

SEM@foro

Revista de la Sociedad Española de Microbiología

DICIEMBRE 2012

N.º 54



Especial Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad

**Sociedades hermanas:
ARGENTINA**

Pág. 14

**Identificación de
«*S. pneumoniae*»**

por Ernesto García López

Pág. 36

**Taxonomía de los Hongos
Patógenos**

por Ana Alastruey Izquierdo

Pág. 45

Junta Directiva de la SEM

Presidente

Ricard Guerrero Moreno

Dpto. Microbiología. Facultad de Biología. Universidad de Barcelona.
Avda. Diagonal, 645. 08028 Barcelona.
rguerrero@iec.cat

Vice-Presidente

Francisco García del Portillo

Centro Nacional de Biotecnología. CSIC.
C/Darwin, 3. Campus Universidad Autónoma.
28049 Madrid.
fgportillo@cnb.csic.es

Secretario

Humberto Martín Brieva

Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense. 28040 Madrid.
humberto@farm.ucm.es

Secretario electo

Juan Alfonso Ayala Serrano

Centro Biología Molecular Severo Ochoa. CSIC.
C/ Nicolás Cabrera, 1.
Campus Universidad Autónoma. 28049 Madrid.
jayala@cbm.uam.es

Tesorerera

Irma Marín Palma

Departamento de Biología Molecular
Universidad Autónoma de Madrid
Cantoblanco, 28049 Madrid.
imarín@cbm.uam.es

Editores de publicaciones

International Microbiology

Carlos Pedrós-Alió

Centre Mediterrani d'Investigacions Marines i Ambientals (CMIMA). CSIC. Passeig Marítim de la Barceloneta, 37-49. E-08003 Barcelona.

SEM@foro

Víctor Jiménez Cid

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

NoticiaSEM

Emilia Quesada Arroquia

Dpto. Microbiología Molecular Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC.
C/Ramiro de Maeztu, 9. 28040 Madrid.
rgiraldo@cib.csic.es

Directora de la Colección Española de Cultivos Tipo

Rosa Aznar Novella

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

Responsable Cursos de Formación Continua on-line

Diego Alejandro Moreno Gómez

Dpto. de Ingeniería y Ciencia de los Materiales.
ETS Ingenieros Industriales.
Universidad Politécnica de Madrid.
José Gutiérrez Abascal, 2. E-28006 Madrid.

Vocales

Jordi Barbé García

Dpto. Genética y Microbiología.
Facultad de Biociencias.
Universidad Autónoma de Barcelona. Bellaterra,
08290 - Barcelona. Jordi.Barbe@uab.cat

Jesús López Romalde

Dpto. Microbiología y Parasitología.
Facultad de Farmacia. 15706 Santiago de Compostela. (A
Coruña). mpromald@usc.es

Emilia Quesada Arroquia

Departamento de Microbiología.
Facultad de Farmacia. Campus de Cartuja,
18071 Granada.
equesada@ugr.es

Joaquín Moreno Casco

Dpto. Biología Aplicada. E.P.S.
Universidad de Almería.
04120 La Cañada de San Urbano. Almería.
jcasco@ual.es

Diego A. Moreno Gómez

Dpto. Ing. CC. Materiales. E.T.S.
Ingenieros Industriales. UPM.
C/ José Gutiérrez Abascal, 2. 28006 Madrid.
diego.moreno@upm.es

David Rodríguez Lázaro

Grupo Tecnología y Seguridad Alimentaria.
ITACyL. Carretera de Burgos, Km.119
47071 Valladolid.
ita-rodla@itacyl.es

Presidentes de Grupos

Biodeterioro y Biodegradación

Asunción de los Ríos Murillo

Instituto de Recursos Naturales.
Centro de Ciencias Medioambientales, CSIC.
Serrano 115 dpdo. 28006 Madrid.
arios@ccma.csic.es

Hongos Filamentosos y Levaduras (Micología)

Amparo Querol Simón

Departamento de Biotecnología de los Alimentos
Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos.-46100 Burjassot, Valencia
aquerol@iata.csic.es

Biología de Microorganismos Patógenos

Ángel Domínguez Olavarri

Departamento de Microbiología y Genética.
Universidad de Salamanca. E-37007 Salamanca.
ado@usal.es

Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

Tomás González Villa

Dpto. Microbiología y Parasitología.
Facultad de Farmacia.
15782 Santiago de Compostela.
tomas.gonzalez@usc.es

Microbiología de los Alimentos

Francisco Javier Carballo García

Área de Tecnología de los Alimentos.
Facultad de Ciencias de Ourense.
Campus Universitario, s/n. Universidad de Vigo.
32004 Vigo.
carbatec@uvigo.es

Microbiología Molecular

María Molina Martín

Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia.
Universidad Complutense de Madrid.
Plaza de Ramón y Cajal s/n.
28040 Madrid.
molmifa@farm.ucm.es

Microbiología del Medio Acuático

Juan José Borrego García

Dpto. Microbiología. Facultad de Ciencias.
Campus Universitario Teatinos.
29071 Málaga.
jjborrego@uma.es

Microbiología de Plantas

Antonio de Vicente Moreno

Dpto. de Microbiología. Facultad de Ciencias. IHSM-UMA-CSIC.
Campus de Teatinos. Universidad de Málaga.
28071 Málaga.
adevicente@uma.es

Protistología

Ana Martín-González

Dpto. Microbiología-III, Facultad de Biología.
Universidad Complutense (UCM).
C/ José Antonio Novais, 2. 28040 Madrid (Spain).
anamarti@bio.ucm.es

Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad

Antonio Ventosa Utero

Dpto. Microbiología. Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla.
C/ Prof. García González, s/n
41012 Sevilla.
ventosa@us.es

Docencia y Difusión de la Microbiología

Montserrat Llagostera Casas

Dpto. de Genética i de Microbiologia.
Universitat Autònoma de Barcelona. E-08193
Cerdanyola del Vallès (Barcelona).
Montserrat.llagostera@uab.es

Grupo de divulgación D+D

Guillermo Quindós, Universidad del País Vasco.
Ignacio López Goñi, Universidad de Navarra.
Alfonso V. Carrascosa, CSIC.
Hortensia Rico, Universidad de Valencia.
Manuel Sánchez Angulo, Universidad Miguel Hernández.
María del Rosario Espuny Gómez, Universidad de Sevilla
María Teresa Tejedor Junco, Universidad de Las Palmas de Gran Canaria

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

Director: **Victor Jiménez Cid**. E-mail: vicjid@farm.ucm.es

Departamento de Microbiología II. Facultad de Farmacia. Plaza de Ramón y Cajal, s/n. Universidad Complutense. 28040 Madrid.
Editores del Número Especial Filogenia, Taxonomía y Diversidad: **David Ruiz Arahál, Jordi Lalucat y Antonio Ventosa**.
Webmaster de la SEM: **Jordi Urmeneta Masó**. E-mail: jurmeneta@ub.edu

Departamento de Microbiología. Facultad de Biología. Universidad de Barcelona. Avda. Diagonal, 645. E-08028 Barcelona.
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 (Actualidad SEM): 36180-1986

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/SEMaFORO

SUMARIO

SEM@foro

Anteriormente

Actualidad SEM



Visite la página web
de la SEM:

www.sem microbiologia.org

Encontrará información
actualizada sobre
congresos, reuniones,
cursos y becas

**Socios protectores
de la SEM:**

Francisco Soria Melguizo, S.A.



Fundación Medina



VIAJES

El Corte Inglés

Para solicitar más información,
inscripciones o publicidad,
diríjase a la Secretaría de la

**Sociedad Española
de Microbiología**

Vitruvio, 8 - 28006 Madrid
Tel.: 915 613 381
Fax: 915 613 299

secretaria.sem@sem microbiologia.org

Fotografía de la portada

Colonias aisladas en agar mediante el uso de Placas Rodac para el control microbiológico de las superficies internas de cámaras frigoríficas.

Autora: Hortensia Rico (Universidad de Valencia)

Editorial

Microbiología y lengua: el papel de los diccionarios, y diccionarios sin papel 2
Ricardo Guerrero

SEMántica

Aprendamos a escribir (y a leer) artículos científicos 4
Mercè Piqueras

Nuestros grupos

Informes de los Grupos Especializados 6

Colección Española de Cultivos Tipo

Novedades de la CECT desde su traslado al Parque Científico de la Universidad de Valencia en 2011 7

Microrreportajes

Microbioma 10

Las patentes biotecnológicas como indicador de la gestión de la inversión en I+D 11

Inauguración del Instituto de Biología Funcional y Genómica CSIC-Universidad de Salamanca 12

Emprendedores por el desarrollo. Sinergia entre Científicos y Empresarios 13

Sociedades hermanas

Historia de la Asociación Argentina de Microbiología 14
María Isabel G. Fernández

Congresos

Extremophiles 2012 17

I Reunión del grupo de Docencia y Difusión (D+D SEM) 19

IX Congreso del Grupo de Microbiología del Medio Acuático 21

VIII Reunión del Grupo Especializado de Protistología 22

IV Congreso del Grupo Especializado en Biología de los Microorganismos Patógenos 23

XVIII Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos 25

XI Congreso Nacional de Micología 28

IV Congreso de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'12) 30

IX Reunión del Grupo especializado en Microbiología Molecular 31

Artículos

«Microvida. Más allá del ojo humano» Divulgación y difusión 32
Rubén Duro

Problemas actuales en la identificación clínica de *Streptococcus pneumoniae* 36
Ernesto García López

Taxonomía de los hongos patógenos humanos 45
Ana Alastruey-Izquierdo

Especial «Taxonomía, Filogenia y Diversidad»

Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad de la SEM 50

Nuevas bacterias, nuevas metodologías, nuevos servicios: la I+D en la CECT 51

Grupo de genética de poblaciones bacterianas y filogenia molecular 54

Diagnóstico, identificación y caracterización molecular de patógenos bacterianos de origen animal 56

Genómica y metagenómica en taxonomía y diversidad bacterianas: aportaciones desde Baleares 58

Metagenómica del microbioma intestinal humano 61

Bacterias halófilas: biodiversidad, quorum sensing y aplicaciones biotecnológicas 63

Taxonomía de microorganismos de moluscos y peces 65

Metagenómica y biodiversidad de ambientes extremos 68

Nuestra ciencia

Reseñas de artículos científicos de nuestros socios 71

Tesis doctorales

Resúmenes de tesis doctorales 74

Cartas al presidente

Gemma Reguera 80

www.sem microbiologia.org

Microbiología y lengua: el papel de los diccionarios, y diccionarios sin papel

Ricardo Guerrero.
Presidente de la SEM

«What's in a name? That which we call a rose / by any other name would smell as sweet», se pregunta e inmediatamente responde la enamorada Julieta en la tragedia de Shakespeare (*Romeo and Juliet*, II, ii, 1-2). ¿Las palabras hacen las cosas, o son primero las cosas y después se les atribuye una palabra? Evidentemente, la cosa existe primero, y es independiente de cómo la llamemos. Por eso, una misma cosa suele tener un nombre diferente en cada lengua que utilicemos. Nuestra ciencia se llama microbiología, pero también *microbiology*, *microbiologie*, o *Mikrobiologie*, y es la misma cosa. En este caso, parece fácil saber qué significan todas ellas. En cambio, si no se conocen las lenguas respectivas, difícilmente se identificará que *matraz*, *flask*, *ballon* o *Kolben* designan el mismo objeto. E, incluso, palabras que no cambian por escrito, como *virus*, se pronuncian de manera claramente distinta en diversas lenguas.

