación de la metilcetona 2-tridecanona (2-TDC) asociada a un mutante que presentaba mayor capacidad de translocación en superficie pero menor capacidad de formar biofilm y de colonizar raíces de alfalfa, nos permitió demostrar que la 2-TDC es una molécula señalizadora en bacterias capaz de alterar específicamente el movimiento

bacteriano en superficie y la formación de biofilm (Amaya-Gómez *et al.* 2015; López-Lara *et al.* 2018; Soto *et al.* 2002). Además, la aplicación de 2-TDC dificulta el establecimiento de asociaciones planta-bacteria reduciendo la capacidad colonizadora del microorganismo (López-Lara *et al.* 2018), una característica que podría ser empleada en la protección de cultivos. Entender las bases moleculares responsables de la actividad biológica de la 2-TDC en bacterias, los mecanismos que regulan su producción en *S. meliloti*, así como evaluar posibles respuestas desencadenadas en la planta por los VR, forman parte de las investigaciones actuales del grupo.

Los escasos datos disponibles claramente invitan a seguir profundizando en el papel de los VR en la comunicación a distancia con plantas y con otros microorganismos. Investigaciones futuras permitirán descifrar si estos metabolitos, actuando como mezclas volatílicas o como compuestos individuales, son elicitores de la inmunidad vegetal o si pueden facilitar el establecimiento de simbiosis con leguminosas induciendo respuestas en la planta que atraigan al microsimbionte y/o activando la ruta de señalización simbiótica. Teniendo en cuenta la demanda en hierro que conlleva el mantenimiento de un nódulo fijador de N, será importante determinar si la activación de mecanismos de captación de hierro inducida por volátiles del microsimbionte, asegura la eficiencia de la simbiosis. Y no menos importante será desvelar la influencia de estos metabolitos en la composición y funcionamiento de la microbiota vegetal tan importante en la salud de las plantas. El conocimiento adquirido contribuirá al empleo de *Rhizobium* y sus volatílicos como fuente de nuevas soluciones de biocontrol y bioestimulantes en Agrobiotecnología.

Las investigaciones del grupo GIF se realizan en el marco de los proyectos PY20_00225 financiado por PAIDI 2020, y PGC2018-096477-B-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa.

Referencias

Amaya-Gómez CV, Hirsch AM y Soto MJ. (2015). Biofilm formation assessment in *Sinorhizobium meliloti* reveals interlinked control with surface motility. BMC Microbiol 15: 58 DOI 10.1186/s12866-015-0390-z.

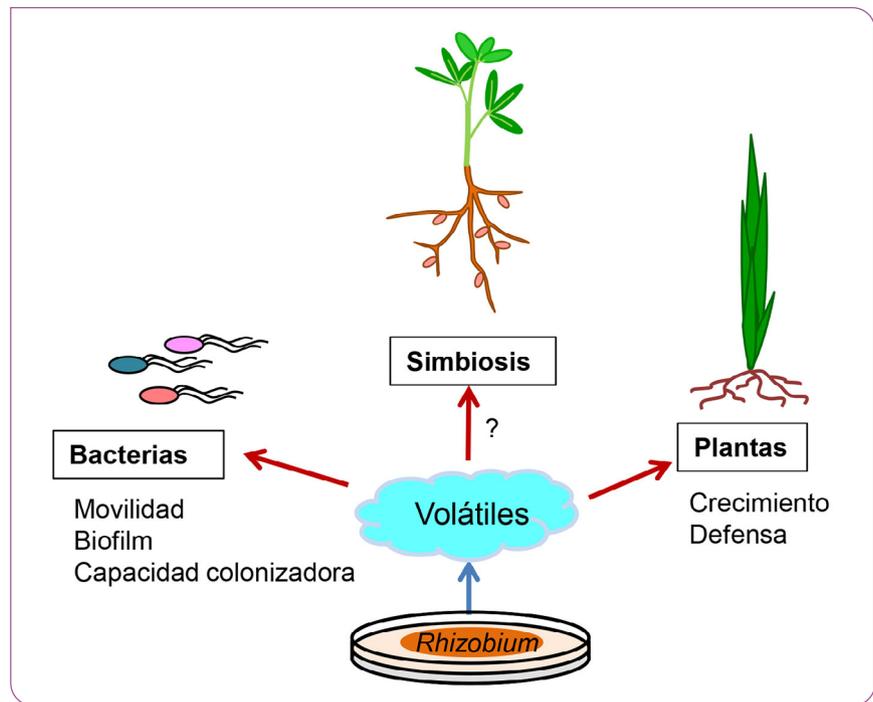


Figura 1. Actividades biológicas de compuestos volátiles producidos por *Rhizobium*.

Cellini A, Spinelli F, Donati I, Ryu CM y Kloepper JW. (2021). Bacterial volatile compound-based tools for crop management and quality. Trends Plant Sci 26: 968-983 DOI: 10.1016/j.tplants.2021.05.006.

Gámez-Arcas S, Baroja-Fernández E, García-Gómez P, Muñoz FJ, Almagro G, Bahaji A, Sánchez-López AM y Pozueta-Romero J. (2022). Action mechanisms of small microbial volatile compounds in plants. J Exp Bot 73: 498-510 DOI: 10.1093/jxb/erab463.

Hernández-Calderón E, Aviles-García ME, Castulo-Rubio DY, Macías-Rodríguez L, Montejano Ramírez V, Santoyo G, López-Bucio J y Valencia-Cantero E. (2018). Volatile compounds from beneficial or pathogenic bacteria differentially regulate root exudation, transcription of iron transporters, and defense signaling pathways in *Sorghum bicolor*. Plant Mol Biol 96: DOI: 291-304 10.1007/s11103-017-0694-5.

López-Lara IM, Nogales J, Pech-Canul A, Calatrava-Morales N, Bernabéu-Roda LM, Durán P, Cuéllar V, Olivares J, Alvarez L, Palenzuela-Bretónes D, Romero M, Heeb S, Cámara M, Geiger O y Soto MJ. (2018). 2-Tridecanone

impacts surface-associated bacterial behaviours and hinders plant-bacteria interactions. Environ Microbiol 20: 2049-2065 DOI: 10.1111/1462-2920.14083.

Netzker T, Shepherdson EMF, Zambri MP y Elliot MA. (2020). Bacterial volatile compounds: Functions in communication, cooperation, and competition. Annu Rev Microbiol 74: 409-430 DOI: 10.1146/annurev-micro-011320-015542.

Soto MJ, Fernández-Pascual M, Sanjuán J y Olivares J. (2002). A *fadD* mutant of *Sinorhizobium meliloti* shows multicellular swarming migration and is impaired in nodulation efficiency on alfalfa roots. Mol Microbiol 43: 371-382.

Soto MJ, López-Lara IM, Geiger O, Romero-Puertas MC y van Dillewijn P. (2021) Rhizobial volatiles: Potential new players in the complex interkingdom signaling with legumes. Front Plant Sci 12: 698912 DOI: 10.3389/fpls.2021.698912.

Weisskopf L, Schulz S y Garbeva P. (2021). Microbial volatile organic compounds in intra-kingdom and inter-kingdom interactions. Nat Rev Microbiol 19: 391-404 DOI: 10.1038/s41579-020-00508-1

Diseño Racional y Sostenible de Fitosanitarios

DOLORES FERNÁNDEZ-ORTUÑO^{1,2} Y ALEJANDRO PÉREZ-GARCÍA^{1,2}

¹Dpto. de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, 29071 Málaga

²Dpto. de Microbiología y Protección de Cultivos, IHSM-UMA-CSIC “La Mayora”, 29071 Málaga

✉ dfernandez-ortuno@uma.es



Miembros del grupo.

El grupo “Diseño Racional de Fitosanitarios” está formado por los investigadores seniors Alejandro Pérez García y Dolores Fernández Ortuño, junto con cinco investigadoras en formación realizando sus tesis, dos técnicos de laboratorio, así como varios estudiantes de TFG (Foto de grupo). Este grupo pertenece al Departamento de Microbiología de la Universidad de Málaga (grupo PAI-AGR169) y al Departamento de Microbiología y Protección de Cultivos del IHSM-UMA-CSIC “La Mayora”. El interés del grupo se centra en el control químico de dos importantes enfermedades en hortícolas, el oídio de las cucurbitáceas y la botritis, causadas por los hongos fitopatógenos *Podosphaera xanthii* y *Botrytis cinerea*. El control químico ha sido crítico en la prevención de las pérdidas ocasionadas por estas enfermedades; sin embargo, durante los años que llevamos trabajando con estos patógenos hemos observado que los fungicidas comercializados están bajo presión, siendo el desarrollo de resistencias, consecuencia de un proceso evolutivo básico, común en ambos. Nuestro grupo ha descrito resistencias a los fungicidas anti-oídio más populares entre los agricultores, QoI, DMI, MBC y SDHI en las poblaciones de *P. xanthii* de la mitad sur de España (Fernández-Ortuño *et al.* 2006; López-Ruiz *et al.* 2010; Bellón-Gómez *et al.* 2015; Vielba-Fernández *et al.* 2021), observándose aislados multirresistentes en Almería y Murcia, zonas de cultivo intensivo (Bellón-Gómez *et al.*, 2015).

Desafortunadamente, el fenómeno de la multirresistencia a fungicidas es también un hecho en las poblaciones españolas de *B. cinerea*. En estudios recientes hemos detectado resistencia a seis clases de fungicidas en aislados obtenidos de las provincias de Huelva y Málaga, con frecuencias de resistencia que oscilaron entre el 75% (QoI) y el 1% (fenilpirroles), siendo la mayor parte de los aislados (47,6%) resistentes a 3 o más clases de fungicidas (Fernández-Ortuño *et al.* 2016).

Aunque la creciente priorización de la sostenibilidad en la agricultura ha dado lugar a un rápido aumento de las industrias de agentes biológicos y de la búsqueda de alternativas no químicas, sus beneficios están lejos de ser importantes. Y, aunque haya algunos ejemplos de uso exitoso de estrategias no químicas para combatir algunas plagas y enfermedades, existen otra serie de enfermedades cuyo control

es absolutamente dependiente de los productos químicos, como es el caso de los oídios y la botritis. Por tanto, no hay duda de que las estrategias químicas constituirán el principal pilar de la protección de los cultivos en el futuro previsible (Smith *et al.* 2008). Sin embargo, la diversidad de los compuestos disponibles para los productores podría verse restringida en el futuro por la legislación europea sobre pesticidas [Estrategia de la Granja a la Mesa del Pacto Verde Europeo, Directiva 2009/128/EC y Reglamento (EC) 1107/2009], con el fin de minimizar los riesgos para la salud humana y el medio ambiente derivados del uso de estos. Por ello, para poder mantener la diversidad química, la industria necesitará introducir nuevos productos para encajar con un entorno agrícola cambiante, lo que significa que existe una demanda urgente para identificar y desarrollar nuevos compuestos químicos para la protección de cultivos.

En esta línea, nuestro grupo de investigación pretende aportar soluciones más sostenibles para el control del oídio de las cucurbitáceas y la botritis (Figura 1). Para ello, a partir de información genómica y transcriptómica, y a través del uso de técnicas modelado de proteínas y de silenciamiento génico, identificamos dianas potenciales para el desarrollo y/o patogenicidad del hongo (Martínez-Cruz et al. 2018; Polonio et al. 2021; Ruiz-Jiménez et al. 2021). En colaboración con la Universidad de Valencia, y a través del cribado virtual de quimotecas usando descriptores topológicos, identificamos nuevos compuestos antifúngicos inhibidores de estas dianas. Además, estamos analizando si la tecnología del ARNi denominada silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS), el uso de aptámeros (oligonucleótidos de ARN o ADN) y la nanoencapsulación para mejorar la aplicación y eficacia de estos oligonucleótidos en la naturaleza, podrían ser alternativas para el manejo de ambos fitopatógenos. De esta manera, esperamos poder sentar las bases para el desarrollo de nuevos fitosanitarios e incrementar el número de herramientas disponibles para el control integrado de estas y otras enfermedades de origen fúngico. Finalmente, llevamos a cabo estudios más aplicados, tanto biológicos como moleculares (PCR-RFLP, AS-PCR, ARMS-PCR, LAMP), para conocer de forma rápida y fiable, la presencia y niveles de resistencia existentes a todos los fungicidas que están actualmente autorizados para el control de estas enfermedades y poder ayudar a los agricultores a tomar decisiones a corto plazo basadas en la información obtenida. De esta forma evitamos el uso innecesario de fungicidas que, además de generar resistencia, no evitan las pérdidas en los cultivos, contribuyendo así al desarrollo de una agricultura más sostenible y productiva.

Referencias

- Bellón-Gómez D, Vela-Corcía D, Pérez-García A y Torés JA. (2015). Sensitivity of *Podosphaera xanthii* populations to anti-powdery mildew fungicides in Spain. *Pest Manag Sci* 71: 1407-1413.
- Fernández-Ortuño D, Pérez García A, López-Ruiz FJ, Romero D, De Vicente A y Torés JA. (2006). Ocurrence

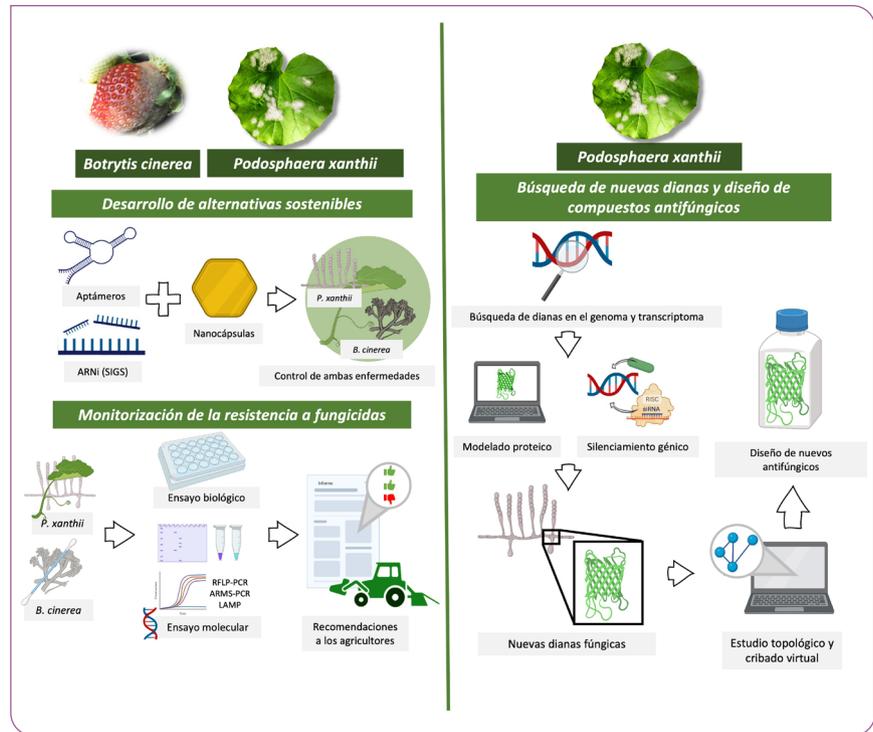


Figura 1. Resumen de las líneas de investigación del Grupo "Diseño Racional de Fitosanitarios".

and distribution of resistance to Qol fungicides in populations of *Podosphaera fusca* in south central Spain. *Eur J Plant Pathol* 115: 215-222.

- Fernández-Ortuño D, Torés JA, Chamorro M, Pérez-García A y de Vicente A. (2016). Characterization of resistance to six chemical classes of site-specific fungicides registered for gray mold control on strawberries in Spain. *Plant Dis* 100: 2234-2239.

- López-Ruiz FJ, Pérez-García A, Fernández-Ortuño D, Romero D, García E, de Vicente A, Torés JA. (2010). Distributions and sensitivities to DMI fungicides in populations of *Podosphaera fusca* in south central Spain. *Pest Manag Sci* 66: 801-808.

- Martínez Cruz JM, Romero D, de la Torre F, Fernández-Ortuño D, Torés JA, de Vicente A y Pérez-García A. (2018). The functional characterization of *Podosphaera xanthii* effector candidate genes reveals novel target functions for fungal pathogenicity. *Mol Plant-Microbe Interact* 31: 914-931.

- Polonio A, Díaz-Martínez L, Fernández-Ortuño D, de Vicente A, Romero D, López-Ruiz F y Pérez-García A. (2021).

A hybrid genome assembly resource for *Podosphaera xanthii*, the main causal agent of powdery mildew disease in cucurbits. *Mol Plant-Microbe Interac* 34: 319-324.

- Ruiz-Jiménez L, Polonio A, Vielba-Fernández A, Pérez-García A y Fernández-Ortuño D. (2021). Gene mining for conserved, non-annotated proteins of *Podosphaera xanthii* identifies novel target candidates for controlling powdery mildews by spray-induced gene silencing. *J Fungi* 7: 735.

- Smith K, Evans DA y El-Hiti GA. (2008). Role of modern chemistry in sustainable arable crop protection. *Phil Trans R Soc B* 363:623-63.

- Vielba-Fernández A, Polonio A, Ruiz-Jiménez L, de Vicente A, Pérez-García A y Fernández-Ortuño D. (2021). Resistance to the SDHI fungicides boscalid and fluopyram in *Podosphaera xanthii* populations from commercial cucurbit fields in Spain. *J Fungi* 7: 733.

Aplicaciones biotecnológicas del microbioma rizosférico de cítricos

PEÑALVER R.¹, ALGUACIL MM.², FORNER-GINER MA.³ Y QUIÑONES A.⁴

¹Centro de Protección Vegetal y Biotecnología, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Valencia.

²Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CSIC), Murcia.

³Centro de Producción Vegetal y Citricultura, IVIA, Valencia

⁴Centro para el Desarrollo de la Agricultura Sostenible, IVIA, Valencia.

✉ rpenal@ivia.es



Miembros del grupo.

El grupo de “**Biotecnología de Bacterias de la Rizosfera**” del IVIA tiene como objetivo global la selección de bacterias beneficiosas que sirvan de base para el desarrollo de nuevos bioproductos para la industria agroalimentaria y citrícola. Para ello desarrolla tres líneas de investigación; (i) Una línea de investigación básica encaminada a determinar las bases genéticas y genómicas de la interacción beneficiosa *Rhizobium*

rhizogenes K84-planta, como modelo de bacteria altamente adaptada a la vida en la rizosfera. (ii) Generar una colección de potenciales bacterias beneficiosas para el cultivo de los cítricos a partir del estudio de los microbiomas rizosféricos de distintos patrones de cítricos mediante técnicas de alto rendimiento, tanto no dependientes de la cultivabilidad (metagenómica), como dependientes de la cultivabilidad (culturó-

mica), y en tercer lugar, (iii) el aislamiento y caracterización de bacterias diazotróficas y endófitas de cítricos como una posible herramienta para la biofertilización de cítricos y la reducción del abonado químico nitrogenado (bionutrición).

1. Bases genéticas y genómicas de la interacción beneficiosa *Rhizobium rhizogenes* K84-planta. Desde un punto

de vista biotecnológico, es necesario conocer en profundidad el nicho ecológico que se pretende explotar, en este caso la rizosfera de las plantas. Para ello, nuestro grupo lleva más de 30 años estudiando la interacción en las raíces de la bacteria beneficiosa *R. rhizogenes* (antes *Agrobacterium radiobacter*) K84. La cepa K84 coloniza y sobrevive eficazmente en las raíces de un gran número de plantas, desde herbáceas hasta leñosas. Por ello, estamos analizando en profundidad el genoma de K84 con respecto a aquellas funciones relacionadas con la colonización, adaptación y supervivencia en las raíces, que nos puedan revelar las principales claves que dictaminan la vida bacteriana en la rizosfera (genómica funcional). El análisis funcional de su genoma nos ha desvelado cuáles pueden ser las adaptaciones que la convierten en una bacteria rizosférica modelo de amplio espectro. Así, su genoma (6752 genes), codifica gran cantidad de proteínas quimiorreceptoras (21 MCPs), lo que sugiere un estilo de vida complejo, capaz de tactismo hacia compuestos presentes en los exudados de raíces. También posee un gran repertorio de sistemas de transporte (1232 genes, 18,2%), lo que refleja su versatilidad metabólica para utilizar los exudados. Hay que destacar el gran número de reguladores (743 genes, 11%), lo que indica una gran plasticidad para modular su expresión génica y adaptarse rápidamente a estímulos cambiantes en el suelo y en la rizosfera.

2. Obtención de una colección de potenciales bacterias beneficiosas para el cultivo de los cítricos. Las bacterias mutualistas de las raíces tienen una gran repercusión en la fisiología y salud de las plantas, y son potenciales recursos beneficiosos para los cultivos. Uno puede analizar los microbiomas bacterianos con la intención de seleccionar potenciales bacterias beneficiosas para el huésped (Lebeis 2014). Con este objetivo, se seleccionaron 544 OTUs (Figura 1), que reflejarían potenciales bacterias beneficiosas altamente adaptadas a los cítricos y seleccionadas por el huésped. En paralelo a este estudio metagenómico, se llevó a cabo el aislamiento masivo de bacterias cultivables de las mismas plantas y se aislaron

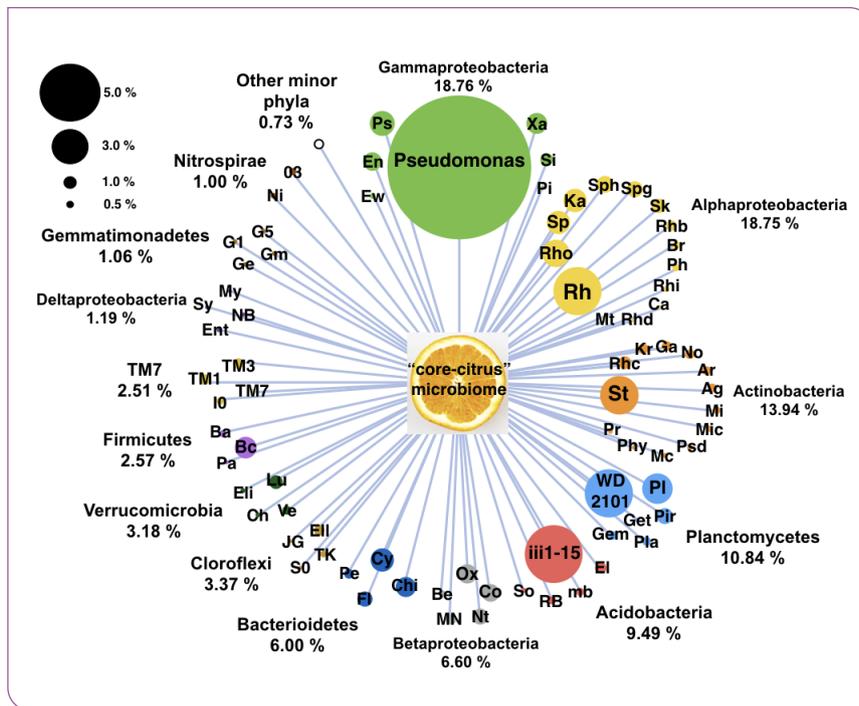


Figura 1. Microbioma rizosférico de cítricos seleccionado que reflejaría bacterias potencialmente beneficiosas para los cítricos.

1188 cultivos puros. Posteriormente, se secuenció el gen 16S rRNA de 482 aislados representativos y las secuencias se compararon con la de los OTUs seleccionados, y así se ha generado una colección de 147 bacterias que estaría teóricamente enriquecida en potenciales bacterias beneficiosas para los cítricos (Penyalver *et al.* 2022).

3. Bacterias endófitas y diazotróficas de cítricos. Se han aislado e identificado 17 bacterias de la endosfera de raíces de cítricos y el estudio de la posible presencia de genes de fijación de nitrógeno de forma libre (genes *nif*) y el crecimiento en medios mínimos sin nitrógeno de los aislados, nos ha permitido seleccionar los aislados de las especies *Beijerinckia fluminensis*, *Rhodococcus rhodochrous* y *Variovorax paradoxus*, como bacterias diazotróficas que podrían servir como posibles bioproductos para el cultivo de los cítricos y así reducir el impacto del abonado químico nitrogenado. En futuros proyectos *in planta* se evaluará su capacidad de aportar nitrógeno a las mismas (bionutrición) así como una posible reducción del abonado químico en el cultivo de cítricos.

Bibliografía

- ▶ Lebeis SL. (2014). The potential for give and take in plant-microbiome relationships. *Front. Plant Sci.* 5:article 287.
- ▶ Penyalver R, Roesh LFW, Piquer-Salcedo JE, Forner-Giner MA y Alguacil MM. (2022). From the bacterial citrus microbiome to the selection of potentially host-beneficial microbes. *New Biotechnology*, 70 (en prensa).

Mecanismos moleculares de adaptación bacteriana al ambiente rizosférico. (RIZOSFERA-UAM)

RAFAEL RIVILLA Y MARTA MARTÍN

Dpto. Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid

✉ rafael.rivilla@uam.es | m.martin@uam.es



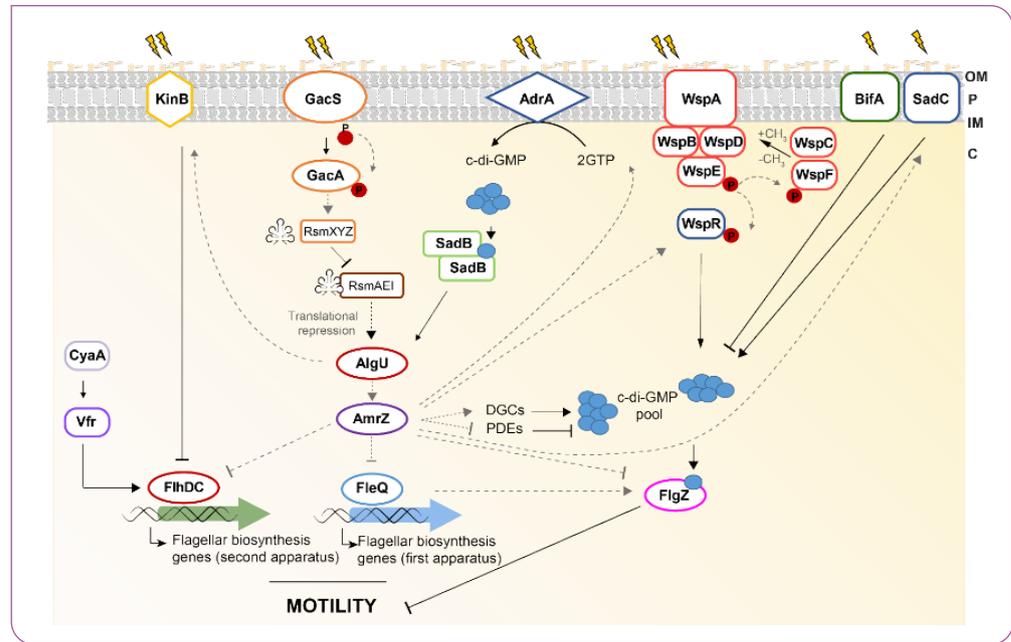
Miembros de RIZOSFERA-UAM. Desde la izquierda: M. Montoya, D. Vázquez-Arias, E. Blanco-Romero, J. Lloret, M. Redondo-Nieto, R. Rivilla, M. Martín, D. Durán y J. Dengra

Las rizobacterias juegan un papel importante en los sistemas integrados planta-microorganismo tanto para la promoción de crecimiento vegetal como en tecnologías de medio ambiente. El grupo RIZOSFERA-UAM tiene una trayectoria de más de 25 años dedicada al estudio de las interacciones beneficiosas planta-microorganismo y específicamente de los mecanismos moleculares que subyacen en el proceso de colonización de la rizosfera por bacterias. En este sentido, hemos aislado y caracterizado cepas que en asociación con la planta degradan PCBs (Garrido-Sanz et al 2020) también se han aislado y caracterizado consorcios capaces de degradar Diesel y derivados del petróleo (Garrido-Sanz et al., 2018, 2019; Wang et al., 2021). Por otro lado, hemos diseñado, probado cepas mejoradas para promoción del crecien-

to vegetal y aislado y caracterizado bacterias naturales que han sido transferidas a empresas agro-biotecnológicas y están siendo comercializadas como inoculantes agrícolas. En nuestros estudios utilizamos como bacteria modelo *Pseudomonas agarae* F113 (Garrido-Sanz et al., 2021), anteriormente conocida como *Pseudomonas fluorescens* F113, ya que promueve el crecimiento vegetal gracias a la producción de DAPG y de sistemas de secreción de tipo seis (T6SS), a la actividad ACC desaminasa y a la capacidad de movilizar fosfato y hierro del suelo (Redondo-Nieto et al., 2013; Durán et al., 2021). La aplicación de rizobacterias como inoculantes requiere de una colonización eficaz que las permita persistir durante un tiempo en un nicho ecológico complejo y competitivo como el rizosférico. A lo largo de los años el grupo

RIZOSFERA-UAM ha dedicado gran esfuerzo al estudio de los mecanismos de señalización molecular que acaecen durante el proceso de colonización competitiva de la rizosfera. Los análisis de epistasia (Muriel et al., 2019), ChIP-Seq y transcriptómicos realizados (Blanco-Romero et al., 2018; Blanco Romero et al., 2022), nos han permitido desentrañar una red compleja de señalización (ver **Figura 1**) que cuenta con un nodo regulador central formado por dos factores transcripcionales globales: AmrZ y FleQ que controlan las respuestas de F113 a los cambios ambientales, principalmente a través de la molécula señal diGMPC (Muriel et al., 2018; Blanco-Romero et al., 2018). Hemos analizado los componentes de la matriz extracelular (EMCs) de F113 susceptibles de ser regulados por altos niveles de di-GMPc, habiendo

Figura 1. Modelo de regulación de la movilidad en *P. ogarae* F113.



caracterizado un nuevo exopolisacárido denominado Pap (Polisacárido Ácido de Pseudomonas). Además, el análisis genómico comparativo de los EMCs de las pseudomonas ha mostrado una distribución filogenética de los mismos y ha revelado la existencia de un nuevo pili del tipo *flp-tad*. Estas dos estructuras parecen haber co-evolucionado y se asocian con pseudomonas beneficiosas colonizadoras de la rizosfera (Blanco-Romero *et al.*, 2020). Por último, basados en todo el conocimiento adquirido hasta el momento y aplicando técnicas de genómica comparada y genómica funcional nos encontramos aislando y caracterizando cepas naturales que nos permiten diseñar consorcios sintéticos (Syn-Com) que podrán ser utilizados como inoculantes en aplicaciones agrícolas y de medioambiente (Garrido-Sanz *et al.*, 2018).

Referencias

Blanco-Romero E, Redondo-Nieto M, Martínez-Granero F, Garrido-Sanz D, Ramos-González MI, Martín M y Rivilla R. (2018) Genome-wide analysis of the FleQ direct regulon in *P. fluorescens* F113 and *P. putida* KT2440. *Sci Rep.* 8(1):13145.

Blanco-Romero E, Garrido-Sanz D, Rivilla R, Redondo-Nieto M y Martín M. (2020) In Silico characterization and phylogenetic distribution of EMCs in the model rhizobacteria *Pseudomonas fluorescens* F113 and other pseudomonads. *Microorganisms* 8(11), 1740.

Durán D, Bernal P, Vazquez-Arias D, Blanco-Romero E, Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Rivilla R y Martín M. (2021) *P. fluorescens* F113 type VI secretion systems mediate bacterial killing and adaptation to the rhizosphere microbiome. *Sci. Rep.* (2021) 11:5772

Garrido-Sanz D, Manzano J, Martín M, Redondo-Nieto M, Rivilla R. (2018) Metagenomic analysis of a biphenyl-degrading soil bacterial consortium reveals the metabolic roles of specific populations. *Front Microbiol.* 9:232.

Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Guirado M, Pindado Jiménez O, Millán R, Martín M, Rivilla R. (2019) Metagenomic insights into the bacterial functions of a Diesel-degrading consortium for the rhizoremediation of Diesel-polluted soil. *Genes (Basel).* 10(6)456

Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Martín M y Rivilla R. (2020). Comparative genomics of the *Rhodococcus* genus shows wide distribution of biodegradation traits. *Microorganisms* 8(5), 774.

Garrido-Sanz D, Redondo-Nieto M, Martín M y Rivilla R. (2021) Comparative genomics of the *P. corrugata* subgroup reveals high species diversity and allows the description of *Pseudomonas ogarae* sp. Nov. *Microb Genom* 2021 Jun;7(6).

Muriel C, Arrebola E, Redondo-Nieto M, Martínez-Granero F, Jalvo B, Pfeilmeier S, Blanco-Romero E, Baena I, Malone JG, Rivilla R y Martín M. (2017) AmrZ is a major determinant of c-di-GMP levels in *Pseudomonas fluorescens* F113. *Sci Rep.* 8(1):1979.

Muriel C, Blanco-Romero E, Trampari E, Arrebola E, Durán D, Redondo-Nieto M, Malone JG, Martín M y Rivilla R. (2019) The diguanylate cyclase AdrA regulates flagellar biosynthesis in *Pseudomonas fluorescens* F113 through SadB. *Sci Rep.* 9(1):8096.

Wang M, Garrido-Sanz D, Sangesundo-Lobato P, Redondo-Nieto M, Conlon R, Martín M, Mali R, Liu X, Dowling DN, Rivilla R y Germaine KJ. (2021) Soil Microbiome Structure and Function in Ecopiles Used to Remediate Petroleum-Contaminated Soil. *Front. Environ. Sci.*, 15 March 2021 | <https://doi.org/10.3389/fenvs.2021.624070>

Redondo-Nieto M, Barret M, Morrissey J, Germaine K, Martínez-Granero F, Barahona E, Navazo A, Sánchez-Contreras M, Moynihan J, Muriel C, Dowling DN, O’Gara F, Martín M, Rivilla R. (2013) Genome sequence reveals that *Pseudomonas fluorescens* F113 possesses a large and diverse array of systems for rhizosphere function and host interaction. *BMC Genomics* 14:54.

Manejo integrado de enfermedades bacterianas y fúngicas en frutales y otros cultivos leñosos de importancia económica

ANNA BONATERRA, ISIDRE LLORENTE, CONCEPCIÓ MORAGREGA, JESÚS FRANCÉS, ESTHER BADOSA, LAURA MONTESINOS, NÚRIA DARANAS, GEMMA ROSELLÓ, EMILIO MONTESINOS

Unidad de Patología Vegetal-Centro de Innovación y Desarrollo en Sanidad Vegetal (PV-CIDSAV). Instituto de Tecnología Agroalimentaria (INTEA). Universitat de Girona (UdG)

✉ emilio.montesinos@udg.edu

El grupo PV-CIDSAV está formado por nueve investigadores y forma parte del Instituto de Tecnología Agroalimentaria de la Universitat de Girona. Desde 2001 el Centro de Innovación y Desarrollo en Sanidad Vegetal (CIDSAV) dispone de la acreditación TECNIO (Generalitat de Catalunya) para formar parte de la Red de Innovación Tecnológica, dedicada a la transferencia tecnológica (<https://epsapps.udg.edu/cid-sav/>) y tiene implementado el Sistema de Gestión de Calidad ISO 9001:2015.