Hasta mediados del siglo xx, los métodos de diagnóstico y terapia de diversas enfermedades servían a lo largo de los años. La terminología aprendida en la universidad era válida durante muchas décadas, y los profesionales de las ciencias de la vida y de la salud, en nuestro caso, no tenían necesidad de aprender nuevas técnicas, nuevos conceptos o nuevas palabras. Sin embargo, a partir de los años 50 del pasado siglo, esas ciencias han experimentado grandes cambios. Los constantes descubrimientos científicos y la mejora de las técnicas de diagnóstico, el desarrollo de nuevos fármacos, los avances de la genética, la biología molecular y la microbiología han cambiado la biomedicina de manera radical. Se han modificado conceptos previamente básicos, cuando no han quedado arrinconados. Junto con otras especialidades, la nuestra, la microbiología, cada vez está más impregnada e interrelacionada con otras disciplinas antes lejanas, como la bioquímica, la informática, la física o la estadística.

Estos cambios se reflejan también en el lenguaje microbiológico. Por una parte, en la terminología que genera el desarrollo científico y tecnológico; por otra, en la evolución del significado de algunos términos tradicionales, causada por los cambios en los mismos conceptos que representan. Los profesionales suelen recibir la información primaria a través de revistas científicas, publicadas en su mayor parte en inglés. También suelen estar en inglés los comunicados de prensa que dichas revistas envían a los medios de comu-

nicación. Todo ello contribuye a una penetración de aquella lengua en el lenguaje de nuestros profesionales y comunicadores. Y esa penetración se realiza en dos campos: en la terminología y en la propia estructura de la lengua, que va adoptando la del inglés. En relación con la terminología, la invasión, desplazamiento y sustitución se producen de diversas maneras: a veces se adopta el término original, sin intentar siquiera buscar un equivalente en español; otras, se usa un término en español que no es el adecuado, principalmente por su parecido con el término original inglés (es lo que se conoce como «falsos amigos» [*Actualidad SEM*, 2001, 31:36]). También sucede que, al crear un término español completamente diferente, acabe desvirtuándose el sentido original.

En nuestros años escolares era frecuente consultar diccionarios de la lengua, no solamente para saber cómo se escribía una palabra, sino también para comprobar si su significado (perfecta y sucintamente explicado en las distintas acepciones que nos ofrecía el libro) se correspondía con el que queríamos darle, o habíamos encontrado. Después, muchos seguimos practicando ese sano vicio, y pasamos a consultar diccionarios temáticos o especializados de distintos campos. Los diccionarios y las enciclopedias se fueron haciendo más voluminosos (en cuanto al número de páginas y en cuanto al número de volúmenes de una determinada obra), tal vez difíciles de manejar pero seguro difíciles de transportar.

Esto está resuelto ahora. Los mejores diccionarios tienen su versión digital, que podemos archivar en nuestro ordenador o consultar a través de cualquier dispositivo conectado a Internet, como las tabletas (*tablets*) o los móviles «inteligentes» (*smartphones*), que transportamos con nosotros. No importa el vehículo, lo que importa es el contenido. Los diccionarios siguen desempeñando un papel esencial en el cuidado y mejora de la lengua propia, pero no necesitan ya estar en papel.

Por su utilidad para nuestra especialidad, podemos recomendar dos obras que nos facilitarán el trabajo, corregirán errores frecuentes y enseñarán a utilizar un lenguaje más exacto y genuino. El *Diccionario de términos médicos*, publicado por la Real Academia Nacional de Medicina (Panamericana, 2011) es una obra colectiva que contiene

51.727 entradas, 25.435 sinónimos y variantes, información etimológica de 6.672 términos, 27.000 observaciones lingüísticas, técnicas, etc., amén de la traducción al inglés de los términos. Dispone también de una versión de consulta en línea y de acceso electrónico adaptado a móviles, tabletas, etc. Además, tenemos que recomendar una de las agujas de marear más útiles que existen para singlar por los procelosos mares de la traducción, la comprensión y la adecuación de dos lenguas dispares (pero no tan alejadas, especialmente cuando se trata del lenguaje científico): el inglés y el español. Es el *Diccionario crítico de dudas inglés-español de medicina*, obra del médico y lingüista Fernando Navarro (McGraw-Hill/Interamericana, 1.ª edición de 2000, y 2.ª de 2005; camino de la 3.ª). Es una obra inmensa, completa y detallada (1.134 páginas) de uno de los máximos especialistas españoles en cuestiones de traducción y lenguaje médicos, un diccionario completo de dudas que

incluye más de 40.000 palabras y expresiones inglesas de traducción difícil o engañosa. Constituye una obra de referencia para las ciencias de la vida y de la salud, y es un apoyo imprescindible para médicos, farmacéuticos, biólogos, traductores especializados y redactores científicos.

Tenemos que hablar, y no solamente con la lengua, sino sobre la lengua, ese tesoro que comparten ricos y pobres, cultos y legos. Y para ello, iniciamos en este número de SEM@foro (ver página 4) una nueva sección, continuación del ya lejano «Rincón de la lengua» (2001 a 2007), de nuestra anterior *Actualidad SEM*, y ahora desde la perspectiva de nuestra revista *International Microbiology*. En esta revista en inglés, sus sufridos «editores» tienen que corregir más de un desaguizado y tratar de convencer a los autores de que la calidad en el lenguaje aumenta la posibilidad de aceptación y difusión de los resultados experimentales. Generalmente lo consiguen; «lo bien hecho, bien parece».

Sobre Sociedades y socios

Estimados colegas y amigos, me atrevo a escribir unas pocas palabras en calidad de **Vicepresidente de la SEM y embajador de la Sociedad Americana de Microbiología (ASM)**. Ambas Sociedades, cuyo objetivo común es el fomento y difusión de la disciplina de la Microbiología en todos sus ámbitos, constituyen foros de referencia de los que no podemos estar excluidos. Un buen amigo mío me comentó hace poco que «hay demasiadas Sociedades, esto es contraproducente para el desarrollo de la Ciencia y más en tiempos de crisis...» En esta línea, os pediría una reflexión sobre si, estando en esa coyuntura de elegir, no debe uno quedarse con aquellas de amplio contenido de conocimiento y número apreciable de socios como son la SEM y la ASM. Beneficios patentes de pertenecer a estas Sociedades incluyen la obtención de ayudas para estudiantes e investigadores tanto para asistencias a Congresos como para estancias de corta duración en laboratorios extranjeros e intercambio de personal. Ambas Sociedades están también realizando un esfuerzo muy destacable en diferentes aspectos relacionados con la docencia de la Microbiología. La ASM, consciente de la fuerza de nuestro idioma en su país y en el mundo actual, también apuesta por financiar instrumentos de docencia en español, lo cual sin duda significa un punto más de encuentro entre SEM y ASM. Esta vía de enlace está siendo también fortalecida con iniciativas que miran a Iberoamérica. Otra de las grandes ventajas de ser «socio» es la posibilidad de conocer a microbiólogos destacados en las diferentes áreas de esta disciplina cuyos nombres nos suenan de la reiterada lectura de sus trabajos científicos. La asistencia a las reuniones que ambas Sociedades organizan regularmente constituye la vía lógica de enriquecerse como investigador y docente de la Microbiología. En estos tiempos de penuria económica cabe advertir que ser «socio» no es gratis, pero que la cuota de pertenencia a estas Sociedades significa sin duda una buena inversión que augura una gran recompensa.

Francisco García del Portillo

Vicepresidente de la SEM



Aprendamos a escribir (y a leer) artículos científicos

Mercè Piqueras.

Associate Editor, International Microbiology

Iniciamos una serie de contribuciones que pueden considerarse la continuación de las que se publicaron en *Actualidad SEM* en la sección «El rincón de la lengua» desde 2001 a 2007 [*Actualidad SEM* 31:36; 33:33-35; 34:26-27; 35:24-25; 36:24-25; 40:36; 43:32-33]. Aquí se tratarán también aspectos sobre el uso correcto de la lengua escrita, pero con un enfoque más aplicado a la preparación de artículos científicos. Los programas de las carreras universitarias de ciencias no suelen incluir enseñanzas de aspectos prácticos que los jóvenes investigadores han de aprender luego por su cuenta, como son redactar un artículo científico o la solicitud de una beca o un proyecto, o preparar una conferencia o una clase. La experiencia de gestión de artículos de la revista de la SEM (primero *Microbiología SEM* y, a partir de 1998, *International Microbiology*) me permite constatar dicha falta de preparación.

El trabajo de investigación no termina con la obtención de unos resultados experimentales satisfactorios. Para que sea reconocido, hay que publicar artículos que describan los experimentos realizados, los resultados obtenidos, su interpretación y las conclusiones que se derivan. Antes de su publicación, los artículos deben ser validados por personas con experiencia en el campo correspondiente. Es el proceso conocido como *peer review*; en español, revisión por expertos o por pares (no porque sean dos, que a veces son más, sino porque se trata de «iguales» en cuanto a profesión, personas que conocen bien el ámbito de investigación del trabajo que revisan).