Su línea de investigación se centra en la protección y manejo integrado de enfermedades bacterianas y fúngicas de importancia económica en cultivos leñosos, sobre todo de frutales. Concretamente se desarrollan y aplican tecnologías innovadoras y sostenibles compatibles con el manejo integrado de enfermedades. Actualmente la investigación del grupo se circunscribe en la epidemiología y manejo integrado de enfermedades emergentes (decaimiento y seca causados por *Xylella fastidiosa*, *Citrus greening*) y re-emergentes (fuego bacteriano, cancrisis y necrosis bacteriana) de cuarentena en la UE.

El grupo inició su trayectoria en 1986 y desde entonces ha trabajado en diversos proyectos sobre epidemiología y control de bacteriosis como la necrosis de yemas de flor del peral (*Pseudomonas syringae*), el fuego bacteriano de las Rosáceas (*Erwinia amylovora*) y de enfermedades fúngicas como la estemfiliosis del peral (*Stemphylium vesicarium*) o la podredumbre azul de la manzana (*Penicillium expansum*). En los últimos años los proyectos se han focalizado en enfermedades emergentes como las causadas por *X. fastidiosa* (Baró et al. 2021), *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* y *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni*.



Figura 1. Miembros del grupo.

Concretamente, las líneas de investigación están orientadas estratégicamente al desarrollo de nuevas herramientas innovadoras y sostenibles para el manejo integrado de dichas enfermedades emergentes y están basadas en: (i) el desarrollo, evaluación y validación de modelos de predicción de riesgo de infección, y guiado de los momentos idóneos de aplicación de tratamientos, y (ii) el desarrollo de nuevos bioplaguicidas de baja toxicidad basados en microorganismos y péptidos funcionales (antimicrobianos y elicitores de defensas en las plantas). El grupo dispone de las autorizaciones oficiales para investigación con Organismos Modificados Genéticamente y para trabajar con patógenos de cuarentena en la UE, así como

con *Xylella fastidiosa*. Además, se dispone de autorización para el mantenimiento y control de especies vegetales invasoras (*Ailanthus altissima*) al desarrollar agentes biológicos para su control (bioherbicidas). El grupo tiene una extensa experiencia en ensayos de control de enfermedades tanto en condiciones de ambiente controlado en invernadero como en campo.

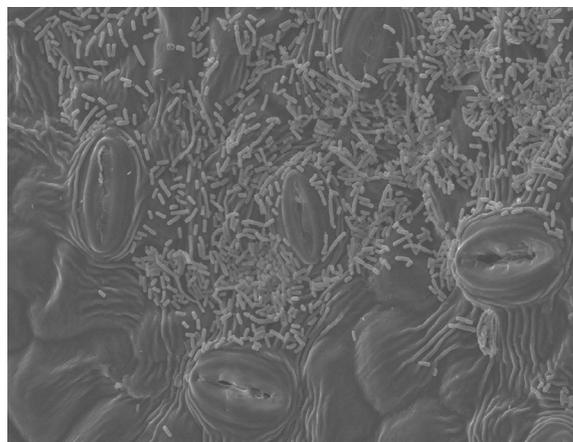
Por una parte, se han desarrollado metodologías para el guiado de las aplicaciones de tratamientos fungicidas y bactericidas mediante modelos empíricos de predicción del riesgo de infección. Se han implementado varios modelos para la predicción del riesgo de infección, que proporcionan mapas de riesgo para la

detección temprana y la evaluación de la aparición de enfermedades (patógenos en cuarentena y enfermedades emergentes). Por ejemplo, se ha desarrollado el modelo de riesgo de *Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* (Xap) en frutales de hueso (sistema XapCAST) y se han utilizado otros modelos en simulaciones para determinar el efecto del cambio climático en la potencial distribución de patógenos en Europa, como en el caso del estudio epidemiológico de *S. vesicarium* (Moragrega et al. 2018).

Por otra parte, el grupo desarrolla nuevos bioplaguicidas, tanto en investigación propia financiada con recursos públicos competitivos, como a través de proyectos financiados por la empresa privada. En referencia a los bioplaguicidas basados en microorganismos, el grupo realiza trabajos de prospección y caracterización de microorganismos que han permitido confeccionar una extensa y variada colección de cepas de especies bacterianas como *Pseudomonas fluorescens*, *Pantoea agglomerans*, *Bacillus* spp., *Streptomyces* spp. o bacterias del ácido láctico, entre las que se han identificado cepas muy activas en biocontrol y multiproductoras de péptidos antimicrobianos. El uso de algunas cepas ha sido objeto de patente. En el caso de la producción de metabolitos secundarios, se han seleccionado cepas bacterianas para obtener y desarrollar nuevos compuestos basados en metabolitos peptídicos como ciclolipopéptidos, bacteriocinas y pseudopéptidos, efectivos en el control de diversas bacteriosis (Mora et al. 2015). Finalmente, se han desarrollado técnicas moleculares para la monitorización específica de bioplaguicidas microbianos después de su aplicación en planta y se han optimizado formulaciones con el objetivo de incrementar su supervivencia y su eficacia en el control de enfermedades (Daranas et al. 2018).

En relación con los péptidos funcionales, se trabaja con péptidos que presentan actividad antimicrobiana o que actúan estimulando mecanismos de defensa contra patógenos y estrés en plantas o con péptidos multifuncionales que presentan ambas actividades. Concretamente, varios péptidos han sido optimizados para obtener un buen perfil biológico, con elevada actividad frente a bacterias y hongos fitopatógenos y reducida toxicidad frente organismos no diana, con interés como productos fitosanitarios y su uso ha sido objeto de patente. Recientemente varios péptidos han presentado actividad bactericida y antibiofilm

Figura 2. Células de *Lactobacillus plantarum* PM411, agente de biocontrol de varias enfermedades bacterianas en frutales, colonizando la superficie de una hoja de pera.



frente a bacterias fitopatógenas, en especial contra *X. fastidiosa* (Baró et al. 2020; Moll et al. 2021), induciendo defensas en plantas huésped como tomate y almendro (Montesinos et al. 2021; Moll et al. 2022), además de mostrar eficacia frente a enfermedades fúngicas en condiciones de campo (Puig et al. 2015).

Finalmente, para producir los bioplaguicidas mencionados, se han implementado plataformas de producción, en el caso de microorganismos bioplaguicidas mediante bioreactores, y para los péptidos mediante síntesis química y biofactorías (semillas de arroz) (Montesinos et al. 2017).

Referencias

- ▶ **Baró A, Montesinos L, Badosa E, Montesinos E.** (2021). Aggressiveness of Spanish isolates of *Xylella fastidiosa* to almond plants of different cultivars under greenhouse conditions. *Phytopathology* 111: 1994-2001.
- ▶ **Baró A, Mora I, Montesinos L, Montesinos E.** (2020). Differential susceptibility of *Xylella fastidiosa* strains to synthetic bactericidal peptides. *Phytopathology* 110: 1018-1026.
- ▶ **Daranas N, Bonaterra A, Francés J, Montesinos E, Badosa E.** (2018). Monitoring viable cells of the biological control agent *Lactobacillus plantarum* PM411 in aerial plant surfaces by means of a strain-specific. *Appl Environ Microbiol* 84: e00107-18.
- ▶ **Montesinos L, Bundó M, Badosa E, San Segundo B, Coca M, Montesinos E.** (2017). Production of BP178, a derivative of the synthetic antibacterial peptide BP100, in the rice seed endosperm. *BMC Plant Biology* 17: 63.

- ▶ **Montesinos L, Gascón B, Ruz L, Badosa E, Planas M, Feliu L, Montesinos E.** (2021). A bifunctional synthetic peptide with antimicrobial and plant defence elicitation properties that protects tomato plants from bacterial and fungal infections. *Front Plant Sci* 12: 756357.

- ▶ **Moll L, Badosa E, Planas M, Feliu L, Montesinos E, Bonaterra A.** (2021). Antimicrobial peptides with antibiofilm activity against *Xylella fastidiosa*. *Front Microbiol* 12: 753874.

- ▶ **Moll L, Baró A, Montesinos L, Badosa E, Bonaterra A, Montesinos E.** (2022). Induction of defense responses and protection of almond plants against *Xylella fastidiosa* by endotherapy with a bifunctional peptide. *Phytopathology*. In press.

- ▶ **Mora I, Cabrefiga J, Montesinos E.** (2015). Cyclic lipopeptide biosynthetic genes and products, and inhibitory activity of plant-associated *Bacillus* against phytopathogenic bacteria. *PLOSone* 10(5): e0127738.

- ▶ **Moragrega C, Puig M, Ruz L, Montesinos E, Llorente I.** (2018). Epidemiological features and trends of brown spot of pear disease based on the diversity of pathogen populations and climate change effects. *Phytopathology* 108: 223-233.

- ▶ **Puig M, Moragrega C, Ruz L, Montesinos E, Llorente I.** (2015). Controlling brown spot of pear by a synthetic antimicrobial peptide under field conditions. *Plant Dis* 99: 1816-1822.

Percepción bacteriana durante las primeras etapas de la interacción con plantas

EMILIA LÓPEZ SOLANILLA, JOSÉ JUAN RODRÍGUEZ HERVA Y GEMA LÓPEZ TORREJÓN

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP) Universidad Politécnica de Madrid (UPM/INIA-CSIC). Parque Científico y Tecnológico de la UPM. Campus de Montegancedo, 28223-Pozuelo de Alarcón (Madrid)

✉ emilia.lopez@upm.es | jj.rodriguez@upm.es | gema.lopez@upm.es

 https://www.cbgp.upm.es/index.php/es/?option=com_content&view=article&id=159

El laboratorio “Bacterias Fitopatógenas” desarrolla su actividad en el Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM/INIA-CSIC) y está liderado por la Doctora Emilia López Solanilla.

El objetivo principal de nuestra investigación es comprender los procesos específicos que tienen lugar durante el establecimiento de la infección bacteriana de las plantas con el objetivo de mejorar el diseño de estrategias de interferencia para luchar contra las enfermedades causadas por bacterias en plantas. Las bacterias fitopatógenas colonizan las superficies de las plantas y pueden multiplicarse epífita y saprofiticamente antes de ingresar al tejido vegetal. Cuando las condiciones son favorables, las bacterias ingresan por aberturas naturales o heridas y se multiplican en el apoplasto de la planta activando mecanismos de virulencia e induciendo los síntomas asociados a la enfermedad. En este escenario, tanto la supervivencia en la filosfera, como la entrada a la planta son etapas críticas que condicionan la aparición y propagación de la enfermedad. En los últimos años, nuestro trabajo se ha centrado en conocer las etapas vulnerables del ciclo de vida de las fitobacterias durante el inicio de la infección y los mecanismos de percepción bacteriana que permiten la adaptación al entorno.



Foto de grupo. Arriba de izda a derecha: Anastasia Magklara, Clara Gálvez Roldán, Saray Santamaría Hernando, Gema López Torrejón, Emilia López Solanilla, Claudia Sanchis López. Abajo de izquierda a derecha: Martí Munar Palmer, José Juan Rodríguez Herva, Sandra Nebreda Díaz.

Para abordar nuestros estudios empleamos dos modelos de bacterias fitopatógenas que representan diferentes estilos patogénicos: la bacteria hemibiotrofa *Pseudomonas syringae* pv tomato DC3000 (PsPto), que es

el agente causal de la mota bacteriana en el tomate, y *Dickeya dadantii* 3937 (Dd3937), una enterobacteria necrotrofa causante de la podredumbre blanda en una amplia gama de huéspedes vegetales.

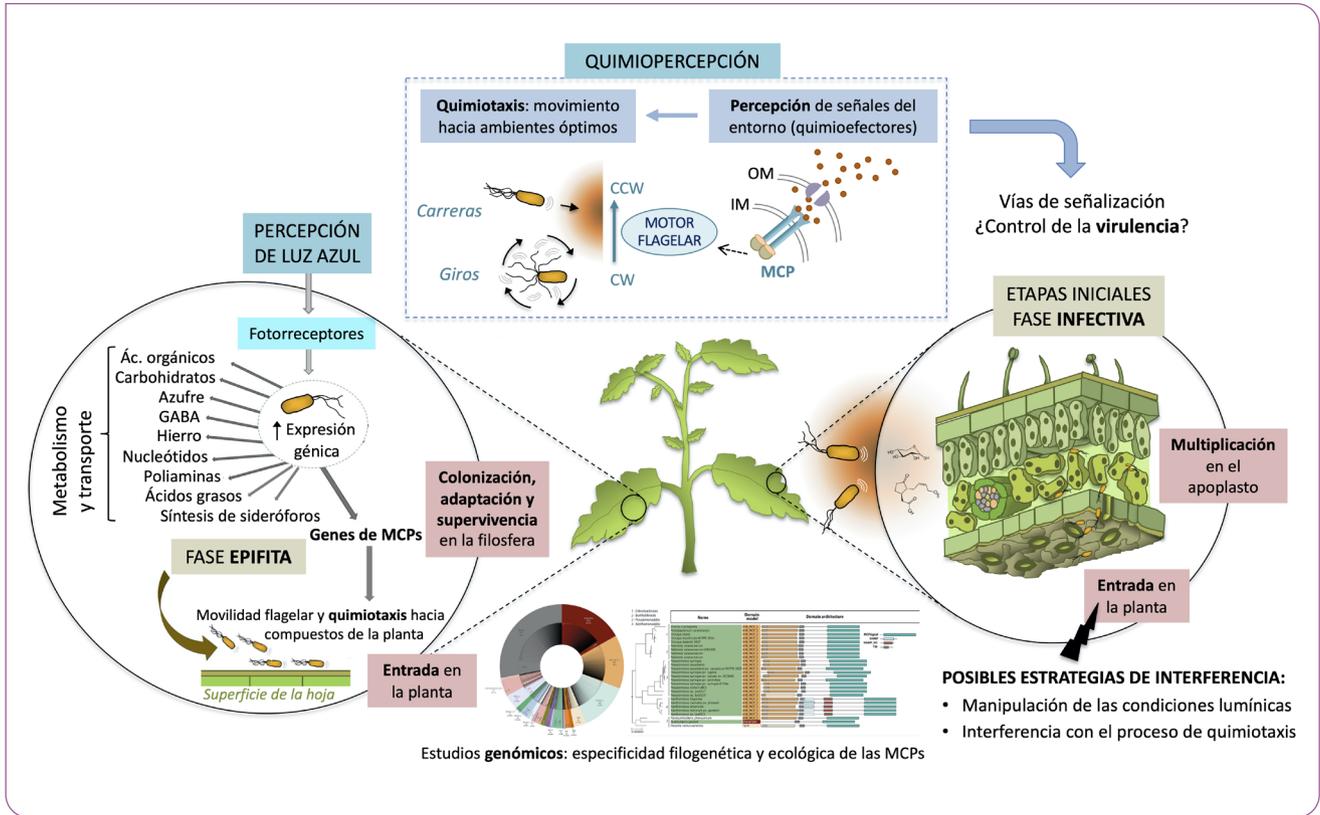


Diagrama explicativo sobre las líneas prioritarias de investigación del grupo "Bacterias Fitopatógenas" del CBGP/INIA-CSIC.

Durante los últimos años nos hemos centrado fundamentalmente en dos ejes de investigación dirigidos a analizar la respuesta a la luz durante la fase epifita y el papel de la quimio-percepción durante la infección.

La luz como señal que controla la patógenesis

La luz se ha revelado como una señal clave que controla las características de aptitud y patogenicidad en PsPto. El genoma de PsPto codifica una sola proteína de dominio LOV sensible a la luz azul y dos bacteriofitocromos sensibles a la luz roja. Hemos descrito que la percepción de la luz por PsPto afecta a la motilidad, la adherencia a las hojas de las plantas y la virulencia, y que estos fenotipos requieren la función de dichos fotorreceptores.

La luz induce una reprogramación genética en PsPto que implica cambios a gran escala en las funciones relacionadas con la tolerancia al estrés y la virulencia. Entre otros aspectos hemos descrito la

regulación positiva mediada por luz azul de genes T3SS y la regulación negativa mediada por luz roja de genes de biosíntesis de coronatina, ambos factores de virulencia centrales en esta bacteria. Estos cambios van acompañados de cambios en la virulencia que incluso dependen de la longitud de onda a la que se exponen las poblaciones bacterianas y del estado fisiológico de las plantas con respecto al ciclo diurno. Además, hemos descrito un efecto "priming" nocturno mediado por la detección de la ausencia de luz, que optimiza la entrada bacteriana a través de los estomas al amanecer. En conjunto, estos resultados respaldan un modelo en el que PsPto optimiza la invasión de hojas y el posterior crecimiento en el apoplasto mediante la explotación de señales basadas en la presencia, ausencia y calidad de la luz.

Quimio-percepción durante el proceso de infección

La señalización que subyace a la quimio-percepción se inicia mediante el reco-

nocimiento de señales, conocidas como quimioefectores, por parte de quimiorreceptores (CR) o proteínas de quimiotaxis receptoras de metilo (MCP). Los quimiorreceptores difieren en topología, modo de detección, ubicación celular y tipo de dominio de unión a ligando (LBD). El número de quimiorreceptores depende del estilo de vida bacteriano. Además, muchos genomas bacterianos codifican múltiples vías quimiosensoriales. En la mayoría de las bacterias fitopatógenas, el número de quimiorreceptores es significativamente alto, lo que sugiere que la percepción a través de estas proteínas tiene un papel relevante en la fisiología de estas bacterias.

Nuestro grupo ha trabajado en la descripción y análisis de la quimiotaxis en las bacterias modelo con las que trabajamos, determinando el perfil de quimioefectores a los que responden, estudiando la relevancia de la quimiotaxis durante el proceso de infección y describiendo el repertorio de quimiorreceptores en ambos modelos. Además, hemos caracterizado la función de quimiorreceptores específicos implicados en la percepción de aminoácidos, de

azúcares de pared vegetal y de fitohormonas, y hemos descrito su implicación en la virulencia.

También estamos interesados en el análisis de las vías de señalización activadas a partir de la función de los quimiorreceptores, ya que diversas evidencias obtenidas en nuestros trabajos apuntan a un control de funciones adicionales a la motilidad que entroncan con el control global de la virulencia. Adicionalmente, y en relación con esto, hemos encontrado evidencias que sugieren un acoplamiento de la percepción de la luz y la quimio percepción en poblaciones epifitas.

Además, estamos llevando a cabo una aproximación bioinformática al estudio de los quimiorreceptores en genomas de bacterias asociadas a plantas. Nuestros trabajos nos han permitido describir la especificidad filogenética y ecológica de los quimiorreceptores para identificar aquellos específicamente involucrados en la interacción con las plantas.

Publicaciones seleccionadas

- ▶ **Sanchis-López C, Cerna-Vargas JP, Santamaría-Hernando S, Ramos C., Krell T, Rodríguez-Palenzuela P, López-Solanilla E, Huerta-Cepas J y Rodríguez-Herva JJ.** (2021). Prevalence and specificity of chemoreceptor profiles in plant-associated bacteria. *mSystems* e00951-21.
- ▶ **Santamaría-Hernando S, Cerna-Vargas JP, Martínez-García PM, de Francisco-de Polanco S, Nebreda S, Rodríguez-Palenzuela P, Rodríguez-Herva JJ y López-Solanilla E.** (2020). Blue light perception by epiphytic *Pseudomonas syringae* drives chemoreceptor expression enabling efficient plant infection. *Mol Plant Pathol* 21: 1606-1619.
- ▶ **Cerna-Vargas JP, Santamaría-Hernando S, Matilla MA, Rodríguez-Herva JJ, Daddaoua A, Rodríguez-Palenzuela P, Krell T y López-Solanilla E.** (2019). Chemopercption of specific amino acids controls phytopathogenicity in *Pseudomonas syringae* pv. tomato. *mBio* 10: e01868-19.
- ▶ **Santamaría-Hernando S, Senovilla M, González-Mula A, Martínez-García PM, Nebreda S, Rodríguez-Palenzuela P, López-Solanilla E y Rodríguez-Herva JJ.** (2019). The *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 PSPTO_0820 multidrug transporter is involved in resistance to plant antimicrobials and bacterial survival during tomato plant infection. *PLoS ONE* 14: e0218815.
- ▶ **Santamaría-Hernando S, Rodríguez-Herva JJ, Martínez-García P, Río-Álvarez I, González-Melendi P, Zamorano J, Tapia C, Rodríguez-Palenzuela P y López-Solanilla E.** (2018). *Pseudomonas syringae* pv. tomato exploits light signals to optimize virulence and colonization of leaves. *Environ Microbiol* 20: 4261-4280.
- ▶ **Martínez-García PM, López-Solanilla E, Ramos C y Rodríguez-Palenzuela P.** (2016). Prediction of bacterial associations with plants using a supervised machine-learning approach. *Environ Microbiol* 18: 4847-4861.
- ▶ **Río-Álvarez I, Muñoz-Gómez C, Navas-Vásquez M, Martínez-García PM, Antúnez-Lamas M, Rodríguez-Palenzuela P y López-Solanilla E.** (2015). Role of *Dickeya dadantii* 3937 chemoreceptors in the entry to Arabidopsis leaves through wounds. *Molecular Plant Pathol* 16: 685-698.
- ▶ **Martínez-García PM, Ramos C y Rodríguez-Palenzuela P.** (2015). T346Hunter: a novel web-based tool for the prediction of type III, type IV and type VI secretion systems in bacterial genomes. *PLoS ONE* 10: e0119317.
- ▶ **Río-Álvarez I, Rodríguez-Herva JJ, Manuel Martínez P, González-Melendi P, García-Casado G, Rodríguez-Palenzuela P y López-Solanilla E.** (2014). Light regulates motility, attachment and virulence in the plant pathogen *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000. *Environ Microbiol* 16: 2072-2085.
- ▶ **Río-Álvarez I, Rodríguez-Herva JJ, Cuartas-Lanza R, Toth I, Pritchard L, Rodríguez-Palenzuela P y López-Solanilla E.** (2012). Genome-wide analysis of the response of *Dickeya dadantii* 3937 to plant antimicrobial peptides. *Mol Plant-Microbe Interact* 25: 523-533.



Biología Molecular de las Interacciones Microbio-Planta

CARLOS MOLINA-SANTIAGO, DIEGO ROMERO, CAYO RAMOS, LUIS RODRÍGUEZ-MORENO

Grupo de Biología Molecular de las Interacciones Microbio-Planta. Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM-UMA-CSIC) «La Mayora», Universidad de Málaga-CSIC.

✉ camolsan@uma.es | diego_romero@uma.es | crr@uma.es | lgrodriguez@uma.es



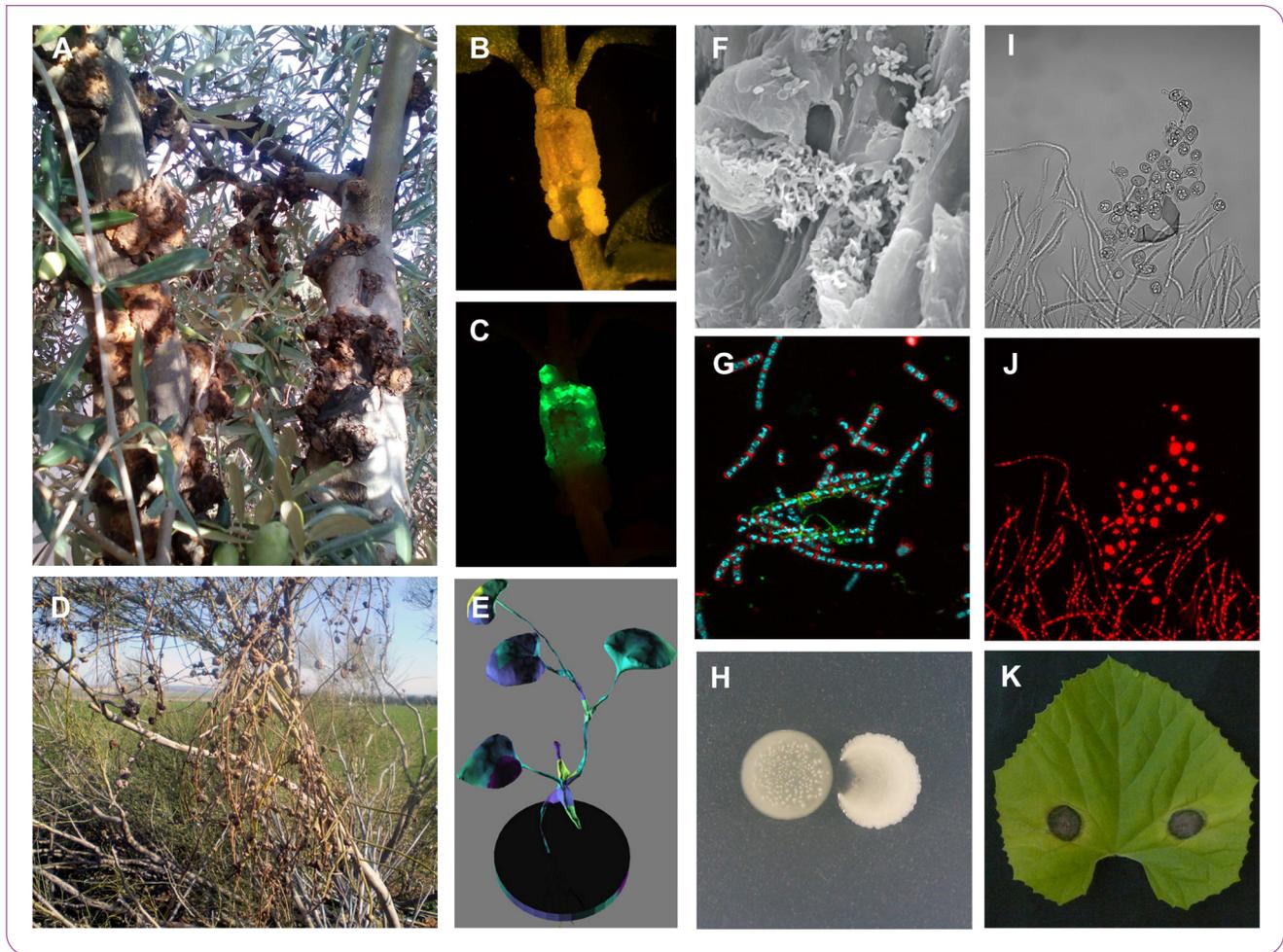
De izquierda a derecha: Antonio Arroyo (Investigador predoctoral); Noemí Fernández (estudiante TFG); Alejandro González (estudiante TFG); Isabel Imbroda (Técnico Superior); Javier Mora (estudiante TFG); Alicia Pérez (Investigadora predoctoral); Hilario Domínguez (Investigador predoctoral); Carla Lavado (Investigadora predoctoral); Carlos Molina (Investigador postdoctoral); Montse Grifé (Investigadora predoctoral); Laura Domínguez (Investigadora predoctoral); David Vela (Investigador postdoctoral); María Berlanga (Investigadora predoctoral); Jesús Hierrezuelo (Investigador postdoctoral); Diego Romero (Investigador Principal); Luis Rodríguez (Investigador Principal); Cayo Ramos (Investigador Principal).

El grupo de **Biología Molecular de las Interacciones Microbio-Planta** del IHSM-UMA-CSIC en Málaga, está formado por tres investigadores sénior que coordinan los diferentes proyectos y contratos con empresas; Cayo Ramos (Catedrático del Área de Genética), Diego Romero (Profesor Titular del Departamento de Microbiología) y Luis Rodríguez (Profesor Contratado Doctor del Área de Genética). Hoy en día, forman parte del

grupo 3 investigadores posdoctorales, 11 investigadores en formación realizando su tesis doctoral y 3 técnicos de laboratorio, así como varios estudiantes completando su trabajo final de Grado o Máster (Foto de grupo). El interés del grupo se centra en el estudio de los mecanismos celulares y moleculares que determinan las interacciones entre microbios y plantas, dando lugar a dos líneas principales de trabajo:

***Pseudomonas savastanoi* como modelo de estudio de las enfermedades en huéspedes leñosos**

Esta línea de investigación, iniciada en el año 2002 por Cayo Ramos, y a la que se ha incorporado recientemente Luis Rodrí-



A) Tumores en el tronco de un olivo (*Olea europaea*) causado por la infección natural de la bacteria patógena *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*. B) Tumor en plantas de olivo (*Olea europaea*) micropropagadas causado por la infección in vitro de *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*. C) Tumor en plantas de olivo (*Olea europaea*) micropropagadas causado por la infección in vitro de *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* marcada con la proteína verde fluorescente (GFP). D) Tumor en retama (*Retama sphaerocarpa*) causado por la infección natural de la bacteria patógena *Pseudomonas savastanoi* pv. *retacarpa*. E) Representación 3D de la distribución de un metabolito en una planta de melón tras el tratamiento con *Bacillus subtilis* 3610. F) Micrografía electrónica de barrido de la infección de células de olivo por la bacteria patógena *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi*. G) Estudio de la localización de proteínas amiloides en el biofilm de *Bacillus cereus* mediante microscopía confocal. Se llevó a cabo un ensayo de inmunocitoquímica usando anticuerpos primarios específicos frente a la proteína y anticuerpos secundarios conjugados a Alexa-Fluor488. Para marcar la pared celular se utilizó una tinción que se une de forma específica a lectinas (color rojo) y el ADN de la bacteria se contrastó usando el colorante Hoescht (en color azul). H) Interacción bacteriana entre *Pseudomonas* sp. 250J (izq.) y *Bacillus velezensis* FZB42 (drcha.). I) Imagen de campo clara obtenida por microscopía electrónica de transmisión de *Botrytis cinerea* en la que se observan clamidosporas. J) Imagen de fluorescencia obtenida por microscopía electrónica de transmisión donde aparecen marcados con fluorescencia los núcleos de las hifas de una muestra de *Botrytis cinerea*. K) Lesiones causadas por el hongo necrotrofo *Botrytis cinerea* en una hoja de melón.

guez como investigador senior, surge con el objetivo de utilizar el análisis genómico como estrategia para la identificación de los factores genéticos que determinan la virulencia y especificidad de huésped de la bacteria *Pseudomonas savastanoi*. Esta especie bacteriana se engloba dentro del complejo *Pseudomonas syringae*, constituido por un grupo de bacterias fitopatógenas Gram-negativas con gran interés agrícola y relevancia económica. La especie *P. savastanoi* incluye diversos patovares

capaces de causar enfermedad en huéspedes leñosos: pv. *savastanoi* (aislados de olivo), pv. *nerii* (aislados de adelfa), pv. *fraxini* (aislados de fresno), pv. *retacarpa* (aislados de retama) y pv. *mandevillae* (aislados de dipladenia). La secuenciación en 2010 del genoma de la cepa *P. savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB 3335 en combinación con estrategias de análisis genómico funcional y ensayos de patogenicidad cruzados nos ha permitido identificar nuevos genes de virulencia y establecer a *P. savastanoi*

como un sistema modelo para el estudio de enfermedades en plantas leñosas. En la actualidad, nuestro interés se centra en: i) estudiar la interconexión existente entre diferentes mecanismos de regulación global de la expresión génica y su implicación en la virulencia de las cepas de *P. savastanoi*; ii) identificar y caracterizar el conjunto de efectores bacterianos secretados al espacio extracelular durante el proceso de infección de esta bacteria fitopatógena. Avanzar en el conocimiento de estas dos

líneas de trabajo nos permitirá desarrollar estrategias de control adecuadas frente a las enfermedades que ocasionan.

La matriz extracelular de *Bacillus* como moduladora de la comunicación con otros organismos

En el género *Bacillus* se engloban especies beneficiosas para la salud de las plantas y otras que, si bien son catalogadas como neutras en el nicho ecológico donde se encuentran, pueden causar enfermedades en humanos. Además de la esporulación, propiedad distintiva del género, las bacterias del género *Bacillus* viven en comunidades microbianas conocidas como biofilms, donde una polivalente matriz extracelular de composición variable protege a las células frente a agentes externos y regula flujos de señales y nutrientes. Mediante una investigación multidisciplinar donde se combina la microbiología con tecnologías ómicas y microscopías, química o biofísica, la línea de investigación coordinada por Diego Romero trata de dar respuesta a cuestiones mecánicas relacionadas con el papel de los distintos componentes de la matriz extracelular de *Bacillus* en las interacciones microbio-microbio y microbio-huésped: i) el impacto de los componentes de la matriz extracelular en la estimulación del crecimiento vegetal y la inmunización de la planta, ii) el papel de las proteínas de tipo amiloide en el ensamblaje del biofilm y en la viabilidad celular, iii) el papel del biofilm y la síntesis de metabolitos secundarios en las interacciones bacterianas simples y múltiples, hongos o nematodos, y v) adaptación a diferentes nichos desde la planta a mamíferos.

Publicaciones seleccionadas

➤ **Berlanga-Clavero MV, Molina-Santiago C, Caraballo-Rodríguez AM, Petras D, Díaz-Martínez L, Pérez-García A, de Vicente A, Carrión VJ, Dorrestein PC, Romero D.** (2022) *Bacillus subtilis* biofilm matrix components target seed oil bodies to promote growth and anti-fungal resistance in melon. *Nature Microbiology*. <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01134-8>

➤ **Caballo-Ponce E, Pintado A, Moreno-Pérez A, Murillo J, Smalla K, Ramos C.** (2021) *Pseudomonas savastanoi* pv. *mandevillae* pv. nov., a clonal pathogen causing an emerging, devastating disease of the ornamental plant *Mandevilla* spp. *Phytopathology* 111: 1277-1288.

➤ **Caballo-Ponce E, Murillo J, Martínez-Gil M, Moreno-Pérez A, Pintado A, Ramos C.** (2017) Knots untie: Molecular determinants involved in knot formation induced by *Pseudomonas savastanoi* in woody hosts. *Frontiers in Plant Science* 8: 1089.

➤ **Cámara-Almirón J, Navarro Y, Díaz-Martínez L, Magno-Pérez-Bryan MC, Molina-Santiago Carlos, Pearson JR, de Vicente A, Pérez-García A, Romero D.** (2020) Dual functionality of the amyloid protein TasA in *Bacillus* physiology and fitness on the phylloplane. *Nature Communications* 11: 1859.

➤ **Molina-Santiago C, Vela-Corcía D, Petras D, Díaz-Martínez L, Pérez-Lorenzo AI, Sopeña-Torres S, Pearson JR, Caraballo-Rodríguez AM, Dorrestein PC, de Vicente A, Romero D.** (2021) Chemical interplay and complementary adaptive strategies toggle bacterial antagonism and co-existence. *Cell Reports* 36: 109449.

➤ **Molina-Santiago C, Pearson JR, Navarro Y, Berlanga-Clavero MV, Caraballo-Rodríguez AM, Petras D, García-Martín ML, Lamon G, Haberstein B, Cazorla FM, de Vicente A, Loquet A, Dorrestein PC, Romero D.** (2019) The extracellular matrix protects *Bacillus subtilis* colonies from *Pseudomonas* invasion and modulates plant co-colonization. *Nature Communications* 19: 1919.