La calidad del trabajo descrito en un artículo no es suficiente para que sea aceptado por una revista. Las publicaciones con factor de impacto más alto, en las que todo investigador o investigadora desea ver sus artículos, tienen índices muy bajos de aceptación de originales, en algunas no llegan al 10% de los que reciben. Muchas veces el rechazo no se debe a una calidad deficiente del contenido, sino a la presentación inadecuada del trabajo.

Los artículos científicos suelen tener una estructura semejante en la mayoría de revistas: título, resumen, introducción, material y métodos, resultado, discusión y bibliografía. La mayoría contienen, dentro de algunas de estas secciones, tablas y figuras. Después del resumen suele haber las palabras clave, que facilitan la búsqueda del artículo en las bases de datos. Y antes de la bibliografía suelen ponerse los agradecimientos a las entidades que han subvencionado el trabajo o a las personas que han ayudado de alguna manera, sin haber desempeñado un papel tan significativo como los autores; por ejemplo, cediendo muestras para un estudio, comentando los resultados o el borrador del artículo o realizando una revisión lingüística. Actualmente muchas revistas incluyen también una

frase o párrafo donde se indica que no existe ningún conflicto de interés por parte de los autores o que, por el contrario, sí que lo hay (por ejemplo, si la investigación ha sido subvencionada por una empresa relacionada con el tema del artículo).

En un artículo, cada componente o sección cumple una función. El título y el resumen, que aparentemente no son importantes, pueden contribuir al «éxito» del artículo; un éxito que suele medirse (sea correcto o no) por el número de citas que el artículo recibe en otros trabajos. Pero para citar un artículo, hay que haberlo leído antes y la lectura puede depender de la impresión que causen el título y el resumen. La búsqueda en bases de datos como Pubmed o Google académico, a las que suele recurrirse para buscar bibliografía, puede ofrecer centenares de artículos, incluso miles. Un título que refleje de manera inequívoca el contenido tiene más posibilidades que otro que sea impreciso o muy genérico. Por ejemplo, el título «Identification of virulence markers in clinically relevant strains of *Acinetobacter* genospecies» es mucho más explícito e informativo que «Virulence markers in *Acinetobacter*».

En cuanto al resumen, debe describir el objetivo del trabajo, cómo se llevó a cabo, qué resultados se obtuvieron (sin detallarlos) y qué conclusiones se sacaron. Tiene que ser un texto muy breve (muchas revistas lo limitan a 200 o 250 palabras o incluso menos), sencillo, con las palabras adecuadas y de comprensión fácil, que permita captar el contenido y el alcance del trabajo realizado. A continuación se indican unas recomendaciones para su preparación, adecuadas para cualquier tipo de lengua en la que se escriba el artículo. Las primeras son recomendaciones en positivo, lo que **debería hacerse**:

- Léase el artículo atentamente, si es necesario, dos o tres veces, para captar las ideas principales. Aunque escriba el resumen la misma persona que ha escrito el artículo, no siempre es fácil decidir las ideas del texto que conviene destacar.
- Márquese de manera visible los puntos donde se encuentra la información más significativa del texto. Tras una lectura atenta es más fácil percibir que hay partes del texto más relevantes y que otras —a veces párrafos enteros— pueden suprimirse sin que se pierda la información básica del artículo.
- Redáctese un primer borrador a partir de los fragmentos que se han marcado en el texto, pero intentando expresar las mismas ideas con otras palabras, sin copiar las frases originales (aunque es lo que hace mucha gente).

- Repáse el texto escrito y quítese todo lo que no sea necesario, como «el artículo, en su primer párrafo explica...», «creemos que...» (un resumen no tiene que ser un escrito subjetivo), «en resumen, el artículo estudia...», «conviene destacar que este trabajo...».
- Si el resumen redactado supera el número máximo de palabras o espacios que indica la publicación a la que se quiere presentar el artículo, habrá que buscar expresiones más breves o incluso palabras más cortas, si lo que cuenta son los espacios. Por ejemplo, expresiones del tipo «se tomó un gran número de muestras» puede substituirse por «se tomaron muchas muestras» (aunque mejor sería indicar el número exacto de muestras); «plantas, algas, cianobacterias y el resto de organismos autótrofos» por «los organismos autótrofos».
- Comprobar que se ha usado el tiempo verbal adecuado: el presente para el conocimiento establecido («coastal wetlands contribute to nitrogen removal by denitrification») y el pasado para describir el trabajo que se ha hecho y los resultados hallados («there was a significant correlation between total bacterial counts and temperature...»)

A continuación lo que **no debería hacerse**. Un resumen no tiene que...

- ...ser un texto largo (consúltese la extensión máxima en las normas para los autores que da la revista a la cual se piensa enviar el artículo).

- ...ser tan breve que no contenga la información básica para comprender el alcance del trabajo descrito en el artículo. Si, por ejemplo, el artículo describe una nueva técnica para aislar un determinado microorganismo, el resumen ha de indicar, sin necesidad de entrar en detalles, en qué consiste dicha técnica.
- ...contener información o conclusiones que no aparezcan en el artículo, aunque sean ciertas.
- ...incluir referencias, excepto en casos muy especiales y siguiendo el criterio de la revista.

Antes de preparar el artículo y cuando se ha decidido a qué revista enviarlo, conviene leer las instrucciones a los autores que todas las publicaciones incluyen en la propia revista o en su sitio web. Asimismo conviene leer artículos recientes de dicha revista y fijarse en detalles que quizás en una primera lectura pasen desapercibidos, como la disposición de las tablas, el uso de mayúsculas o minúsculas para marcar las secciones en que se divide una (A, B, C, etc. o , b, c, d, etc.), o si los pies de figura terminan o no con un punto final. Parafraseando el refrán «cada maestrillo, su librito», podríamos decir que «cada revista, sus normas». Es posible que algunas de las que aquí se han indicado no coincidan con las de muchas revistas. Ni que la opinión de la autora de esta sección sea compartida por muchos lectores. Pero si alguien encuentra útiles las recomendaciones que se irán publicando en números sucesivos, ella se dará por satisfecha.



RELATOS MICROSCÓPICOS

I CONCURSO CIENTÍFICO-LITERARIO DE NARRACIÓN CORTA SEM

Dirigido a socios de la SEM

Convocado por el Grupo de Difusión y Docencia de la Sociedad Española de Microbiología (D+D SEM)

Escritos en castellano, con una extensión entre 5 y 7 páginas, por una sola cara, en Times New Roman 12 puntos, a un espacio y medio, con unos márgenes mínimos de 2,5 cm.

Deberán tener como principal objetivo la divulgación del conocimiento científico relacionado con la Microbiología

Los tres relatos premiados recibirán inscripción gratuita al XXIV Congreso de Microbiología SEM y serán publicados



Bases disponibles en www.semicrobiologia.org

Plazo de entrega de manuscritos:
hasta el 31 de enero de 2013 inclusive

Con la colaboración de:
editorial

Wélice

BIOLOGÍA DE MICROORGANISMOS PATÓGENOS

MICROBIOLOGÍA MOLECULAR

Ángel Domínguez.
Presidente



María Molina.
Presidenta



El grupo especializado de Biología de Microorganismos Patógenos celebró su IV Congreso del 5-7 de julio 2012 en Badajoz. Al Congreso, organizado por el Prof. Germán Larriba y el Área de Microbiología de la Universidad de Extremadura asistieron más de 80 investigadores de todas las regiones españolas. Tanto las sesiones orales como las de carteles tuvieron un gran éxito acompañado de amplios debates científicos. Se realizó una reunión de la junta directiva en la que se decidió celebrar una próxima reunión en Barcelona durante el último trimestre de este año para definir nuevos objetivos del grupo y concretar las fechas y ubicación del próximo congreso. También el grupo colaboró a en la organización del SMYTE30 (*Small Meeting on Yeast Transport and Energetics*), congreso internacional que se celebra anualmente y que este año se desarrolló en Salamanca del 9 al 12 de julio de 2012. Al mismo asistieron 72 científicos de todo el mundo.

La asamblea ordinaria del grupo se celebró en Palma de Mallorca el 14 de noviembre durante la IX Reunión del grupo de Microbiología Molecular. En el resumen que aparece en este mismo ejemplar (página 31), el organizador de esta excelente reunión, José Antonio Bengoechea, resume las actividades científicas desarrolladas durante las sesiones celebradas, la concesión de premios a las mejores comunicaciones orales y en póster, así como la entrega del II Premio Biomedal. Nuestra enhorabuena por la magnífica organización. En la asamblea, se decidió destacar expresamente a través de SEM@ foro la importancia del apoyo e interés por la investigación en Microbiología Molecular de la empresa biotecnológica Biomedal SL tanto a través de su Director General Ángel Cebolla como de su Directora Comercial Elena Rivas que asistió a la reunión y entregó el premio financiado por la empresa. En tiempos difíciles para la actividad científica tanto en el sector público como empresarial es muy reconfortante encontrar este apoyo. En la asamblea también se decidió realizar la próxima Reunión del grupo en Madrid, encargándose de la organización José Berenguer de la Universidad Autónoma de Madrid con el apoyo de Juan Ayala y Felipe Cava del CBM, y por Bruno González-Zorn y yo misma de la Universidad Complutense.

NÚMERO 54

6

SEM@FORO

COLILOQUIO by Víctor



DIC. 2012

Novedades de la CECT desde su traslado al Parque Científico de la Universidad de Valencia en 2011

Esperanza Garay.

Colección Española de Cultivos Tipo (CECT)
y Departamento de Microbiología y Ecología, Universidad de Valencia



De izquierda a derecha: José López, Adrián Vila, Ana Igual, Begoña Camacho, Beatriz Pinto, Laura López, Rosa Giménez, David Ruiz, Esperanza Garay, M.ª Carmen Macián, M.ª José Ros, M.ª Jesús Pujalte, Amparo Ruvira, Jordi Cerveró, Aurora Zuzuáregui, Eva Tarazona, Teresa Lucena y Rosa Aznar.

AMPLIACIÓN DE ESPACIOS

En 2012, la CECT ha conseguido aproximadamente 200 m² más en el edificio que ahora ocupa en el Parque Científico de la Universidad de Valencia gracias a una petición al MICINN en 2011 basándose en la necesidad de ampliar sus instalaciones para poder ofertar nuevos servicios y cursos, así como desarrollar investigación propia. Dicha petición fue concedida y desde octubre se dispone de los nuevos espacios contiguos a los ya existentes. Con ello, la CECT ocupa ahora una superficie total de aproximadamente 800 m² en la planta baja del edificio 3 CUE que está en la zona empresarial donde se ubican diferentes empresas biotecnológicas con las que se buscan sinergias y colaboraciones.

PERSONAL. NUEVA DIRECCIÓN

En 2012 el personal de la CECT incluye 4 profesores del Departamento de Microbiología y Ecología y 13 técnicos. Dicho personal está involucrado en las tareas propias de la colección, en el sistema de gestión de la calidad y en investigación, como corresponde a un Centro de Recursos

NUEVA DIRECCIÓN



La Dra. Rosa Aznar es la nueva Directora de la CECT.

Microbianos según las directrices de la OCDE (www.wfcc.info/pdf/OECD_Centres.pdf). Lamentablemente, tan sólo cuenta entre sus técnicos con una persona de plantilla, estando el resto contratado a cargo de la propia CECT, o de proyectos o de la Universidad de Valencia, lo que supone una constante incertidumbre sobre su estabilidad y la continuidad de los servicios especializados que se prestan.



Instalaciones del laboratorio de procariotas de la CECT.

En septiembre se ha producido el relevo en la dirección, que recaía desde 2004 en Esperanza Garay. La nueva Directora, Rosa Aznar Novella, es Catedrática de Microbiología y posee un excelente CV en el campo agroalimentario. Su trayectoria investigadora se ha centrado en el desarrollo y aplicación de técnicas de PCR en la identificación y detección de microorganismos (bacterias, hongos y virus) cubriendo aspectos de calidad, seguridad y funcionalidad de alimentos. Se trata de un campo con grandes posibilidades para explotar la gran diversidad que ofrecen los recursos microbianos alojados en las Colecciones de Cultivo así como para la aplicación de las técnicas de identificación y autenticación de bacterias, levaduras y hongos continuamente en desarrollo en la CECT.



Edificio 3CUE del Parc Científic de la Universitat de València, donde se ubica la CECT.

SERVICIOS

Además de los servicios de identificación basados en pruebas fenotípicas clásicas y análisis de secuencias génicas en bacterias y hongos, la CECT ofrece nuevos servicios relacionados con la identificación de bacterias y arqueas: análisis de la composición de ácidos grasos (sistema MIDI) y análisis de proteínas totales por espectrometría de masas MALDI-TOF, cuya puesta a punto ha sido posible gracias al proyecto EMbaRC (www.embarc.eu).

ACTIVIDADES ACTUALES O RECIENTES COMO CENTRO DE RECURSOS MICROBIANOS EN EL ÁMBITO INTERNACIONAL

En los últimos años, la CECT se ha involucrado en todas las actividades europeas de máximo nivel relacionadas con los Centros de Recursos Microbianos y ha establecido, además, convenios de colaboración con Centros de gran pujanza en el mundo oriental:

- *Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology* (KRIBB) con el objetivo de desarrollar actividades conjuntas e intercambiar recursos biológicos.
- *Iranian Biological Resource Center* (IBRC) según principios de cooperación científica, con vistas a la realización de actividades conjuntas de interés mutuo para ambas organizaciones.

A nivel de proyectos hay que destacar su participación en los siguientes:

- *Demonstration project for a Global Biological Resource Centres Network* (GBRCN, www.gbrcn.org).
- *European Consortium of Microbial Resource Centres* (EMbaRC, www.embarc.eu).
- *Microbial Resources Research Infrastructure* (MIRRI, www.mirri.org).

GBRCN (2008-2011) estuvo financiado por el ministerio alemán de educación e investigación (BMBF) y constituyó la primera aproximación a una red mundial de centros de recursos biológicos. Por su parte EMbaRC (2009-2012) contó con financiación del séptimo programa marco de la UE «(FP7)» en el capítulo de Infraestructuras y la modalidad de proyectos integrativos, llamados así porque aúnan objetivos de coordinación, acceso a las infraestructuras e investigación. La fuente de financiación de MIRRI (2012-2015) es también el capítulo de Infraestructuras del FP7 de la UE pero en una modalidad de proyectos más selectiva y orientada a dotar a Europa de Infraestructuras de Investigación que sirvan como referente mundial y tengan un funcionamiento sostenible.

MIRRI fue una propuesta inicial presentada por las principales colecciones de cultivos microbianos europeas, incluida la CECT, en enero de 2010 al Comité evaluador de

ESFRI (Foro Estratégico Europeo para las Infraestructuras de Investigación) dada la ausencia de una infraestructura similar en Europa que pudiera ofrecer tanto recursos microbianos autenticados como la información asociada a los mismos y servicios especializados. Este tipo de infraestructuras son un requisito básico para una bioeconomía sostenible basada en el conocimiento. A finales de 2010, MIRRI fue unánimemente aceptada para su inclusión en el ESFRI Road Map (http://ec.europa.eu/research/infrastructures/pdf/esfri-strategy_report_and_roadmap.pdf#view=fit&pagemode=none) y, tras esta pre-selección, recibió un apartado específico en la convocatoria INFRA-2012-2 a la que concurrimos con resultado satisfactorio. Así, el proyecto ha comenzado en noviembre de 2012 con una fase preparatoria, de tres años de duración, a la que seguirá una fase de construcción y mejoras de cuatro años para concluir con la fase de operación permanente.

La CECT es responsable de uno de los paquetes de trabajo más importantes de MIRRI, el dedicado al diseño de la infraestructura, que debe definir su función, el tipo de recursos y servicios a ofertar, los criterios para ser miembro de la misma, los contactos con los diferentes tipos de usuarios, etc. Además, es responsable de una de las tareas de otro paquete de trabajo, dedicado a organizar un foro para definir las prioridades de MIRRI en cuanto a soporte de la I+D+i entre otros objetivos.

En las convocatorias de la UE queda patente el interés por financiar actividades dedicadas a ofrecer a la sociedad recursos microbianos autenticados y de calidad, así como la información sobre los mismos y otros servicios relacionados, operando de forma coordinada y eficaz. Pero para que MIRRI (como cualquier otra infraestructura de la Hoja de Ruta ESFRI) se materialice y se mantenga es necesario además el apoyo decidido de los estados miembros.



El laboratorio de liofilización de la CECT.

Sigue a la  SEM

www.semicrobiologia.org

A veces tenemos la suerte y privilegio de vivir en primera persona páginas irrepetibles de la Historia de la Microbiología. Congresos internacionales, premios, grandes momentos, anécdotas... ¿Estuviste allí? Cuéntanoslo a los socios de la SEM. ¿Tienes un blog sobre Microbiología? ¿Opinión? ¿Divulgación? Envíanos tu post favorito. Todos los investigadores llevamos un reportero dentro.

Notas para esta sección a semaforo@semicrobiologia.org

Microbioma

El primer «mapa» de nuestras bacterias, el segundo genoma humano

Ignacio López-Goñi. Universidad de Navarra
microbioun.blogspot.com.es



El microbioma humano es el conjunto de los microbios y sus genes que pueblan nuestro cuerpo. Conocerlo es un inmenso trabajo comparable con el Proyecto Genoma Humano. Algunos ya consideran al microbioma humano como nuestro segundo genoma.

El primero fue **Anton van Leeuwenhoek**, que con rudimentarios microscopios que él mismo se fabricaba vio unos «animálculos» que habitan en nuestra boca. Hace cinco años el Instituto de Salud de EE.UU. lanzó un ambicioso proyecto denominado **Proyecto Microbioma Humano** para conocer las bacterias que pueblan nuestro organismo. Se trata del mayor estudio hecho hasta ahora y ha supuesto un enorme trabajo previo para definir y estandarizar los protocolos de trabajo y las técnicas de secuenciación y análisis bioinformático, muchas de ellas desarrolladas específicamente para llevar a cabo este proyecto. Han colaborado más de 200 científicos de 80 instituciones distintas. Se han secuenciado y analizado muestras de 242 personas sanas (129 hombres y 113 mujeres), de cada una de ellas se han tomado muestras al menos 3 veces durante 22 meses, de 18 partes distintas del cuerpo (9 de distintas zonas de la cavidad oral, 5 de la piel, 1 de heces y 3 de vagina). En total más de 11.000 muestras. Los resultados se publicaron en varios trabajos de forma simultánea en **Nature** y **PLoS**. ¿Cuáles han sido las principales conclusiones?

El número de bacterias en nuestro cuerpo es 10 veces superior al número de células humanas: somos más microbios de lo que nos pensamos.

La técnica empleada ha sido la secuenciación del gen 16S rRNA, que permite realizar estudios filogenéticos de comunidades microbianas complejas y asignar los nombres a las bacterias. ¡En estos trabajos se han analizado más de 27 millones de secuencias de ADN!

La diversidad encontrada ha sido enorme. Se estima que **en nuestro cuerpo habitan más de 10.000 especies bacterianas diferentes**. En este trabajo se han secuenciado los genomas completos de 800 bacterias y se quiere llegar pronto a las 3.000. En general, nuestras comunidades microbianas están compuestas de algunos tipos bacterianos (muy pocos) que son muy abundantes y frecuentes, junto con muchas, muchas bacterias distintas pero representadas en pequeño número. O sea, que aunque la diversidad es enorme, hay algunas pocas bacterias con las que nos llevamos muy bien y aparecen mucho en nuestro cuerpo.

No sabemos por qué, pero también **el tipo de bacterias es muy variable entre personas**: las bacterias que tienes tú son distintas de las mías. El microbioma es único para cada individuo. Probablemente dependa de la dieta, el grado de obesidad, la inmunidad, la genética del individuo... Sin embargo, la comunidad de bacterias en una persona determinada no parece cambiar mucho a lo largo del tiempo.

Cuando se compara la microbiota en distintas zonas del cuerpo, se observa que las bacterias de cada parte son muy diferentes. **La mayor diversidad microbiana la encontramos en el tracto intestinal y en la boca**, la piel tiene una diversidad media y **dónde menos tipos distintos de bacterias hay es en la vagina, donde el género más abundante es *Lactobacillus***. Por ejemplo, en la cavidad oral predominan los géneros *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Actinomyces* y *Prevotella*, en la piel *Propionibacterium*, *Corynebacterium* y *Staphylococcus*, y *Bacteroides* es predominante en heces. **La bacteria más abundante de todas en nuestro cuerpo es *Streptococcus***.