➤ **Moreno-Pérez A, Ramos C, Rodríguez-Moreno L.** (2021) HrpL regulon of bacterial pathogen of woody host *Pseudomonas savastanoi* pv. *savastanoi* NCPPB 3335. *Microorganisms* 9: 1447.

➤ **Moreno-Pérez A, Pintado A, Murillo J, Caballo-Ponce E, Tegli S, Moretti C, Rodríguez-Palenzuela P, Ramos C.** (2020) Host range determinants of *Pseudomonas savastanoi* pathovars of woody hosts revealed by comparative genomics and cross-pathogenicity tests. *Frontiers in Plant Science* 11: 973.

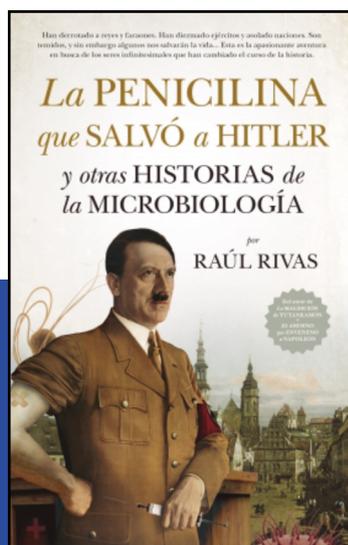


Libros

MANUEL SÁNCHEZ ANGULO

Director editorial de SEM@foro

✉ m.sanchez@umh.es



La penicilina que salvó a Hitler y otras historias de la Microbiología

Autor: Raúl Rivas

Editorial: Ediciones Guadalmazán

268 pp.

ISBN: 978-84-17547-47-9

Con este sugerente título se presenta el tercer volumen de una trilogía dedicada a las historias más curiosas de la microbiología (los dos anteriores son *La maldición de Tutankamon* y *El asesino que envenenó a Napoleón*). A lo largo de catorce capítulos el autor nos relata diversos episodios científicos relacionándolos con interesantes datos culturales o situándolos en el contexto histórico en el que se dieron. El estilo de escritura de Raúl Rivas estructura esos episodios como una red que los va interconectando, por lo que sus libros son muy entretenidos de leer. Por ejemplo, en el primer capítulo comenzamos con el cautiverio de Jorge Semprún en el campo de Buchenwald y de ahí pasamos a la terrible llse Koch (no, no tiene nada que ver con el microbiólogo Robert Koch) para continuar con la ictericia causada por el virus de la hepatitis A y del desarrollo de una vacuna contra dicha enfermedad utilizando cultivos celulares, lo que da pie a contar la historia de Henrietta Lacks y de cómo su tumor fue el origen de las inmortales células Hela, que son esenciales para el desarrollo de la biología actual.

A lo largo de los capítulos conoceremos otras historias en las que intervienen microbios como las bacterias *Leptospira interrogans*, *Mycobacterium tuberculosis* y *Treponema pallidum*, o virus como el de la rubeola o el de la polio. Pero también a aquellos seres humanos cuyas vidas se entrecruzaron con esos microorganismos, bien porque los estudiaron, como es el caso de Maurice Ralph Hilleman o de Jonas Salk, o bien porque fueron sus víc-

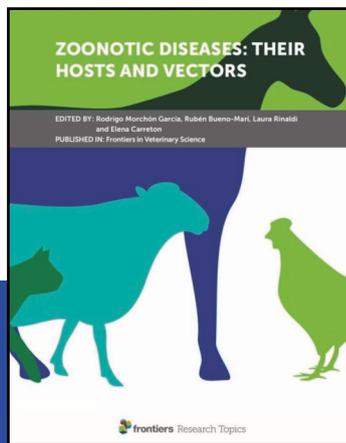
timas, como Franklin Delano Roosevelt o Gene Tierney. Personalmente, el capítulo que más me ha gustado es el titulado "La gran epizootia" dedicado a la gripe equina y los efectos devastadores que tuvo para la sociedad de finales del siglo XIX que dependía totalmente del caballo para sus actividades. Esos estragos fueron un aliante para que se desarrollasen vehículos y maquinaria basada en el motor de explosión, pero también para que se incrementara el interés en los estudios veterinarios.

El libro tiene numerosas fotografías para ilustrar las historias, lo que nos ayuda a situarnos en los diversos periodos históricos, tales como el auge del *blues* en la Nueva Orleans de principios del siglo XX o los tebeos que se leían en la España de la posguerra (menuda sorpresa me llevé al encontrar un dibujo del Guerrero del Antifaz entre las imágenes). También permiten poner rostro a muchos de los protagonistas, como por ejemplo las científicas Elizabeth Lee Hazen y Rachel Brown, pioneras en el desarrollo de sustancias antifúngicas. Además, cada capítulo viene acompañado de una pequeña lista bibliográfica de artículos científicos que permiten ampliar la información a los más curiosos.

Un libro de lectura muy entretenida e informativa. Raúl consigue enseñar y entretener a partes iguales.

SANTIAGO VEGA GARCÍA

Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad CEU Cardenal Herrera

✉ svega@uchceu.es

Zoonotic Diseases: Their Hosts and Vectors

Editores: García, R. M.,
Bueno-Marí, R., Rinaldi, L.,
Carreton, E.

Editorial: Lausanne: Frontiers
Media SA.

doi: 10.3389/978-2-88971-874-0

2021

Tal y como se recoge en el prólogo del e-book "*Zoonotic disease: Their hosts and vectors*", cuando la editorial *Frontiers in Veterinary Science* solicitó a los editores Rodrigo Morchón García, Rubén Bueno-Marí, Laura Rinaldi y Elena Carreton la realización de un monográfico sobre un tema de investigación que fuera interesante, atractivo y práctico, tanto para la comunidad científica como para el público en general, y conscientes de la importancia y difusión que podría tener el tema elegido, se pensó que dado el auge del concepto *One Health* y las enfermedades zoonóticas, concepto este de *One Health* que implica la colaboración entre científicos médicos y veterinarios, responsables del desarrollo de políticas y funcionarios de salud pública, y necesaria para fomentar la cooperación conjunta y el control de las enfermedades zoonóticas emergentes. Las enfermedades zoonóticas, que son causadas por una amplia gama de artrópodos, helmintos, protozoos, bacterias y virus, pueden dar lugar a cuadros clínicos severos e incluso fatales en animales y afectar gravemente a los humanos infectados. Las principales zoonosis están relacionadas con las interacciones entre el ganado y la vida silvestre, así como entre perros y gatos y las poblaciones humanas. Los humanos se infectan accidentalmente en áreas endémicas, donde los animales actúan como reservorios y las condiciones climáticas favorecen la proliferación de vectores. La influencia de otras variables, como la temperatura, la humedad, la presencia de áreas irrigadas, la introducción de nuevas especies de vectores, el cambio climático, el aumento de la actividad humana, los viajes con mascotas a/ desde países endémicos y la presencia de estas enfermedades en áreas no descritas anteriormente como endémicas, son factores importantes a considerar en el establecimiento de nuevas enfermedades zoonóticas en áreas donde, hasta entonces, se consideraban libres de la enfermedad. Aproximadamente el 60% de las enfermedades humanas son zoonóticas y al menos el 75% de los patógenos emergentes o reemergentes de las infecciones humanas son de origen animal. Actualmente, la mayoría de estas enfermedades

están desatendidas a pesar de causar un problema potencialmente global.

Por lo tanto, este monográfico titulado "*Zoonotic disease: Their hosts and vectors*" se planteó con el objetivo de brindar investigación puntera dirigida a la prevención y control de enfermedades zoonóticas, tanto a través del control de los vectores como de sus reservorios animales. Contiene un total de **18 contribuciones** y 126 autores parasitólogos, inmunólogos, entomólogos, virólogos y microbiólogos de todos los continentes, que han abordado el estudio de diferentes enfermedades zoonóticas, desarrollando temas como la relación entre la población humana, los animales domésticos y la vida silvestre, el papel de las especies exóticas invasoras, la epidemiología de las infecciones zoonóticas, las diferentes estrategias en el seguimiento y control, los programas de tratamiento y prevención, la dinámica de vectores, los ciclos de vida de los vectores y la respuesta inmune en sus huéspedes.

Dos son los capítulos con los que desde mi grupo hemos contribuido a la monografía:

➤ **Pet Reptiles: A Potential Source of Transmission of Multidrug-Resistant Salmonella.** Clara Marin, Laura Lorenzo-Rebenaque, Omar Laso, José Villora-Gonzalez and Santiago Vega

➤ **Tackling the Threat of Rabies Reintroduction in Europe.** Santiago Vega, Laura Lorenzo-Rebenaque, Clara Marin, Rosana Domingo and Fernando Fariñas

➤ Enlace a la obra completa:

<https://www.frontiersin.org/research-topics/13197/zoonotic-diseases-their-hosts-and-vectors>

In Memoriam: Rubens López García (1938-2022)

ERNESTO GARCÍA LÓPEZ

Profesor vinculado *ad honorem*. Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. CSIC

✉ e.garcia@cib.csic.es

El pasado 3 de junio falleció Rubén López García, Profesor de Investigación del CSIC y muy conocido y apreciado miembro de la SEM (Figura 1). Rubén había nacido en el Puerto de la Cruz (Tenerife) y ese lazo sentimental con su tierra lo mantuvo a lo largo de toda su vida. Estudió Ciencias Biológicas en la Universidad Complutense de Madrid (1958-1963) y se doctoró en 1966 por la misma universidad con la Tesis titulada: 'Producción de polisacáridos en azotobacteriáceas y sus variaciones en presencia de antibióticos' bajo la dirección del Prof. Antonio Portolés, en el Instituto 'Jaime Ferrán' de Microbiología del Centro de Investigaciones Biológicas (CIB; CSIC). Parte de los resultados de su Tesis fueron obtenidos durante una estancia predoctoral de un año de duración en el Laboratorio de Microbiología de la Universidad Agrícola de Wageningen (Países Bajos). En 1968, junto con su esposa, la también microbióloga Dra. Concepción Ronda Laín, trabajó en el Laboratorio de Química Biológica del Istituto Superiore di Sanità en Roma llevando a cabo estudios de genética bacteriana con *Bacillus subtilis* y *Streptomyces coelicolor*. En 1973, tuvo lugar la presentación y defensa de la primera de una serie de Tesis Doctorales que dirigió ('Estudio sobre transformación y transfección de *Bacillus subtilis* cultivado en quimostato'. A. Tapia). En noviembre de 1973, se trasladó al laboratorio del Prof. Alexander Tomasz en la Rockefeller University (RU; Nueva York) donde, durante un año, llevó a cabo estudios de transformación genética en *Streptococcus pneumoniae* (neumococo). A su regreso a Madrid, neumococo constituyó su principal objeto de estudio hasta su jubilación. Junto a la Dra. Ronda, que había participado en el aislamiento del primer fago lítico (virulento; Dp-1) de neumococo también en la RU, comenzó a desarrollar una nueva línea de



Figura 1. Rubén López hacia 2005.

investigación, pionera en España, sobre enzimas líticas de la pared celular bacteriana codificadas tanto por neumococo como por el fago Dp-1 y otros que fueron aislándose y caracterizándose en el transcurso de los años siguientes (Cp-1, Cp-7, HB-3, MM1, etc.). A medida que pasaba el tiempo y nuevos científicos se iban incorporando al grupo —que desde entonces comenzó a ser conocido como el de 'los rubenes' (Figura 2)—, se fueron añadiendo nuevas líneas de investigación en neumococo y otros estreptococos filogenéticamente próximos. Entre ellas merecen destacarse, además del estudio de las enzimas líticas de neumococo ya mencionado, los dedicados a la caracterización de los genes implicados en la biosíntesis del polisacárido capsular de *S. pneumoniae* (el principal factor de virulencia y del que actualmente se conocen más de 100 serotipos), además

del aislamiento de nuevos fagos de neumococo y el empleo de las enzimas líticas codificadas por estos (endolisinas o lisinas) en terapia fágica, ante el aumento aparentemente imparable de las resistencias a los antimicrobianos, utilizando tanto modelos *in vitro* (biofilms) como animales de experimentación.

En conjunto, Rubén ha sido cofirmante de más de 200 trabajos de investigación que se publicaron en las revistas científicas más prestigiosas, además de libros, y numerosas comunicaciones a congresos y simposios especializados así como conferencias en España y en el extranjero. En su haber hay que destacar, asimismo, haber sido, entre 1985 y 1989, el primer Editor-Coordenador de la revista 'Microbiología SEM' publicada por la SEM y que fue la precursora de la actual 'Internatio-

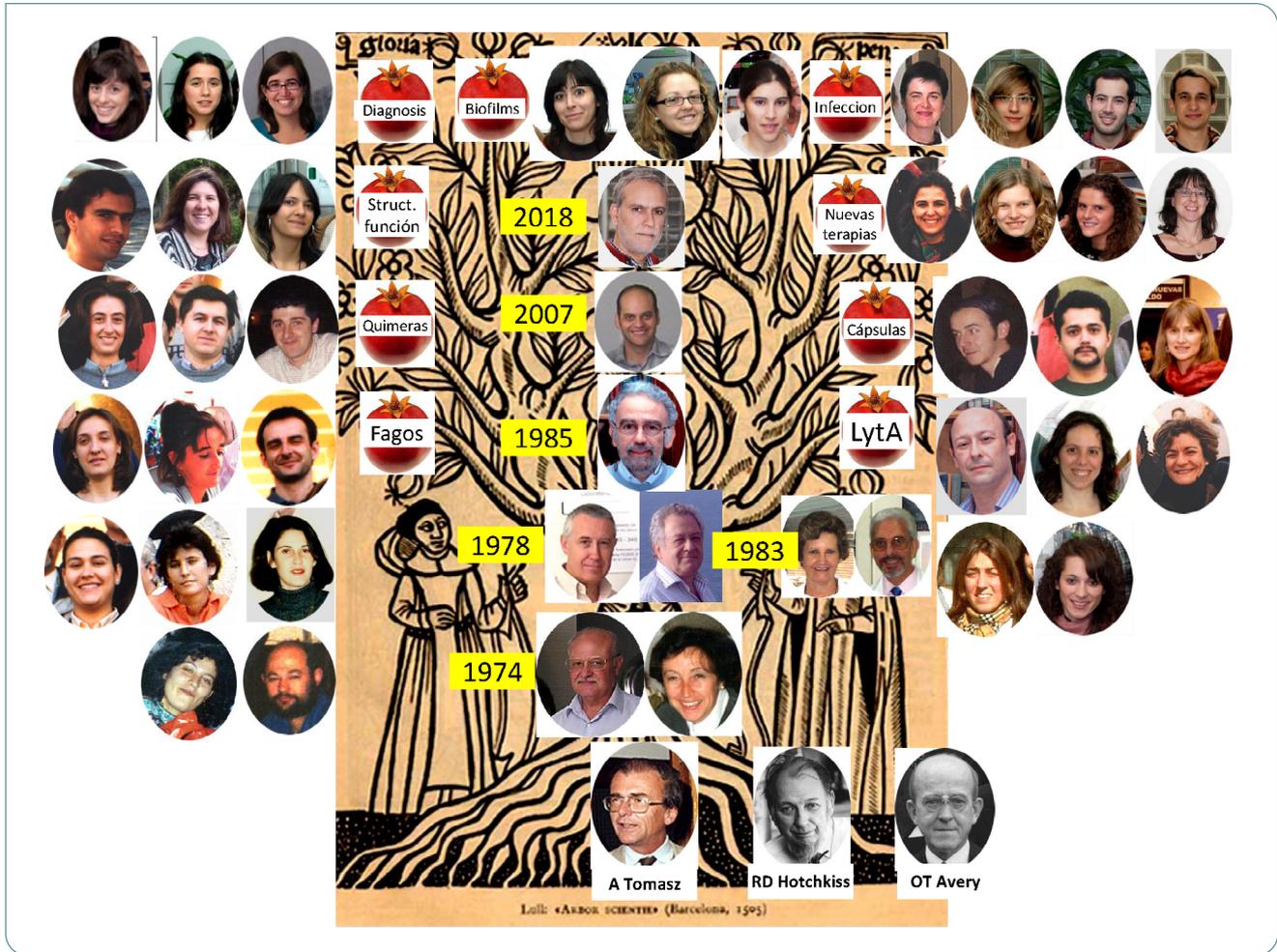


Figura 2. Historia científica resumida y árbol genealógico de 'los rubenes'. La línea de investigación sobre *S. pneumoniae* se fundamenta en los estudios llevados a cabo sucesivamente en la Rockefeller University por OT Avery, RD Hotchkiss y A Tomasz. De izquierda a derecha y de arriba abajo: A Sotillo, M Morales, S Campuzano, M Moscoso, M Domenech, L Araújo, V Rodríguez, E Ramos, R Díez, R Vázquez, JM Sanz, C Moldes, A González, JM Sanz, I Jado, M Esteban, M Reinés, B Maestro, B de las Rivas, E Díaz, C Croux, J Yuste, C Arrecubieta, D Llull, M Mollerach, MP González, Al Rodríguez, E Gindreau, JL García, JM Sánchez-Puelles, L Bonofiglio, R Muñoz, V Obregón, A Romero, M Sheehan, P García, E García, E Cano, M Carrasco, P Romero, S Ruiz, AC Martín, FJ Medrano, R López y C Ronda.

nal Microbiology'. También fue vocal de la Junta Directiva de la Sociedad Española de Quimioterapia (SEQ) desde su fundación en 1987.

Pero Rubén no fue sólo un científico de primer orden sino un excelente conocedor de arte, literatura, historia y música, además de un gran aficionado al cine. Sin exagerar, se podría decir de él que era un 'hombre del Renacimiento', además de socialista de nacimiento y madrídista de corazón. Todo ello fue la base sobre la que se ganó una merecida fama de excelente y ameno conversador. Además y en particular a partir de su jubilación, desarrolló

una notable actividad de divulgación, sobre todo en los diarios de su Tenerife natal.

Sobre todas estas facetas, sin embargo, Rubén destacó sobremanera por ser un hombre bueno, generoso y conciliador. Fue un jefe de laboratorio dedicado y atento no sólo a los temas científicos sino también a las preocupaciones de las personas de su grupo que, y esto es muy importante, supo ganarse la admiración, amistad y cariño de todos los que tuvimos el privilegio de disfrutar de su compañía a lo largo de muchos años. Si, como dijo el Premio Nobel André Lwoff, 'el arte del científico es, ante todo, buscarse un buen jefe',

'los rubenes' tuvimos un jefe irrepitible y un amigo excepcional e inolvidable cuyo recuerdo y ejemplo permanecerán en mi y en mi familia, así como en sus muchos amigos y discípulos. Finalmente, queremos hacer llegar a su familia y, en particular, a su esposa Conchita Ronda, nuestro más sentido pésame y nuestro cariño y apoyos incondicionales.

Patrones biogeográficos globales de bacterias fotoheterótrofas marinas en la superficie del océano tropical y subtropical

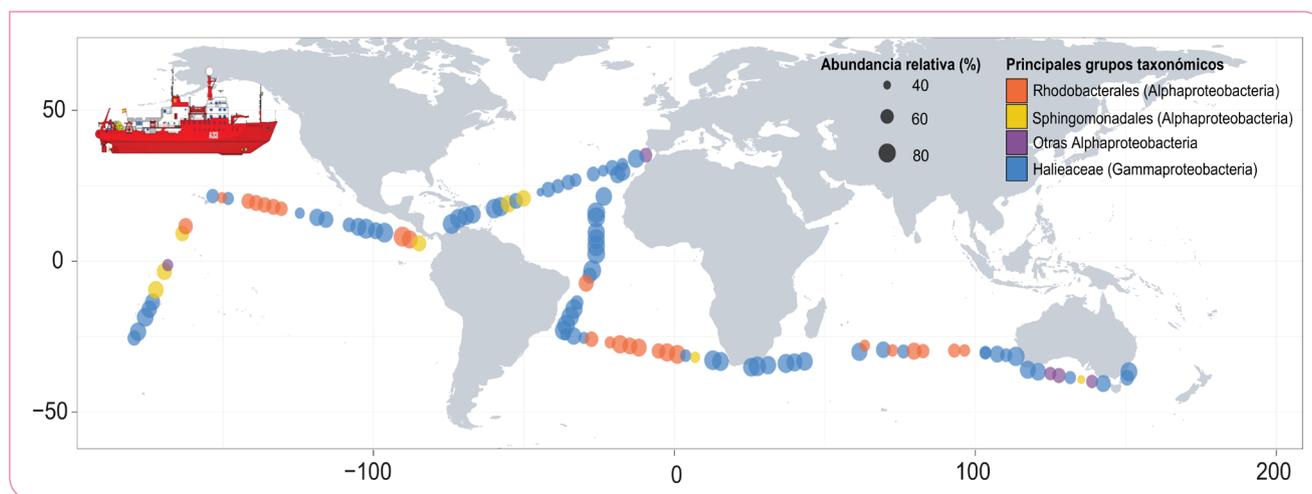
CARLOTA R. GAZULLA^{1,2}, JOSEP M. GASOL², OLGA SÁNCHEZ¹ & ISABEL FERRERA³

¹Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Catalunya, 08193, España.

²Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, Barcelona, Catalunya, 08003, España.

³Centro Oceanográfico de Málaga, Instituto Español de Oceanografía, IEO-CSIC, 29640 Fuengirola, Málaga, España.

✉ carlota.ruiz@uab.cat



Transectos de la campaña de circunnavegación oceanográfica Malaspina y los grupos taxonómicos de AAPs dominantes en la superficie del océano global. Cada punto se corresponde con una estación del transecto, a 3 metros de profundidad. El color varía según el grupo taxonómico de AAPs más abundante y el tamaño indica la abundancia relativa de dicho grupo en cada estación.

Las bacterias aeróbicas fototróficas anoxigénicas, también llamadas AAPs (del inglés, *aerobic anoxygenic phototrophic bacteria*), tienen un papel relevante en el funcionamiento de los ecosistemas marinos. Aunque estas bacterias son heterótrofas y necesitan materia orgánica para su crecimiento, pueden obtener energía adicional a partir de la luz. Su descubrimiento en la superficie del océano en el año 2000 supuso un cambio de paradigma en la visión que se tenía del ciclo del carbono y de las redes tróficas marinas. Desde entonces, existe un gran interés por entender su papel ecológico a nivel global.

En este artículo se presenta el primer estudio biogeográfico global de las comunidades de AAPs, que hasta ahora habían sido descritas en áreas geográficas concretas. Las muestras se recogieron durante la campaña de circunnavegación oceanográfica Malaspina, que recorrió las regiones tropicales y subtropicales de los océanos

Pacífico, Atlántico e Índico. Mediante el uso de amplicones del gen *pufM*, el marcador genético de este grupo funcional, hemos descrito la diversidad y biogeografía global de las AAPs y estudiado los factores que explican los patrones ecológicos que observamos.

Las comunidades de AAPs resultaron principalmente formadas por bacterias que pertenecen a las clases Alphaproteobacteria y Gammaproteobacteria. La predominancia de una clase u otra varía a lo largo del océano: las Gammaproteobacterias dominan en todos los océanos excepto en los giros oligotróficos donde las Alphaproteobacterias son más abundantes. Al comparar la composición de las comunidades con la distancia geográfica, se aprecia un claro patrón biogeográfico, en el cual las comunidades más próximas entre sí comparten un mayor número de especies en común que con aquellas comunidades localizadas a mayor distancia. En general,

la distribución en cada región oceánica responde principalmente a cambios de temperatura, salinidad y clorofila.

Clasificando las diferentes secuencias de *pufM* según su comportamiento ecológico, constatamos que las comunidades de AAPs varían mucho en composición, en respuesta a pequeños cambios ambientales, lo que resulta en comunidades con especies raras y poco abundantes en comparación con otros grupos bacterianos, que perciben la superficie del océano como un ambiente más homogéneo. Por último, analizando la distancia genética entre las diferentes secuencias de AAPs y los cambios en su hábitat, concluimos que los patrones biogeográficos observados responden principalmente a un proceso ecológico de selección, y en menor medida a procesos de dispersión.

Actividad antibacteriana de nanomateriales caolín y plata: un enfoque alternativo al uso de antibióticos en producción animal

LARA PÉREZ-ETAYO, DAVID GONZÁLEZ, JOSÉ LEIVA, MARÍA DíEZ-LETURIA, ALBA EZQUERRA, LUIS LOSTAO Y ANA ISABEL VITAS

Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad de Navarra, Pamplona, España

✉ lpereze@unav.es

La inclusión de antibióticos en piensos animales para fines profilácticos o terapéuticos favorece la aparición y diseminación de resistencias, por lo que todos los planes de acción de resistencia a los antibióticos existentes a nivel mundial promueven la búsqueda de alternativas para reemplazar los antibióticos en producción animal. Por ello, el objetivo de este trabajo ha sido evaluar la actividad bactericida de un material caolín-plata (desarrollado por Laboratorios Enosan S.L.) para su posible inclusión como aditivo en alimentación animal.

La actividad del producto C3 (caolín-nanopartículas de plata), se probó frente a un amplio espectro de bacterias Gram negativas y Gram positivas (incluidas cepas resistentes a penicilinas, cefalosporinas, carbapenems, vancomicina y colistina) mediante la realización de antibiogramas, determinación de la concentración mínima inhibitoria (CMI) y concentración mínima bactericida (CMB), así como curvas de inhibición del crecimiento de 7 cepas que causan infecciones en animales. El producto C3 generó halos de inhibición en las 23 cepas testadas, mientras que el producto C2 (caolín sin plata) no produjo halos (Figura 1A). El producto C3 se mostró más activo frente a bacterias Gram negativas, con valores de CMB (referidos a la concentración de plata en el caolín) que oscilaron entre 7,8 µg/mL (*P. aeruginosa*) y 15,6 µg/mL (*E. coli* y *Salmonella*). Por el contrario, fue necesario aumentar la concentración a 31,3 µg/ml o 250 µg/ml para eliminar el 99,9% de la población inicial de *S. aureus* ATCC 6538 y *E. faecium* ATCC 19434, respectivamente. Además, las curvas de inhibición del crecimiento mostraron una actividad bactericida más rápida frente a bacterias Gram negativas (entre 2 y 4 h,

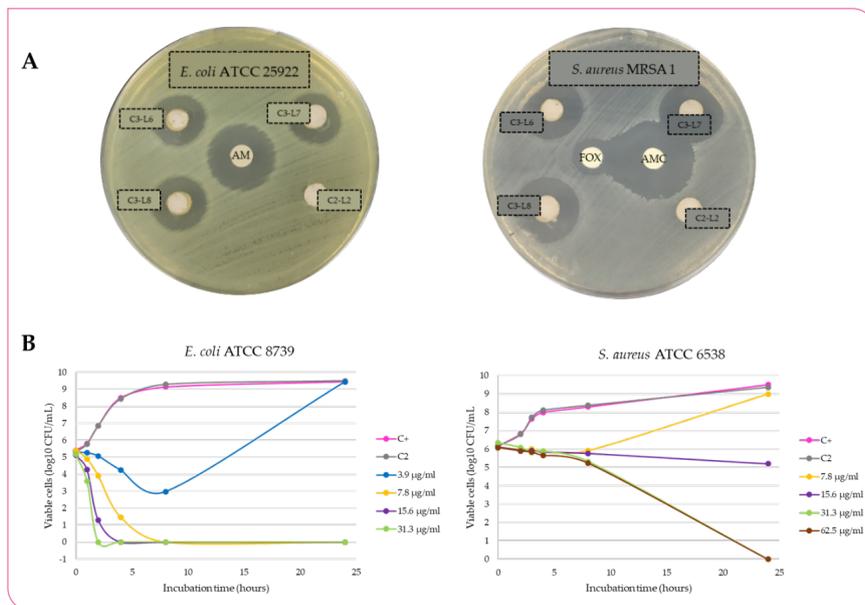


Figura 1. A. Antibiogramas de los productos C3 (con plata, lotes L6, L7 y L8) y C2 (sin plata, lote L2) frente a *E. coli* ATCC 25922 (izq) y *S. aureus* MRSA 1 (dcha). Productos C3 y C2 en solución 50 mg/ml; Ampicilina (AM, 10 g), Amoxicilina/Ac.clavulánico (AMC, 30 g) y Cefoxitina (FOX, 30 g). B. Curvas de inhibición de crecimiento de *E. coli* ATCC 8739 (izq) y *S. aureus* ATCC 6538 (dcha) en presencia de distintas concentraciones del producto C3-L1 (µg/mL de plata).

mientras que se necesitaron al menos 24 h y mayor concentración para observar la reducción total de *S. aureus* ATCC 6538 (Figura 1B).

En resumen, el nanomaterial C3 (caolín-plata) exhibe actividad antibacteriana frente a un amplio espectro de bacterias, incluidas cepas multirresistentes, por lo que cumpliría con las expectativas de ser un buen candidato para su uso como aditivo zootécnico en piensos de animales y reducir así el empleo de antibióticos. Sin embargo, son necesarios estudios adicionales sobre seguridad animal e impacto ambiental para evaluar la efectividad de

esta alternativa propuesta en el contexto de One Health.

Esta investigación ha sido financiada por una beca predoctoral de la Fundación Bancaria “la Caixa” y la “Asociación de Amigos de la Universidad de Navarra” y por el proyecto EFA 183/16/OUTBIOTICS cofinanciado por el “Fondo Europeo de Desarrollo Regional” (FEDER) a través del Programa Europeo de Cooperación Territorial POC-TEFA 2014-20 (INTERREG POC-TEFA).

Pérez-Etayo, L.; González, D.; Leiva, J.; Díez-Leturia, M.; Ezquerro, A.; Lostao, L.; Vitas, A.I. Antibacterial Activity of Kaolin–Silver Nanomaterials: Alternative Approach to the Use of Antibiotics in Animal Production. *Antibiotics* 2021, 10, 1276. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10111276>

Prevalencia global de bacterias marinas heterótrofas degradadoras de metilmercurio

ISABEL SANZ-SÁEZ¹, ANDREA G. BRAVO¹, SILVIA G. ACINAS¹ Y OLGA SÁNCHEZ²

¹Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, 08003 Barcelona, Catalunya, Spain

²Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain

✉ isanz@icm.csic.es | andrea.bravo@icm.csic.es | sacinas@icm.csic.es | olga.sanchez@uab.cat

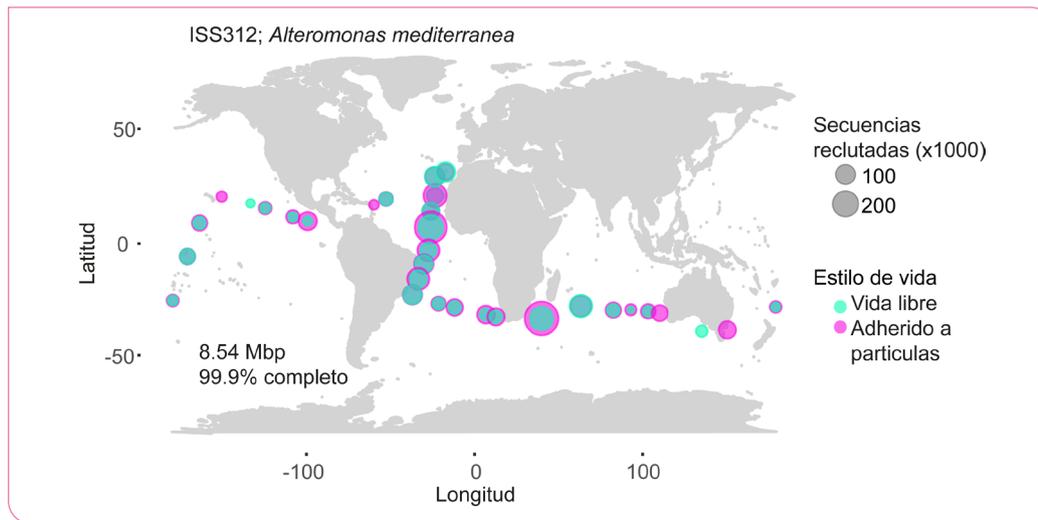


Figura 1. Mapa mostrando la distribución en el océano profundo global (~4000m) de *Alteromonas mediterranea* ISS312, una cepa altamente tolerante al MeHg.

El mercurio (Hg) es uno de los contaminantes más tóxicos, preocupantes y globalmente distribuidos. El Hg se emite a la atmósfera por fuentes naturales, como volcanes o la meteorización de rocas, pero particularmente debido a actividades antropogénicas. Los niveles crecientes de Hg desde la era industrial, estimados en un aumento del 450% en la atmósfera, hacen que el estudio de su ciclo biogeoquímico sea de gran preocupación para la comunidad científica. Como consecuencia, en el año 2013 se firmó la Convención de Minamata, un tratado global, que entró en vigor en el 2017, para proteger la salud de los ecosistemas, el medio ambiente y los humanos de los efectos adversos causados por Hg.

Los microorganismos tienen un rol principal en el ciclo biogeoquímico del Hg, ya que son actores principales de un gran número de reacciones y transformaciones. Sin embargo, tenemos un conocimiento

fragmentado de la diversidad, distribución y capacidad degradadora de los microorganismos involucrados en la degradación de una de las formas químicas más tóxicas de este contaminante, el metilmercurio (MeHg). Por eso los objetivos de este estudio han sido: (i) detectar la presencia de genes de degradación (genes *merA* y *merB*) en microorganismos marinos, (ii) evaluar en un número importante de cepas la tolerancia frente a mercurio inorgánico (HgCl_2) y MeHg, (iii) describir el potencial de degradación de las cepas más tolerantes, y (iv) explorar la biogeografía de los genes *merA* y *merB* en el océano y en diferentes profundidades analizando metagenomas y metatranscriptomas globales de las expediciones Malaspina (Acinas *et al. Commun Biol*, 2021) y Tara Oceans (Alberti *et al. Sci data*, 2017; Salazar *et al. Cell*, 2019).

Los análisis han sido posibles gracias a la combinación de técnicas dependientes de cultivo (donde hemos partido de una

colección de cultivos de más de 2000 cepas de origen marino) y de técnicas “ómicas” extrayendo los genes *merA* y *merB* de metagenomas y metatranscriptomas globales. Gracias a ello hemos podido describir por primera vez que los genes de degradación de MeHg están ampliamente distribuidos en el océano y que además se expresan activamente. Además, hemos podido detectar que una cepa taxonómicamente clasificada como *Alteromonas mediterranea* tiene tolerancia a altas concentraciones de MeHg (10 μM) en comparación a las concentraciones naturales que encontramos en el océano (~ 1pM) (Bowman *et al. Sci Total Environ*, 2020), que es capaz de degradarlo en aproximadamente 24h y que se encuentra ampliamente distribuida en el batipelágico en océanos templados y tropicales (Figura 1).