Además, combinando todos los datos, se calcula que el microbioma femenino es más complejo y diverso que el de los hombres (51.373 unidades taxonómicas en las mujeres frente a 48.388 en los hombres).

También han encontrado que **casi todo el mundo lleva en su interior algunas bacterias que son patógenas**. No patógenos de alto riesgo sino los que se denominan oportunistas como *Staphylococcus epidermidis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Listeria monocytogenes*, *Neisseria meningitidis* o *Neisseria gonorrhoeae* entre

otros. Simplemente co-existen con el resto de la microbiota que las «mantiene a raya».

Como parte del trabajo, han buscado también en las muestras de heces nuevos tipos de bacterias hasta ahora desconocidas. Han descubierto nuevos representantes de los grupos *Bacteroidetes*, *Firmicutes* y *Proteobacteria*. No son muy abundantes pero sí frecuentes en muchas personas. La mayoría estaban relacionados con un género bacteriano recientemente descubierto: *Barnesiella*.

Ahora comenzamos a saber quién está ahí, lo siguiente será conocer qué hacen ahí, su función. El estudio del microbioma humano es muy importante porque en el futuro nos permitirá encontrar nuevos microorganismos, nuevas funciones para cantidad de genes «huérfanos», nuevas rutas metabólicas y regulatorias, correlacionar microbiota-

salud-enfermedad, desarrollar nuevas estrategias profilácticas y aplicaciones de los probióticos y un largo etcétera. Como ves un trabajo muy interesante. Te hago una apuesta: el conocimiento del microbioma humano será la noticia científica del año 2012.

REFERENCIAS

1. **The Human Microbiome Project Collection** (PLoS collections)
2. **The Human Microbiome Project Consortium (2012)**. A framework for human microbiome research. *Nature*, 486, 215-221 DOI: 10.1038/nature11209
3. **The Human Microbiome Project Consortium (2012)**. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 486, 207-217 DOI: 10.1038/nature11234

Las patentes biotecnológicas como indicador de la gestión de la inversión en I+D

Ignacio Belda, Antonio Santos, Alejandro Alonso y Domingo Marquina.

Departamento de Microbiología III, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid
C/ José Antonio Novais 12, 28040-Madrid

La evolución económica de un país va ligada íntimamente a su grado de desarrollo industrial y, por lo tanto, a la calidad de la ciencia y de la innovación tecnológica. La producción científica, ya sea en los Organismos Públicos Investigadores (OPIs), en las Universidades o en los centros de Investigación y Desarrollo (I+D) de las empresas está condicionada de forma directa por las políticas que los gobiernos dictaminan en materia de Ciencia, Tecnología e Innovación. Es necesario encontrar indicadores del estado de la ciencia con la calidad y la fiabilidad suficientes para orientar las políticas de innovación.

Las patentes ofrecen una fuente de información con detalles únicos acerca de la actividad en I+D de un país. Por ello son uno de los indicadores más utilizados para conocer la capacidad de desarrollo de nuevas tecnologías o la capacidad de innovación de los países.

La eficacia en la transferencia de conocimiento desde los centros de investigación a la industria determina la rentabilidad que la administración pública obtiene de su inversión en I+D. En España esta labor la llevan a cabo fundamentalmente las Oficinas de Transferencia de Resultados de la Investigación (OTRIs). En ocasiones la gestión de los resultados de investigación no es correctamente gestionada por estos organismos de manera que resultados potencialmente patentables se acumulan sin llegar a serlo. Sin embargo, el mayor problema observado en lo que respecta a la gestión de los resultados de investigación es el abandono de la explotación de las patentes.

Mientras que el sector privado de la Biotecnología se nutre de los beneficios de sus patentes, el sector público no explota

las patentes mucho más allá del mérito científico que supone para sus inventores. Desde 1990 las empresas biotecnológicas en España mantienen activas en torno al 63% de sus patentes nacionales. Estas empresas retiran la protección de sus patentes cuando estas no les aportan beneficios, recortando así el gasto derivado de las tasas de mantenimiento de la patente. Por el contrario, la administración pública, dejando fuera las patentes obtenidas por las Universidades exentas del pago de tasas administrativas, tiene cerca del 75% de sus patentes en vigor. Estos datos no se corresponden con mayores ingresos económicos derivados de los *royalties* sino que, probablemente, sean reflejo del abandono de la gestión de estas patentes. Esta gestión no corresponde a los investigadores en los centros de investigación, si no a las OTRIs correspondientes. Ante esta situación, la creación de *spin-off* constituye una opción muy válida para la mejora del proceso de transferencia del conocimiento y de aplicación industrial y rentabilización de los resultados de investigación.

Actualmente las patentes depositadas en la Oficina Española de Patentes y Marcas por *spin-off* suponen cerca del 13% de las patentes biotecnológicas españolas del sector privado y apenas el 2,8% de las patentes biotecnológicas españolas en general. Sin embargo, dada la disminución de la inversión pública en I+D registrada desde el año 2008, la explotación por parte de los científicos de sus resultados a través de la creación de *spin-off* es una opción emergente que parece ser la alternativa de futuro para la financiación de nuevos proyectos de investigación.

Inauguración del Instituto de Biología Funcional y Genómica CSIC-Universidad de Salamanca



El recién inaugurado edificio del IBFG.

El pasado 16 de octubre se inauguró la nueva sede del Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG), anterior Instituto de Microbiología Bioquímica (IMB), centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad de Salamanca (USAL).

El acto contó con la intervención del Presidente del CSIC, seguida por las de su actual director, el Dr. Ángel Durán, del Prof. Dr. Julio R. Villanueva, del Rector de la USAL y de la Secretaria de Estado de Investigación, Desarrollo e Innovación y finalizó con el descubrimiento de la placa inaugural. Además de las correspondientes autoridades, todos los ex miembros del instituto fueron invitados a la inauguración y un buen número de ellos estuvieron presentes. El acto terminó por convertirse en un sencillo, sentido y merecido homenaje a la figura del Prof. Dr. Julio R. Villanueva, su fundador y ex director durante mucho tiempo, que incluyó el descubrimiento de una placa en su honor.

El IBFG fue fundado a principios de los años 70, como uno de los primeros centros mixtos entre el CSIC y la Universidad española poniendo en práctica la visión pionera del Prof. R. Villanueva de aunar, de modo sinérgico, el mutuo interés de ambas instituciones y potenciar así el desarrollo de una Universidad investigadora. El Instituto nunca tuvo sede propia y siempre estuvo integrado física y, durante mucho tiempo, funcionalmente en el Departamento de Microbiología y Genética de la USAL.

El traslado del IBFG a su nueva sede, en marzo de 2012, ha sido posible gracias, fundamentalmente, a la aprobación, en los Presupuestos Generales del Estado para 2006, de una partida adjudicada al CSIC para su construcción y equipa-

Ángel Duran Bravo. Director del Centro

miento y a las firmas de los acuerdos de cesión de una parcela del Ayuntamiento de Salamanca a la USAL y de cesión de uso del terreno desde esta al CSIC.

La sede está situada en una parcela próxima al campus Miguel de Unamuno de la USAL y se trata de un edificio de 6.500 metros cuadrados distribuidos en cuatro plantas, panelado en su exterior en diversas tonalidades de rojo ocre, alusivas al color de los logotipos institucionales tanto de la USAL como del CSIC.

Su órgano de gobierno superior es la Comisión Rectora, formada por dos miembros nombrados por cada institución, a los que se une el director y el gerente del IBFG con voz pero sin voto. Sus órganos de gobierno unipersonales son el Director y dos Vicedirectores y los órganos colegiados son el Claustro Científico (personal investigador doctor de plantilla) y la Junta de Instituto.

El IBFG está integrado por 3 Unidades de Investigación y 1 Unidad de Apoyo administrativo y técnico que recogen actualmente a un total de 130 personas y 21 grupos de investigación. La nueva denominación del Instituto, con su nuevo director al frente, el Dr. Sergio Moreno, refleja su interés en estudiar los mecanismos reguladores de las funciones celulares y su integración en el contexto del genoma a través de aproximaciones metodológicas avanzadas de biología celular, molecular y genómica, utilizando mayoritaria pero no exclusivamente los microorganismos como modelo de estudio.



La Secretaria de Estado de Investigación, Desarrollo e Innovación, Dña. Carmen Vela, con los profesores Dña. Isabel García-Acha, D. Julio Rodríguez Villanueva y D. César Nombela al pie de la placa homenaje a D. Julio Rodríguez Villanueva, descubierta en la inauguración del IBFG.

Historia de la Asociación Argentina de Microbiología

María Isabel G. Fernández, en nombre de la Comisión Directiva de la AAM Especialista en Bacteriología. Secretaria de Actas de la Comisión Directiva de la AAM



Sentados, de izquierda a derecha: Juan Stupka, María Soledad Ramírez, Isabel Bogado, Jorge Santoianni, María IG Fernández, María Cecilia Freire. En pie, de izquierda a derecha: Ángel Cataldi, Adriana Sucari, Marta Rivas, Manuel F. Boutureira, Manuel Gómez Carrillo (presidente de la AAM), Jorge Micko (contador de la AAM).

NÚMERO 54

14

SEM@FORO



**asociación
argentina de
microbiología**

la actualidad, que trabajan en distintos sectores como la microbiología clínica y general, virología, agrícola y ambiental, bioseguridad y biocustodia, alimentos, medicamentos y cosméticos. La AAM es miembro de la Asociación Latinoamericana de Microbiología (ALAM) y la *International Union of Microbiology Societies* (IUMS).

INTRODUCCIÓN

La Asociación Argentina de Microbiología (AAM) es una asociación activa y multidisciplinaria, con 2070 socios en

SU HISTORIA

La AAM comenzó sus actividades el 3 de agosto de 1948, surgida de un ideal que un grupo de investigadores de la Microbiología hicieron realidad. Su deseo fue for-

DIC.
2012

mar una entidad para nuclear a todos los profesionales de la especialidad con el fin de intercambiar conocimientos, información, técnicas diagnósticas, etc., avanzando con toda rapidez en el crecimiento de la profesión en nuestro país.