Isabel Sanz-Sáez, Carla Pereira-García, Andrea G. Bravo, Laura Trujillo, Martí Pla i Ferriol, Miguel Capilla, Pablo Sánchez, Rosa Carmen Rodríguez Martín-Doimeadios, Silvia G. Acinas, and Olga Sánchez. Prevalence of Heterotrophic Methylmercury Detoxifying Bacteria across Oceanic Regions. *Environmental Science & Technology* 2022 56 (6), 3452-3461. <https://doi.10.1021/acs.est.1c05635>

Identificación de un sensor universal de aminoácidos conservado en el Árbol de la Vida

ELIZABET MONTEAGUDO-CASCALES^a, VADIM M. GUMEROV^{b,c}, EKATERINA P. ANDRIANOVA^{b,c}, MIGUEL A. MATILLA^a, KAREN M. PAGE^d, ANNETTE C. DOLPHIN^d, TINO KRELL^a, E IGOR B. ZHULIN^{b,c}

^aDepartamento de Protección Ambiental, Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Granada, España.

^bDepartamento de Microbiología, The Ohio State University, Columbus, Estados Unidos.

^cTranslational Data Analytics Institute, The Ohio State University, Columbus, Estados Unidos.

^dDepartamento de Neurociencia, Fisiología y Farmacología, University College London, Londres, Reino Unido.

✉ elizabet.monteagudo@eez.csic.es | miguel.matilla@eez.csic.es | tino.krell@eez.csic.es

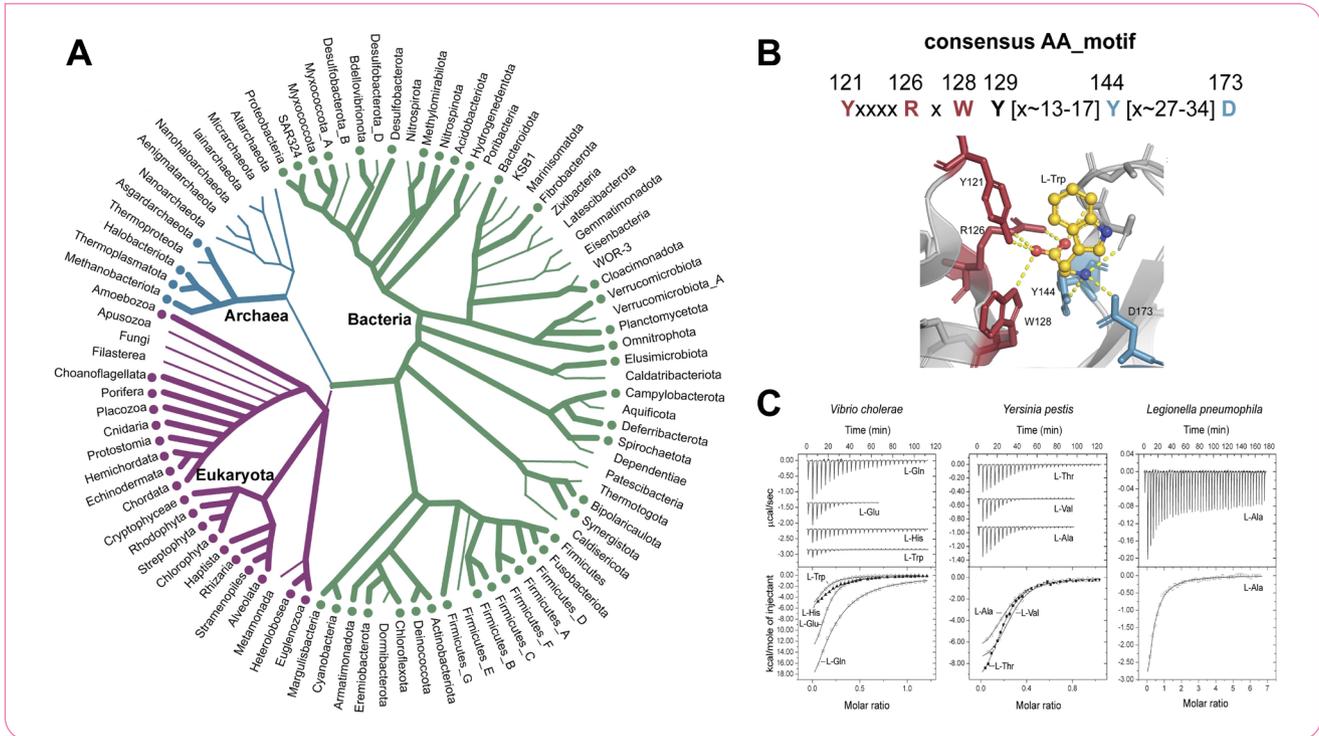


Figura 1. Identificación del dominio dCache_1AA para el reconocimiento específico de aminoácidos. **A.** Distribución filogenética del dominio dCache_1AA. Los puntos indican la presencia del dominio en una categoría filogenética. **B.** Secuencia consenso del “motivo_AA” y detalle de la interacción de los residuos del dominio dCache_1AA del quimiorreceptor PctA con L-Trp. **C.** Ensayos de microcalorimetría que representan la unión de distintos dominios dCache_1AA de bacterias patógenas a aminoácidos.

La capacidad de percibir y responder a señales ambientales permite a los seres vivos adaptarse a los cambios ambientales de manera eficiente. Los aminoácidos (AAs) actúan como moléculas señal en todos los linajes de la vida. Su abundancia en la sangre, los exudados radiculares o la hemolinfa los convierten en reguladores de procesos tan diversos como la formación de biopelículas, la germinación de esporas y la colonización de hospedadores. En humanos, su biodisponibilidad afecta a la respuesta inflamatoria y a la comunicación neuronal. Sin embargo, hasta la fecha, se desconocía un mecanismo universal para el reconocimiento de AAs a lo largo del Árbol de la Vida.

Los sistemas de transducción de señales permiten a los microorganismos la percepción de estímulos. El proceso se inicia con la unión de una señal al dominio de unión a ligandos (LBDs) de un receptor. Los LBDs de tipo dCache representan la familia de dominios sensores extracelulares más abundante en procariontes. En este trabajo, se ha definido el “motivo_AA”, presente en LBDs de tipo dCache_1, como responsable del reconocimiento específico de AAs. Este dominio, denominado dCache_1AA, está presente en receptores de bacterias, arqueas y humanos (**Figuras 1A-B**).

Se determinó que el dominio dCache_1AA está presente en aproximadamente 11000

receptores de bacterias y arqueas, incluyendo patógenos de relevancia clínica y agrícola. Entre estos receptores, se encontraron múltiples quimiorreceptores, histidina quinasa, diguanilato ciclasas, fosfodiesterasas, serina/treonina quinasa y fosfatasa, entre otros. Para validar experimentalmente los resultados *in silico*, se emplearon aproximaciones basadas en fluorimetría diferencial de barrido y calorimetría de titulación isotérmica. Satisfactoriamente, la totalidad de los dominios dCache_1AA analizados unieron AAs con altas afinidades (**Figura 1C**).

En eucariotas, los dominios dCache_1AA se identificaron en cientos de proteínas,

incluyendo las subunidades $\alpha 2\delta$ de las proteínas CACHD1 que modulan los canales de calcio activados por voltaje. Estas proteínas están implicadas en patologías como esquizofrenia, epilepsia y dolor neuropático. Se demostró que las subunidades $\alpha 2\delta$ unen AAs a través del "motivo_AA" y la mutación de residuos puntuales del mismo resultó en la incapacidad de unir ligandos.

Se desconocen las señales percibidas por la mayoría de las proteínas receptoras y este trabajo demuestra el potencial de la biología estructural y la bioinformática en la predicción de ligandos. Los resultados de este estudio abren nuevas vías para el desarrollo de tratamientos frente a microorganismos patógenos, así como para la búsqueda de dianas terapéuticas dirigidas a paliar el dolor y trastornos

neurológicos. Este trabajo es fruto de una colaboración internacional multidisciplinar entre investigadores de la *Estación Experimental del Zaidín* (CSIC), *The Ohio State University* (EEUU) y *University College London* (Reino Unido).

Gumerov, V.M., Andrianova, E.P., Matilla, M.A., Page, K.M., Monteagudo-Cascales, E., Dolphin, A.C., Krell, T., Zhulin, I.B. 2022. Amino acid sensor conserved from bacteria to human. *Proc Natl Acad Sci USA* 119: e2110415119. DOI: [10.1073/pnas.2110415119](https://doi.org/10.1073/pnas.2110415119)



Nuevos socios de la SEM

Nuevas altas

Desde 14/10/2021 al 27/04/2022

- ◉ Adrados Planell, Ana
- ◉ Antón Rodríguez, Tania
- ◉ Arranz San Martín, Alba
- ◉ Ballestero García, Luna
- ◉ Barbero Úriz, Óscar Alberto
- ◉ Barcenilla Canduela, Coral
- ◉ Barros Rodríguez, Adoración
- ◉ Becerra Zambrano, Sioly Dainiznoray
- ◉ Bertrams Tubau, Lluís
- ◉ Blasco Santamaría, María Luz
- ◉ Borrego López, Rogelio
- ◉ Buetas Giménez, Elena
- ◉ Bullones Bolaños, Andrea Simone
- ◉ Canha Gouveia, Analuce
- ◉ Carpena Istán, Víctor
- ◉ Carvajal Holguera, Rocío
- ◉ Casas Román, Ariana
- ◉ Chuina Tomazeli, Emilia
- ◉ Correa Fiz, Florencia
- ◉ Crespillo Conejo, Roberto
- ◉ Crespo Roche, Diego
- ◉ Crespo Yuste, Estefanía
- ◉ Cruz Sáez, Daniel
- ◉ Dapa, Tanja
- ◉ de la Huerta Bengoechea, Paula
- ◉ del Castillo López, Tania
- ◉ Duran Wendt, David
- ◉ Ferrer Rodríguez, Consuelo
- ◉ Galván Ruano, Elizabeth
- ◉ García Franco, Ana Ángeles
- ◉ Garde Sagardoy, Edurne
- ◉ Genova, Roberta
- ◉ Gómara Utrilla, Paula
- ◉ Gómez Matos, Marieta
- ◉ Gutiérrez del Águila y Rodríguez, Diego
- ◉ Hernández Fernández, María
- ◉ Herrera Rodríguez, Daniel
- ◉ Hidalgo Fernandez, Paloma
- ◉ Jiménez Lalana Diego Esteban
- ◉ Jimenez Migurel, Idoia
- ◉ Jiménez Orellana, Miguel
- ◉ Jiménez Rodríguez, Raúl
- ◉ Juárez Martos, Raquel Adriana
- ◉ Jurado Muñoz, Andrea
- ◉ Kieffer, Nicolas
- ◉ Lartitegui Maceira, Unai
- ◉ Llano Verdeja, Jesús
- ◉ López Barona, Patricia
- ◉ López Bort, Javier
- ◉ López Escarpa, David
- ◉ López Herмосín, Rafael
- ◉ Lorente Torres, Blanca
- ◉ Lucena León, Carlos
- ◉ Mancera Miranda, Laura
- ◉ Marcos Torres, Francisco Javier
- ◉ Martínez Lozano, José Manuel
- ◉ Mejías Ortiz, Miguel
- ◉ Merino Martín, Luis
- ◉ Millán Placer, Ana Cristina
- ◉ Monteagudo Cascales, Elizabet
- ◉ Montero Beltrán, Elisa
- ◉ Mulet, María Magdalena
- ◉ Nadal Molero, Francisco
- ◉ Ochoa Guindulain, Eduardo
- ◉ Palacios Cuéllar, César
- ◉ Palomino Cano, Carmen
- ◉ Pardo Freire, Marco
- ◉ Paulino Carvalho, André Filipe
- ◉ Pico, Anna
- ◉ Polo Henares, Isabel
- ◉ Portocarrero García, Karen Milagos
- ◉ Prieto Nieto, Amalia
- ◉ Ramiro Martínez, Paula
- ◉ Recio Muñoz, María Isabel
- ◉ Rendueles Martínez, Claudia
- ◉ Rico Jiménez, Míriam
- ◉ Rodríguez Sancho, Alejandro
- ◉ Roscales García, Gabriel
- ◉ Roumani, Foteini
- ◉ Rubio Lozano, Alba Victoria
- ◉ Salgado Briegas, Sergio
- ◉ Sánchez Aguilar, María del Carmen
- ◉ Sánchez Jiménez, Ana
- ◉ Sánchez Pellicer, Pedro
- ◉ Sanz Machín, Irene
- ◉ Segura Mejías, Alicia
- ◉ Serrano Andrés, María Jesús
- ◉ Silva de Sousa, Bruna Fernanda
- ◉ Solbas Casajús, Ana
- ◉ Tordera, Lourdes
- ◉ Tristancho Baró, Alexander
- ◉ Vallejo Grijalba, Claudia
- ◉ Vázquez Arias, David
- ◉ Velasco de Diego, Raquel
- ◉ Velázquez Molina, Francisco Javier
- ◉ Vergara González, Ester
- ◉ Villanueva Llanes, Maripaz
- ◉ Yeste Fernández, Nuria

Tesis

Identification and phylogeny of clinical and environmental isolates of *Alternaria*, *Cladosporium* and other genera of dematiaceous hyphomycetes

➤ Autora:

Isabel Iturrieta González

isabeliturrieta@gmail.com

➤ Directores:

Dra. Josepa Gené, Dr. Josep Guarro y Dra. Dania García.

➤ Centro de realización:

Unidad de Microbiología, Departamento de Ciencias Médicas Básicas, Universitat Rovira i Virgili

➤ Resumen:

La tesis doctoral se enfocó en el estudio de diversidad y taxonomía de los géneros *Alternaria* y *Cladosporium*, y de otros hifomicetos dematiáceos pertenecientes a géneros morfológicamente similares. Se estudió un total de 589 aislados; 56 de origen clínico y 533 de muestras ambientales (204 de heces de herbívoros, 200 de suelo, 129 de material vegetal) colectadas en España, México y Vietnam. Los géneros estudiados son considerados taxonómicamente complejos, debido a la dificultad en la clasificación de sus especies cuando únicamente rasgos morfológicos son usados. El real espectro de especies asociado a un determinado sustrato solo es conocido si estudios moleculares basados en análisis de secuencia de marcadores filogenéticos apropiados son usados. La caracterización fenotípica de los aislados y análisis de secuencia de ITS y LSU del ADN ribosómico, así como de regiones parciales de genes codificantes de proteínas como *act*, *ATPase*, *gapdh*, *tef1*, *rpb2* y β -*tubulin*, dependiendo del género estudiado, nos permitió

identificar: 39 especies de *Alternaria* spp., incluyendo 13 nuevas especies descritas y 11 no descritas, aún en proceso de caracterización; 45 especies de *Cladosporium* spp., incluyendo 7 nuevas especies y una no descrita, aún en estudio; 10 especies de *Curvularia* spp. siendo tres propuestas como nuevas; un nuevo género, *Neodendryphiella*, con tres nuevas especies; dos nuevas especies de *Pseudopenidiella* y cinco clasificadas en *Apenidiella*, *Cyphellophora*, *Heliocephala*, *Matsushimaea* y *Venturia*. Es de notar que, entre las nuevas especies de *Alternaria* propuestas, tres fueron probadas como agentes de alternariosis cutánea humana (*A. anthropophila*, *A. atrobrunnea* y *A. guarroi*). Observamos entre los aislados de origen ambiental una alta diversidad en *Alternaria* y *Cladosporium*, sin embargo, heces de herbívoros fue el sustrato que permitió recuperar un mayor número de nuevos o raros taxones, constituyendo un excelente reservorio de hifomicetos interesantes.

Efecto de agentes para el biocontrol de mohos ocratoxigénicos en embutidos curado-madurados

➤ Autora:

María Micaela Álvarez Rubio

maalvarezr@unex.es

➤ Directores:

Félix Núñez Breña
María Jesús Andrade Gracia

➤ Centro de realización:

Instituto de la Carne y Productos Cárnicos, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura (Cáceres). Programa de Doctorado de Ciencia de los Alimentos.

➤ Fecha de defensa:

14 de diciembre de 2021.

➤ Resumen:

El objetivo de la Tesis Doctoral fue diseñar un método para el biocontrol de *Penicillium nordicum* y *Aspergillus westerdijkiae* productores de ocratoxina A (OTA) en embutidos curado-madurados empleando microorganismos aislados de derivados cárnicos (*Enterococcus faecium*, *Debaryomyces hansenii* y *Penicillium chrysogenum*) y productos de origen vegetal (orégano, tomillo, romero, incluyendo su aceite esencial (REO) y extracto de bellota). Se evaluó el efecto de estos agentes sobre el crecimiento de los mohos y la producción de OTA, sus modos de acción y las posibles interferencias sobre la microbiota y los parámetros de calidad del embutido. Los agentes de biocontrol redujeron la producción de OTA en embutidos sin afectar al desarrollo de la microbiota beneficiosa

ni las características sensoriales. El efecto de *P. chrysogenum* se puede atribuir a la competición por nutrientes y espacio. *D. hansenii* disminuyó la abundancia de proteínas relacionadas con la biosíntesis de OTA y la integridad de la pared celular (CWI). La pared celular también es la diana del orégano. El romero disminuyó la síntesis de ergosterol y alteró la abundancia de proteínas ligadas a la CWI y a la síntesis de ergosterol y de OTA. Los resultados permiten concluir que la utilización conjunta de romero y *D. hansenii* es una estrategia prometedora para controlar el peligro de la presencia de OTA en embutidos sin afectar negativamente a la calidad del producto.