No se cuenta con una documentación fehaciente archivada que pueda acercarnos a todo lo realizado en los primeros años de actividad de la AAM, por lo tanto agradecemos a los distintos profesionales que con sus anécdotas, notas personales y memorias reconstruyeron los primeros pasos dados por la misma.

El primer Coordinador de las reuniones y luego designado primer Presidente fue Alois Bachman (1948 – 1958). A raíz de su renuncia, la Asamblea designa presidente en el año 1958 a Pablo Negroni, quien inicia las primeras gestiones con la Asociación Latinoamericana de Microbiología (ALAM).

El 23 de mayo de 1959 se realiza la 1.º Reunión Científica en la ciudad de Rosario (provincia de Santa Fe), en la cual se gesta la creación de la Filial Rosario.

En junio de 1961 se modifican los Estatutos vigentes. En septiembre de 1961 la AAM se incorpora a la Asociación Internacional de Microbiología (IAMS). En junio de 1964 comienzan las tratativas para obtener la Personería Jurídica, objetivo logrado en julio de 1967 con la inscripción en el Registro de Inspección de Justicia.

El 7 de junio de 1965 se realizó una Asamblea Extraordinaria en la que se aprobaron los Estatutos, se mantuvo el nombre original de la AAM, se aprobó el balance general y se designó la Nueva Comisión Fundadora cuyo presidente fue Luis Verna.

En el año 1968 se realizan las 1.º Jornadas Argentinas de Microbiología y en el año 1976 el 1.º Congreso Argentino de Microbiología. En marzo del año 1969 aparece el primer número de la Revista de la AAM que a partir del volumen XI se denomina Revista Argentina de Microbiología (RAM), nombre que se mantiene hasta la actualidad. El primer boletín apareció en mayo de 1961; hasta el año 1986 tuvo altibajos, pero a partir de esa fecha se publica con regularidad.

En julio de 2005, la AAM se muda a su nueva sede de la calle Deán Funes 472 de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

La AAM sido presidida desde su comienzo por Alois Bachman, Pablo Negroni, José Monteverde, Luis Verna, Mitre Sá Fleitas, Roberto A. Cacchione, Oscar Larghi, Marcelo Frigerio, Nora Nota, Juan C. Monesiglio, Hebe M. Bianchini, Stella M. González Cappa, Ricardo Negroni y Jorge Santoianni, siendo su presidente en la actualidad, Manuel Gómez Carrillo.

FILIALES

La AAM tiene siete Filiales. 1) Córdoba (representa a la provincia de Córdoba), 2) Cuyo (representa a las provincias de Mendoza, San Juan y San Luis), 3) NEA (representa a las provincias de Misiones, Formosa, Chaco y Corrientes), 4) NOA (representa a las provincias de

Tucumán, La Rioja, Catamarca, Santiago del Estero, Salta y Jujuy), 5) Rosario (representa el sur de las provincias de Santa Fe y Entre Ríos), 6) Santa Fe (representa el centro y norte de las provincias de Santa Fe y Entre Ríos), 7) Sur (representa sur de la provincia de Buenos Aires y la Patagonia Argentina).

SUBCOMISIONES Y GRUPOS DE TRABAJO

Dependen directamente de la Comisión Directiva de la AAM, la Subcomisión de Bioseguridad y Biocustodia, la Subcomisión de Colección de Cultivos Microbianos, la Subcomisión de Microbiología General, el Comité de Comunicación y Difusión Institucional y el Grupo de trabajo en *Burkholderia cepacia*.

COMISIONES ESPECIALES

En el año 1997 la AAM inicia la certificación para todos los profesionales relacionados con el diagnóstico microbiológico clínico a través de la Comisión de Certificación y Recertificación de la Especialidad en Microbiología Clínica.

DIVISIONES

En la actualidad cuenta con las siguientes divisiones:

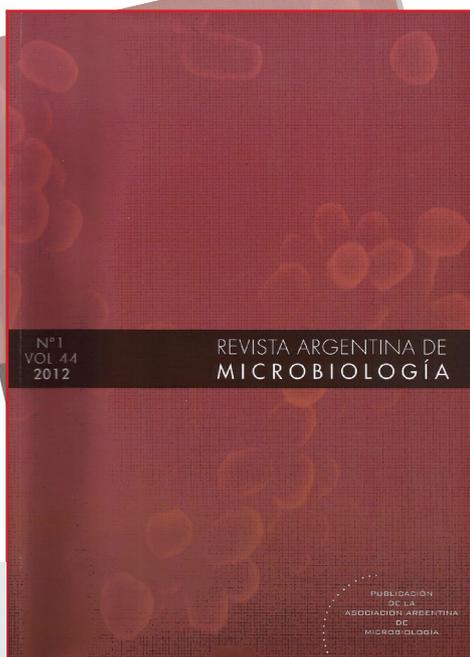
- Sociedad Argentina de Bacteriología, Micología y Parasitología Clínica (SADEBAC). Dependen de esta División la Subcomisión de Antimicrobianos, la Subcomisión de Bacterias Anaerobias, el Grupo de trabajo de Micología y el de Parasitología.
- Sociedad Argentina de Virología (SAV).
- División Alimentos, Medicamentos y Cosméticos (DAMyC). Dependen de ella la Subcomisión de Acreditación de Laboratorios de Microbiología de Alimentos y la Subcomisión de Medicamentos y Cosméticos.
- División Microbiología Agrícola y Ambiental (DIMAyA).

Todas las Divisiones realizan cada 2-3 años Jornadas y Congresos de la especialidad.

ACTIVIDADES CIENTÍFICAS

La AAM organiza Jornadas y Congresos Nacionales de Microbiología en forma periódica. Desde su creación se han desarrollado 14 Jornadas Argentinas de Microbiología las cuales tienen lugar en las distintas provincias. Los Congresos, hasta el momento se han llevado a cabo 12, se realizan en la Ciudad de Buenos Aires (con excepción del XI CAM que tuvo lugar en la provincia de Córdoba). En la actualidad se está organizando el XIII Congreso Argentino de Microbiología, en conmemoración del 65.º aniversario de su creación, el cual se llevará a cabo del 23 al 26 de septiembre de 2013 en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

RAM y Boletín
de la AAM.



PREMIOS OTORGADOS POR LA AAM

La AAM otorga dos premios: «Día del Microbiólogo» a todos aquellos profesionales destacados en las distintas ramas de la Microbiología y el «Premio a la trayectoria Dr. Roberto A. Cacchione» a aquellos profesionales que se han destacado a lo largo de toda su profesión por sus valores morales, su contribución a la enseñanza de las distintas ramas de la Microbiología, tanto en nuestro país como en el exterior, dedicando sus mejores esfuerzos al crecimiento de la AAM.

PUBLICACIONES

La Revista Argentina de Microbiología (RAM) está indexada en *Biological Abstracts*, *Chemical Abstracts*, *Veterinary Bulletin*, *Index Veterinario*, *EMBASE (Excerpta Medica)*, *Medline (Index Medicus)*, *Tropical Diseases Bulletin*, *Abstracts on Hygiene and Communicable Diseases*, *Literatura Latinoamericana en Ciencias de la Salud (LILACS)*, *Periódica*, *LATINDEX*, *SciELO*, *Science Citation Index Expanded* y *Redalyc*.

Desde el año 2004 (Vol.36, N.º1), la RAM está dividida en secciones: microbiología básica, microbiología industrial y ambiental, microbiología de alimentos, microbiología clínica y enfermedades infecciosas, agentes antimicrobianos, imágenes microbiológicas y editorial. A partir del año 2005 se edita un Suplemento correspondiente a los Libros de Resúmenes de los Congresos de la AAM y sus Divisiones.

A partir de enero del año 2008, la RAM fue incluida en el *Science Citation Index Expanded*. Desde ese momento comenzó a gestarse el primer índice de impacto correspon-

diente al año 2010, que fue de 0,494, dado a conocer en julio de 2011 en el *Journal Citation Reports (JCR)*. En julio de este año (2012) se conoció el nuevo factor de impacto de 0,500 (correspondiente al año 2011)

El Boletín de la AAM es una publicación cuyo contenido abarca noticias sociales, distintas actividades científicas organizadas por la AAM, así como por asociaciones y/o instituciones relacionadas con la misma temática, nacionales e internacionales. Consta de un área técnica en la cual se publican artículos escritos por profesionales de las distintas ramas de la microbiología y noticias de interés de nuestro país y del mundo.

SITIO WEB

En el año 1998 comenzó a funcionar el sitio web de la AAM. Su dominio es www.aam.org.ar. En el mismo, se pueden encontrar noticias referentes a la historia de la AAM, sus Filiales, Divisiones, sitios de interés, Comités de Publicaciones y todas las actividades programadas por la misma.

PERSPECTIVAS FUTURAS

La Microbiología en nuestro país ha tenido un crecimiento muy importante desde aquellos orígenes, donde un grupo de profesionales soñaron un ideal que se hizo realidad. Estos pioneros tuvieron una gran fe en el futuro que deseaban para la profesión, poniendo sacrificio personal, ideas y proyectos para lograr una AAM como tenemos en la actualidad. Esperamos que la nueva generación de microbiólogos siga contribuyendo al crecimiento de esta disciplina y de nuestra Asociación Argentina de Microbiología.

Extremophiles 2012

9th International Congress on Extremophiles

Antonio Ventosa y Cristina Sánchez-Porro. Universidad de Sevilla



En el «green team» recayeron las labores logísticas y organizativas del congreso.

Durante los días 10 a 13 de septiembre se reunieron en Sevilla 350 científicos expertos en el estudio de los microorganismos extremófilos, considerados como los seres vivos capaces de vivir óptimamente en las condiciones más adversas de nuestro planeta, tales como ambientes con temperaturas superiores a la del punto de ebullición del agua, en las profundidades marinas, ambientes ácidos como el río Tinto o bien tan secos y áridos como los desiertos o tan salados como los lagos hipersalinos (Mar Muerto, Gran Lago Salado) o las salinas de nuestras costas.