Vigilancia, prevención, diagnóstico y tratamiento de las resistencias a antibióticos β -lactámicos desde la perspectiva *One Health*

> Autora:

Lara Pérez Etayo

lpereze@unav.es

> Directores:

Ana Isabel Vitas Pemán
David González Fernández

> Centro de realización:

Facultad de Ciencias, Universidad de Navarra

> Resumen:

Esta tesis doctoral ha pretendido abordar la problemática de las resistencias antimicrobianas con una perspectiva global (estudios en entornos animal, medioambiental y humano), en consonancia con las líneas estratégicas del Plan Nacional de Resistencias a los Antibióticos (PRAN).

La vigilancia **ambiental** (entornos acuáticos del norte de España y sur de Francia) confirmó la amplia presencia de bacterias resistentes (principalmente a penicilinas y cefalosporinas) en ríos y muy especialmente en depuradoras y colectores de hospitales y mataderos. La caracterización de cepas de *E. coli* productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) aisladas en éstos y otros entornos, mostró la existencia de complejos clonales relacionados con la diseminación de genes de resistencia *bla*, la alta presencia del integrón *intl1* y de la secuencia de inserción IS26, así como la alta frecuencia

conjugativa de cepas aisladas de ambientes acuáticos. En el entorno **animal**, se puso el foco en la evaluación de un posible aditivo para piensos (caolín-plata) que permita reducir el uso de antibióticos en producción animal. La actividad mostrada frente a un amplio espectro de bacterias (incluidas bacterias multirresistentes), es un estímulo para continuar trabajando en esta posible medida preventiva. En relación a la **salud humana**, se ha optimizado un protocolo para el diagnóstico rápido de enterobacterias productoras de BLEEs del tipo *bla*CTX-M1, utilizando el equipo VITE-K®-MS RUO. En este ámbito, también se han investigado alternativas al tratamiento antibiótico de infecciones causadas por estas bacterias resistentes, confirmándose la actividad de tres bacterias ácido lácticas aisladas de animales salvajes.

Transcriptomic analysis of host-pathogen relationship in *Vibrio vulnificus*

> Autora:

Carla Hernández Cabañero

Carla.Hernandez@uv.es

> Directora:

Dra. Carmen Amaro González

> Centro de realización:

Programa de Doctorado en Biomedicina y Biotecnología, Universidad de Valencia

> Resumen:

Vibrio vulnificus es un **patógeno multi-hospedador y zoonótico**, actualmente en expansión debido al calentamiento global. Infecta humanos y peces, especialmente anguilas en piscifactorías, causando vibriosis, enfermedad cuya forma más grave es una hemorragia septicémica letal que en anguilas afecta animales sanos cultivados a más de 25°C, mientras que en humanos afecta principalmente pacientes con niveles elevados de hierro en sangre. En esta tesis se han utilizado herramientas transcriptómicas para i) **dilucidar qué mecanismos de virulencia permiten al patógeno causar septicemia en ambos hospedadores**, ii) **determinar la respuesta inmunitaria en sangre de anguila durante la infección**. Los resultados **más relevantes** demuestran que *V. vulnificus* expresa un fenotipo virulento adaptado al hospedador (envuelta celular y proteínas de membrana), dependiente de hierro y temperatura. Además, la toxina

RtxA1 de *V. vulnificus* está implicada en la generación de una tormenta de citoquinas y retrotransposones en sangre de anguila (por eritrocitos y leucocitos) relacionada con la muerte del hospedador.

Esta tesis aporta gran cantidad de datos transcriptómicos para el estudio de nuevos factores de virulencia del patógeno o el desarrollo de herramientas para prevenir brotes en piscifactorías, el mayor reservorio del patógeno y un riesgo para la acuicultura y la salud pública.

> Tesis completa:

<https://roderic.uv.es/handle/10550/72859>

New strategies for the design and development of protein antimicrobials based on phage products

➤ Autor:

Roberto Vázquez Fernández

rvazqf@gmail.com

➤ Director:

Pedro García González

➤ Centro de realización:

Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC)

Presentada en la Universidad Complutense de Madrid. Facultad de Ciencias Biológicas. Departamento de Bioquímica y Biología Molecular

➤ Resumen:

Las (endo)lisinas fágicas son enzimas codificadas por los fagos que hidrolizan el peptidoglicano, lo que provoca la lisis y muerte bacteriana. Estas endolisinas purificadas se pueden utilizar exógenamente contra bacterias, funcionando como antimicrobianos líticos y, por ello, también se denominan “enzibióticos”. En esta tesis se ha llevado a cabo una estrategia completa de diseño y desarrollo de antimicrobianos basados en lisinas fágicas, especialmente dirigidos contra patógenos Gram-negativos. En este análisis se observó la presencia generalizada de subdominios similares a péptidos antimicrobianos dentro de una subpoblación relevante de lisinas de fagos de Gram-negativas. Así, un enzibiótico candidato, denominado Pae87, se seleccionó para investigar su actividad intrínseca contra patógenos Gram-negativos, particularmente *Pseudomonas aeruginosa*, y para servir como base para el desarrollo de moléculas antimicrobianas eficientes. También se obtuvo un modelo tridimensional de esta proteína conteniendo un fragmento de peptidoglicano unido, identi-

ficándose un posible subdominio de unión a sustrato dentro del propio dominio catalítico de la proteína. El péptido mostró una potente sinergia *in vitro* cuando se usó en combinación con varios antibióticos. Finalmente, basándonos en que neumococo contiene residuos de colina que sirven de anclaje para proteínas superficiales fisiológicamente relevantes, se diseñó un polímero a base de quitosano. Dicho polímero se derivatizó con dietilaminoetanol (DEAE) que puede actuar como un análogo estructural y funcional de la colina. Así, las nanopartículas de quitosano-DEAE fueron capaces de unir enzibióticos de unión a colina, como el antineumocóculo Cpl-711, y liberarlo de forma controlada, aunque con cierto efecto citotóxico en las células eucariotas.

Mejora de la supervivencia y aptitud tecnológica de cepas industriales de *Lactococcus lactis* mediante evolución adaptativa

➤ Autora:

María Jesús López González

mjesus.lopez@unir.net

➤ Directoras:

Beatriz Martínez Fernández

Ana Rodríguez González

➤ Centro de realización:

IPLA-CSIC; defensa: Universidad de Oviedo

➤ Resumen:

Lactococcus lactis es el componente principal de los cultivos iniciadores utilizados en quesería. En esta Tesis Doctoral hemos aplicado la evolución adaptativa bajo condiciones de estrés sobre la pared celular (EA-CES) para mejorar su aptitud tecnológica. Para ello, se persiguieron los siguientes objetivos: (i) aislar mutantes de cepas industriales de *L. lactis* de distinto origen resistentes a la lactococina 972 (Lcn972), una bacteriocina que inhibe la síntesis de pared celular, (ii) realizar la caracterización fenotípica de los mutantes seleccionados y (iii) describir el fundamento molecular de las mutaciones adquiridas.

Se obtuvieron mutantes resistentes a Lcn972 con propiedades tecnológicas de interés como, por ejemplo, mayor resistencia al estrés oxidativo, sin comprometer parámetros tecnológicos esenciales para su uso como cultivo iniciador.

El análisis genómico reveló que las mutaciones más frecuentes se seleccionaban

en los genes que codifican un módulo de detección y resistencia a péptidos antimicrobianos constituido por el transportador ABC YsaDCB y el sistema de dos componentes TCS-G, no caracterizado previamente en *L. lactis*. Demostramos que el transportador YsaDCB estaba implicado en la resistencia a Lcn972 y a la bacitracina, y que las mutaciones seleccionadas eran responsables de la expresión constitutiva de este mecanismo de defensa.

La selección de diferentes fenotipos confirma la plasticidad de *L. lactis* en su adaptación al estrés sobre la pared celular y avala el uso de la EA-CES para generar diversidad funcional en *L. lactis* sin hacer uso de la tecnología del ADN recombinante.



Víctor de Lorenzo nombrado Doctor *Honoris Causa* por la Universidad Técnica de Dinamarca

La Universidad Técnica de Dinamarca (DTU) ha otorgado un doctorado *honoris causa* a nuestro colega Víctor de Lorenzo. La DTU concede dicha distinción a aquellos investigadores que tengan una relación estrecha y duradera en la que se hayan realizado labores de intercambio y colaboración en materia de investigación. El nombramiento de Víctor fue secundado por el profesor Søren Molin en base a sus contribuciones en el campo de la Biotecnología y la Microbiología Ambiental, destacando sobre todo



En la imagen los dos nuevos doctores honoris causa de la DTU. De izquierda a derecha, el profesor Sang Yup Lee, el príncipe Federico de Dinamarca, Víctor de Lorenzo y el Vicerrector de la DTU Rasmus Larsen.

sus actividades pioneras en el uso de la biología sintética para diseñar organismos capaces de resolver problemas medioambientales. Otro de los galardonados fue el profesor

coreano Sang Yup Lee, del Instituto Avanzado de Ciencias de Corea del Sur (KAIST).

¡Enhorabuena Víctor!



Publicación de reseñas de artículos para la sección “Nuestra Ciencia”

La sección «**Nuestra Ciencia**» publica reseñas de artículos científicos producidos por nuestros socios. La extensión máxima del texto es de 400 palabras y puede incluirse una imagen. Deben incluir la siguiente información: Título de la reseña,

Autor, referencia bibliográfica completa del artículo que se reseña. Si el autor lo desea puede proporcionar su email de contacto.

Envía tus reseñas a la secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o al director editorial (Manuel Sánchez, correo: m.sanchez@umh.es)

Publicación de resúmenes de Tesis Doctorales

SEM@foro publica resúmenes de Tesis Doctorales realizadas por miembros de la SEM. Deben seguir el siguiente formato: Título, Autor, Director(es), Centro de rea-

lización, Centro de presentación (si es distinto) y Resumen (máximo, 250 palabras).

Envía tus reseñas a la secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o al director editorial (Manuel Sánchez, correo: m.sanchez@umh.es)

SEM@foro se reserva el derecho a no publicar la información si el resumen es excesivamente largo o el tema del trabajo no guarda suficiente relación con la Microbiología.

Los resúmenes de tesis dirigidas por miembros de la SEM no serán publicados en esta sección. Se recomienda enviar a la sección “**Nuestra Ciencia**” un resumen de alguno de los artículos producidos por la tesis.

MAÑANA ES LA ENTREGA DEL TRABAJO DE RIZOBIOS Y NO SÉ QUÉ VAMOS A HACER.

NO TE PREOCUPES, CARSI, ANOCHÉ ME QUEDÉ HACIENDO UN JUEGO.

¿CÓMO UN JUEGO? ¿Y EL TRABAJO, RUDII?

¡EL JUEGO ES EL TRABAJO! AYÚDAME CON EL TABLERO.

¡EL JUEGO DE LA RIZOSFERA!

AH, Y ¿CÓMO SE JUEGA?

PRIMERO TIENES QUE ELEGIR TU PERSONAJE: DELFTIA SP. JD2 O BRADYRHOZIBIUM ELKANII.

ME GUSTA DELFTIA SP. JD2 CON ESE NOMBRE DE ANDROIDE DEBE TENER SÚPER PODERES.

SE LLAMA ASÍ PORQUE LA PRIMERA DELFTIA FUE DESCUBIERTA EN LA CIUDAD HOLANDESA DE DELFT. JD2 ES UNA VARIANTE URUGUAYA Y TIENE CAPACIDADES, NO "PODERES".

ENTONCES ELIJO A LA QUE TIENE NOMBRE DE GUERRERA... "BRADY NO SÉ QUÉ"

¡EXCELENTE ELECCIÓN, CARSI! BRADYRHOZIBIUM ELKANII CAPTURA EL NITRÓGENO DE LA ATMÓSFERA PARA AYUDAR AL CRECIMIENTO DE LAS LEGUMINOSAS, COMO LA SOJA.

PARA ESO DEBE LLEGAR A LA RIZOSFERA DE LA PLANTA DE SOJA, GUIADA POR LOS FLAVONOIDES.

SAQUÉ EL FLAVONOIDE LUTEOLINA...

¡FLAVONOIDE INCORRECTO! AHORA ME TOCA A MÍ MOVER A DELFTIA.

¿YA TERMINÓ MI TURNO? ¡QUÉ JUEGO MÁS ABURRIDO!

DELFTIA TIENE LA CAPACIDAD DE REDUCIR ALGUNOS METALES PESADOS. Y YO SAQUÉ LA TARJETA DE CROMO HEXAVALENTE.

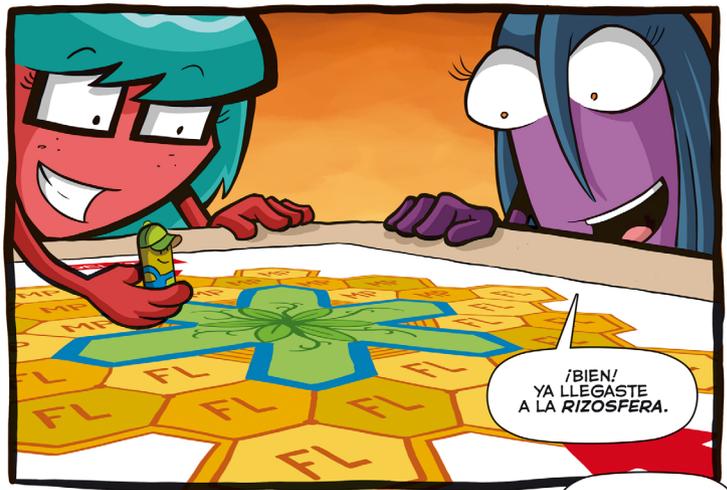
¡AVANZO UNA CELDA!

¿EH?

Y VOLVÍ A SACAR CROMO HEXAVALENTE, ASÍ QUE AVANZO HASTA LA RIZOSFERA.

¡NO VALE! ¿POR QUÉ VAS TAN RÁPIDO?

ES EL AZAR. TE TOCA MOVER.



* NOTA: DELFTIA SP. JD2 PROMUEVE EL CRECIMIENTO VEGETAL CUANDO HAY NITRÓGENO DISPONIBLE PARA LA PLANTA, SEA AGREGADO (FERTILIZACIÓN) O FIJADO DEL AIRE (POR BRADYRHIZOBIUM).



Universidad
de Jaén

XXII Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos



Jaén, 12-15 de septiembre de 2022

Os recordamos que el **XXII Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos** (XXII CMA2020) ha vuelto de nuevo a ponerse en marcha tras el parón obligado durante el año 2020 y tendrá lugar en la **Universidad de Jaén** (Jaén) del **12 al 15 de septiembre de 2022**. Es la reunión bianual del Grupo Especializado de Microbiología de los Alimentos y en esta ocasión sigue organizado desde una perspectiva global e inclusiva, inspirada en el enfoque "One Health", cuya gran relevancia hemos comprobado más que nunca durante estos dos últimos años. Estamos deseando volver a reencontrarnos y discutir nuestra ciencia cara a cara, disfrutando de la compañía y de los entornos y manjares que la vida microbiana nos brinda.

<https://www.webcongreso.com/xxiicma2020>

FECHAS IMPORTANTES

- Hasta el **20 de mayo de 2022** para la **recepción de resúmenes**.
- Hasta el **3 de junio** para la **información de aceptación de comunicaciones**.
- Hasta el **17 de junio** para la **inscripción con cuota reducida**.
- Hasta el **30 de junio** para las **comunicaciones completas**.
- Antes del **11 de julio** se designarán las comunicaciones escogidas para **oral**.
- Hasta el **2 de septiembre** para las **últimas inscripciones**.

¡Os esperamos en Jaén!



**Microbiología
de los Alimentos**

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA



Programa preliminar

Jueves 14 de julio de 2022: Comunicación de la ciencia

- 9:30.** Inauguración: **Antonio Ventosa**, Presidente SEM
- 10:00-11:30.** **Workshop 1. Comunicación de la ciencia a los científicos.**
Moderadora: Inmaculada Llamas
- 12:00-13:00.** **Workshop 2. Comunicación de la ciencia a los organismos financiadores.**
Moderador: Óscar Zaragoza

Comida

- 14:30-16:00.** **Mesa redonda 1. Comunicación de la ciencia a la sociedad.**
Moderadora: Malema Martínez Cañamero
- 16:00-17:30.** **Mesa redonda 2: Contribución de la microbiología a los objetivos de Desarrollo Sostenible.**
Moderadora: Asunción de los Ríos
- 17:30.** **Asamblea del Grupo Especializado e Docencia y Difusión de la Microbiología**
- 18:30-20:00.** *Beer Poster Session*

Viernes, 15 de julio de 2022: Docencia de la Microbiología

- 9:30-10:30.** **Mesa Redonda 3. La Microbiología en el *currículum* de Enseñanza superior.**
Moderadora: Kika Colom
- 11:00-12:30.** **Mesa Redonda 4. La Microbiología en el *currículum* de enseñanza Secundaria/Bachillerato.**
Moderadora: Pilar Calvo
- 12:30-13:30.** **Mesa Redonda 5. Estrategias de enseñanza activa: Ciencia ciudadana y Aprendizaje-Servicio.**
Moderadores: Víctor J. Cid y M^a José Valderrama
- 16:30.** **Sesión Plenaria: *Kenneth Timmis*: The Microbiology Curriculum in Education**
- 17:30.** Presentaciones orales y Talleres prácticos
- 19:00.** Clausura y entrega de Premios

22-23 Septiembre 2022



**UNIVERSIDAD
DE GRANADA**

XIII Reunión Científica del Grupo de Microbiología del Medio Acuático de la SEM



Granada
Centro de convenciones Casa Zayas



**Microbiología
del Medio
Acuático**
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

+info e inscripciones
granadacongresos.com/xiiimma