La organización del 9.º Congreso Internacional de Extremófilos corrió a cargo de la Universidad de Sevilla; estuvo presidido por el Prof. Antonio Ventosa, siendo la Secretaria la Prof. Cristina Sánchez-Porro, del Departamento de Microbiología y Parasitología de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Sevilla. Este congreso, que se celebró por primera vez en nuestro país, bajo el patrocinio de la ISE (*International Society for Extremophiles*), congregó a expertos en el estudio de los microorganismos extremófilos, que debatieron los avances más recientes en este área multidisciplinar, que incluye tanto a microbiólogos como a

fisiólogos, genéticos, bioquímicos o biólogos moleculares, que trabajan en diferentes aspectos tanto de ciencia básica como aplicada de los microorganismos extremófilos.

El interés de estos microorganismos fue inicialmente puramente científico, en cuanto son los seres vivos mejor adaptados a condiciones extremas (adversas) de temperatura, pH, salinidad o desecación y por tanto constituyen lo que se denominan los límites de la vida en nuestro planeta. Durante las últimas décadas estos estudios han permitido utilizarlos con fines aplicados, fundamentalmente en biotecnología, para la obtención de enzimas tanto extracelulares, que se utilizan en procesos industriales tales como los de obtención de detergentes, entre otros, como enzimas intracelulares, de las que la más interesante es la *Taq* polimerasa. Este enzima, producida por la bacteria termófila *Thermus aquaticus*, aislada del parque Yellowstone de Estados Unidos, es fundamental para la técnica de la PCR (reacción en cadena de la polimerasa), que como sabemos es ampliamente utilizada en campos tan diversos como la medicina forense, el diagnóstico de enfermedades, etc...



Los numerosos asistentes al 9th International Congress on Extremophiles en Sevilla.

Sin embargo, en la actualidad uno de los temas que causa mayor interés en el estudio de los microorganismos extremófilos es la astrobiología y la búsqueda de vida en otros planetas, ya que algunos de estos microorganismos viven en ambientes de nuestro planeta Tierra que son análogos a los que pueden existir en otros planetas como Marte. Varias conferencias, impartidas por expertos internacionales se centraron en las posibilidades de encontrar vida en otros planetas y en conocer en profundidad cómo viven los microorganismos extremófilos en los ambientes extremos en nuestro planeta, para determinar los mecanismos de adaptación de estos microorganismos a las condiciones tanto primitivas como actuales o futuras.

Por otro lado, las técnicas moleculares más modernas, tales como la extracción y secuenciación masiva del material genético obtenido directamente a partir de un ambiente determinado, han permitido obtener metagenomas que permiten determinar la biodiversidad y actividades metabólicas de los microorganismos presentes en estos ambientes; los resultados más recientes han puesto de manifiesto que conocemos tan solo una mínima proporción de los seres vivos presentes en estos ambientes extremos y un reto futuro será conocer el resto mayoritario de los microorganismos que se encuentran realizando sus actividades metabólicas y degradadoras en estos hábitats.

La información detallada relativa al programa científico del congreso puede consultarse en la página web: www.congreso.us.es/extremophiles. Entra otras, el programa incluía sesiones específicas relacionadas con el estudio de la astrobiología y análogos de vida en otros planetas, genética de organismos extremófilos modelo, genómica y metagenómica, evolución molecular y adaptación de proteínas, ambientes extremos no convencionales, fisiología, metabolismo y aplicaciones de extremófilos. Además, se presentaron 195 comunicaciones en forma de panel. Debemos destacar la par-

ticipación de un nutrido número de jóvenes investigadores, así como el apoyo tanto por parte de la ISE como de la Federación Europea de Sociedades de Microbiología (FEMS) que permitieron conceder becas de asistencia al congreso a un total de 26 jóvenes investigadores. En este sentido, el apoyo de la Sociedad Española de Microbiología fue fundamental para obtener la financiación por parte de FEMS.

Además de un extenso programa científico los participantes pudieron disfrutar de un programa social complementario que incluyó una visita a las bodegas González-Byass de Jerez de la Frontera y la cena de clausura en un restaurante en el barrio de Triana, con excelentes vistas a la ciudad de Sevilla, que contribuyeron al intercambio de ideas y experiencias entre los participantes al congreso.



Comité editorial de la revista «Extremophiles» (Springer) que se reunió en Sevilla. Esta revista es el órgano oficial de la International Society for Extremophiles (ISE).

I Reunión del grupo de Docencia y Difusión (D+D SEM)

Víctor J. Cid. Secretario del Comité Organizador



El equipo de Domingo Marquina, premiado con el Premio «Miguel Sánchez» a la innovación, posa tras la ceremonia de entrega con su equipo, otros compañeros del Dpto. de Microbiología III de la UCM y el Presidente de la SEM.



Fotografías: Silvia de Francisco Martínez

El éxito de un experimento depende en gran medida de una correcta planificación, lo que se consigue con un análisis concienzudo *a priori* de todos los puntos críticos y, sobre todo, con una gran dosis de entusiasmo. Quienes hayan husmeado en redes sociales y otras actividades del Grupo D+D SEM constatarán que el notable crecimiento de su actividad durante el primer año sin apenas fase de latencia refleja el que el inóculo se hizo correctamente. En esta línea de motivación trabajó el Comité Organizador de la seminal I Reunión del grupo D+D, una cita clave para su consolidación. Dieciséis microbiólogos de cuatro Facultades de la Universidad Complutense de Madrid nos desvelamos durante 10 meses para ofrecer un Congreso sin carencias en tiempos de crisis. Como resultado, convertimos en realidad una cita histórica y, a la vez, fomentamos un entorno de discusión y trabajo con seriedad pero sin más pompa y circunstancia de la necesaria, casi entre amigos. Para ser exactos ciento setenta en total, incluyendo invitados (más una molesta mosca, que no había sido invitada) con ganas de compartir la experiencia de enseñar y divulgar

la Microbiología. El programa intenso, casi maratónico, se desarrolló en Madrid los días 12 y 13 del pasado mes de julio con la Facultad de Veterinaria como escenario. En total, debates y plenarias aparte, asistimos en sólo día y medio a **23 comunicaciones orales** y **40 comunicaciones en formato póster**. En un medio tan rico y con un inóculo tan fresco, el experimento prometía buenos resultados.

Sara Burton (*Chair of the Education Division, Society for General Microbiology, UK*) impartió la conferencia inaugural con un espíritu constructivo y optimista, forjando la voluntad de tender puentes entre las actividades educativas de la SEM y la SGM. Tras ella, se celebró un debate en torno a la Microbiología en la **Educación Preuniversitaria** y las posibles vías de diálogo entre la comunidad universitaria y otros niveles educativos para incidir en la gestión de currículos. Tuvieron voz las editoriales, actores de la administración y profesores. Esta sesión se alargó más tiempo del previsto, puesto que obviamente todas las partes tenían mucho que aportar. Tras ella, una sesión de ponencias sobre nuevas tecnologías aplicadas a docencia en Microbiología

en la que las herramientas on-line fueron protagonistas y, como colofón, una recepción con excelentes bebidas fermentadas, vinos y cervezas cortesía de dos de nuestros 13 patrocinadores, respectivamente la empresa Agrovin y la Cátedra Extraordinaria UCM de Bebidas Fermentadas.

Al día siguiente, la sesión matinal estuvo dedicada a la **Difusión de la Microbiología**, moderada por nuestro compañero Manuel Sánchez Angulo en un marco sin precedentes en nuestra Sociedad, que reunió en la mesa a una representación de la divulgación científica institucional, la Plataforma SINC, al periodismo científico de la mano de Manuel Seara (alma y voz del estupendo programa «A Hombros de Gigantes» en Radio Nacional de España), y a microbiólogos a caballo entre la divulgación y la docencia, como el propio Manuel o Ignacio López Goñi, cuyos blogs sobre Microbiología están entre de los más visitados... Siempre a la sombra amable, eso sí, de alguien muy especial, el veterano maestro bloguero capaz de inspirar y motivar de manera recíproca a científicos y a divulgadores, **Miguel Vicente**. Desde su cercanía y modestia nos ofreció en su conferencia plenaria una visión personal, a veces íntima, sobre su dilatada experiencia en el acercamiento de la actividad científica a la sociedad. Escucharle fue un regalo y un estímulo para los incondicionales de sus blogs. De esta sesión salimos con más ganas —si cabe— de contarle al mundo lo que hacemos en los laboratorios.

En plena adaptación al Espacio Europeo de Educación Superior, Bolonia no podía faltar a la cita, de modo que apuramos la mañana con una dilatada sesión sobre Metodología Docente: videos, rompecabezas, entornos virtuales, clases prácticas inteligentemente «deconstruidas»... El método científico transportado al aula y el alumno como modelo experimental. Todo vale y, al parecer, algunas estrategias innovadoras incluso funcionan tan bien o mejor que la clásica tiza. En la sobremesa, la sesión de Retos de la Docencia en Microbiología nos deparó algunas sorpresas, como la puesta de largo del primer esbozo del «mapa de la microbiología en los nuevos Grados de la Universidad Española», expuesto por nuestra Presidenta, **Montse Lagostera**, que permite delinear tendencias que invitan a la reflexión en cuanto al peso de los créditos dedicados a la Microbiología en cada Grado. Otra Opara que **Domingo Marquina** pudiera exponer su compleja ponencia, fue su iniciativa pionera en la adaptación de nuestra disciplina a lenguaje de signos para estudiantes con discapacidad auditiva. Este trabajo, realizado por un equipo de profesores y alumnos de la Facultad de Biología de la Universidad Complutense de Madrid mereció el **Premio Miguel Sánchez** a la Innovación, dotado por la Editorial Médica Panamericana. Otros premios, dotados respectivamente por las editoriales Pearson y McGrawHill-Interamericana y fallados por votación popular, recayeron en **Lucía Arregui** y **colaboradores** al mejor Póster por la *Elaboración de un banco de imágenes y de problemas para el aprendizaje activo de Microbiología* y a la Mejor Comunicación Oral para **Victoria Béjar** y **colaboradores** por la *Actualización y liberación de la web «Historia de la Microbiología»* en la Universidad de Granada.

La improvisada ceremonia de entrega de premios y clausura pretendió dejar una nota optimista hasta nuestra próxima reunión en Alicante en 2014. Era necesario para intentar



Tres momentos de la reunión. Arriba, la ceremonia de apertura; en medio, el Debate sobre la Microbiología en la enseñanza preuniversitaria; y, abajo, la sesión sobre Difusión de la Microbiología.

deshacer el nudo en la garganta que nos dejó la emotiva intervención de Mercè Piqueras en su conferencia de clausura en memoria de su amiga y colega norteamericana **Lynn Margulis**, cuya perseverancia puso en los libros de texto uno de los episodios más apasionantes de nuestra historia evolutiva: la teoría endosimbiótica que explica el origen de la célula eucariótica. Lynn era uno de los personajes más reconocidos por la Microbiología en las últimas décadas y más queridos en nuestro país. La lectura silenciosa de un poema de Quevedo en su memoria fue un broche amargo pero bello. Amargo en la medida que nos hizo sentir el vacío de la pérdida de Lynn Margulis, pero bello en cuanto supone celebrar la vida de una persona dedicada a la Ciencia con el entusiasmo que nosotros mismos, desde nuestro modesta labor en las aulas y laboratorios, compartimos y deseamos contagiar a nuestros estudiantes y a la sociedad que nos mantiene.

Desde la coordinación del Comité Organizador quiero dar las gracias a todos sus miembros, a nuestros patrocinadores, anfitriones y, sobre todo, a quienes asistieron y participaron con ilusión a la Reunión. Quiero pensar que todos ellos comparten con quienes la organizamos la idea de que enseñar y divulgar la ciencia a nuestros conciudadanos es hacerla visible e imprescindible. Es necesario trabajar en esta dirección: si este gran experimento nos saliera bien, seríamos «irrecortables».

IX Congreso del Grupo de Microbiología del Medio Acuático

Albert Bosch, Anicet Blanch, Francisco Lucena y Rosa M. Pintó.
Departamento de Microbiología, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona



Se ha celebrado en el magnífico edificio del Instituto de Estudios Catalanes de Barcelona los días 13-15 de septiembre de 2012 el IX Congreso del Grupo de Microbiología del Medio Acuático de la SEM. Asistieron a este evento un número superior a 100 científicos especializados en los distintos ámbitos de la Microbiología del medio acuático procedentes de todo el Estado. También participó de forma destacada el profesor Paul Hunter, de la Norwich School of Medicine de la Universidad de East Anglia del Reino Unido que fue el invitado de honor del congreso e impartió la conferencia inaugural del mismo que llevó por título «Health risks associated with very small drinking water supplies». La conferencia de clausura «Herramientas genómicas para la descripción de la microbiota de medios acuáticos» fue impartida por el profesor Francisco Rodríguez Varela de la Universidad Miguel Hernández en Elche.

Tal como viene siendo habitual en nuestros congresos, los investigadores jóvenes tuvieron una destacada participación y se concedieron premios a las mejores presentaciones de cada sesión lo cual no fue tarea fácil dada la

homogénea alta calidad de las contribuciones. Se concedió además el primer premio Microkit concedido por los laboratorios Microkit, S.L. y el Grupo de Microbiología del Medio Acuático de la SEM a la mejor ponencia de la especialidad presentada en el congreso, dotado con 300 euros y un diploma acreditativo. Dicho galardón recayó en Estefanía J. Valverde de la Universidad de Málaga que presentó la comunicación titulada: «*Artemia sp.* como reservorio del virus de la enfermedad de linfocistis (LCDV)».

Durante el congreso tuvo lugar la Asamblea del Grupo presidida por el Presidente del mismo, el profesor Juan José Borrego, así como diversos actos sociales como la recepción de bienvenida, una visita al Acuario de Barcelona y la cena del Congreso.

Finalmente solamente queda agradecer por parte del comité organizador a las secretarías de la Sociedad Catalana de Biología, Mariàngels Gallego y Maite Sánchez, la tarea desarrollada en la secretaría técnica del congreso y a todos los participantes por contribuir una vez más a que nuestro congreso sea un evento de gran calidad científica y una reunión a la cual nos encanta asistir.

VIII Reunión del Grupo Especializado de Protistología

Ángeles Cid. Universidad de A Coruña
Ana Martín González. Universidad Complutense de Madrid

Los pasados 6 y 7 de septiembre se celebró en el edificio del Rectorado de la Universidad de A Coruña la VIII Reunión del grupo especializado de Protistología de la SEM, coincidiendo con el 18.º aniversario de la creación de nuestro pequeño-gran grupo.

Como ocurre habitualmente en la mayoría de este tipo de eventos, la reunión resultó muy intensa y durante día y medio asistimos a dos conferencias y 17 comunicaciones orales. La conferencia inaugural sobre aspectos aplicados de las microalgas fue impartida por Miguel García Guerrero (CSIC-Universidad de Sevilla), mientras que la conferencia de clausura corrió a cargo de Juan Carlos Gutiérrez (Universidad Complutense de Madrid), uno de los primeros presidentes de nuestro grupo, que nos habló de aspectos básicos y biotecnológicos de la interacción entre metales pesados

y ciliados. Las comunicaciones orales fueron presentadas tanto por jóvenes investigadores como por investigadores consolidados, mostrando el estado actual de la investigación en España con protistas y que abarca fundamentalmente estudios relacionados con el medio ambiente, pero también taxonómicos y biotecnológicos.

Durante toda la reunión se respiró un distendido ambiente de diálogo entre todos los participantes, aportando ideas y haciendo palpable la voluntad de compartir ciencia. Esperamos que las colaboraciones planteadas durante esos días lleguen a buen puerto.

Por último, el comité organizador quiere agradecer al Vicerrectorado de Investigación y Transferencia de la Universidad de A Coruña tanto su apoyo económico como institucional para que se celebre esta reunión.



Asistentes a la VIII reunión de Protistología en A Coruña.

IV Congreso del GEBMP

Jonathan Gómez-Raja y Germán Larriba.

Dpto. de Ciencias Biomédicas, Área de Microbiología. Universidad de Extremadura

Del 5 al 7 de Julio de 2012 tuvo lugar en Badajoz el **IV Congreso del Grupo Especializado de Biología de Microorganismos Patógenos** (antiguamente de Microbiología Clínica). El Congreso fue organizado por el Grupo de Investigación del Prof. Dr. Germán Larriba y se desarrolló en las instalaciones del Hotel Badajoz-Center de esta ciudad. Esta reunión bianual se organizó con intención de atraer a una activa y diversa comunidad de investigadores, clínicos, profesionales y estudiantes para presentar y discutir las investigaciones actuales sobre la biología básica de microorganismos patógenos, como etapa preliminar al descubrimiento de nuevas terapias o a la identificación de nuevas dianas de antimicrobianos. Para conseguir este objetivo, el programa constaba de sendos simposios relativos a Bacterias Patógenas y Hongos Patógenos. Con objeto de acercar a los investigadores básicos a los problemas hospitalarios reales y a las novedades en el campo de antimicrobianos se programó además otro Simposio sobre Epidemiología, Resistencias y Nuevas Drogas.

La conferencia inaugural estuvo a cargo del Profesor **Dr. Rajendra Prasad** (Jawaharlal Nehru University, New Delhi, India), un referente internacional en la investigación en hongos patógenos, quien nos dio una lección magistral sobre la evolución de las bombas de eflujo MDR y de transportadores ABC responsables de las resistencias a antimicrobianos, con atención especial a sus representantes dentro del reino fúngico. El objetivo fundamental de su investigación es el estudio de la estructura y función del transportador ABC de *Candida albicans* (Cdr1) con objeto de identificar nuevos compuestos que modulen/inhiban su función y, por tanto, eviten la aparición de resistencias en las infecciones fúngicas por este hongo.

Al día siguiente, y ya dentro del Simposio de Bacterias Patógenas, la **Dra. María José Ferrándiz** (ISCIII, CSIC) disertó sobre el nivel de superenrollamiento del DNA como una posible diana antibacteriana. Sus estudios en *S. pneumoniae* muestran que el nivel de superenrollamiento, que se ve afectado por tratamiento con algunos antibióticos (novobiocina y levofloxacin), altera tanto la transcripción génica global, como la local de determinados genes. A esta interesante charla le siguió la más que amena ponencia del **Dr. Miguel Viñas** (Universidad de Barcelona), que con su magnífica y locuaz oratoria,

nos introdujo al mundo de los antimicrobianos. Su charla se centró en la problemática creciente de la rápida evolución de la resistencia de los microorganismos a los antibióticos. Sus estudios han mostrado que la susceptibilidad de colecciones de microorganismos aisladas al principio de la era antibiótica no muestra grandes diferencias con la de microorganismos actuales, lo que sugiere nuevas estrategias de tratamiento basadas en combinaciones de antibióticos cuyo uso prácticamente se abandonó. Después, el **Dr. José Yuste** (CNM, ISCIII) nos habló sobre los mecanismos de patogenicidad y protección de la enfermedad neumocócica invasiva, la cual definió como un proceso complejo, dinámico y multifactorial en el que diversos factores de virulencia colaboran de un modo sinérgico. Para finalizar este Simposio, **Arnau Domenech** (IDIBELL-Universitat de Barcelona-Hospital Universitari de Bellvitge) nos ilustró sobre el papel de los profagos de *S. pneumoniae* en la resistencia a fluoroquinolonas, induciendo la lisis bacteriana, e impidiendo la adquisición de la resistencia.

Por la tarde, el Simposio de Hongos Patógenos comenzó con la intervención del **Dr. Jesús Pla** (UCM) que nos dio una magnífica descripción de la ruta de transducción de señal mediada por la MAP-quinasa Cek1 en *Candida albicans*, y su importante papel en la patogenicidad de este hongo. A continuación, el **Dr. Óscar Zaragoza** (CNM, ISCIII) nos introdujo en el mundo de *Cryptococcus neoformans* y su morfogénesis no convencional. Sus resultados indican que la morfogénesis en este hongo es un proceso importante ya que no solo coadyuva a la penetración y adaptación al ambiente interno del huésped sino que, además, permite al hongo evadir la respuesta inmune. Tras esta interesante charla, el **Dr. Carlos R. Vazquez de Aldana** (IBFG, CSIC/USAL) volvió a *C. albicans* y realizó una exposición de muy alto nivel sobre la dinámica de septinas y la regulación de la separación celular durante el crecimiento hifal. La **Dra. Toni Ciudad** (Universidad de Extremadura) prosiguió en la temática sobre la biología de *C. albicans*, en este caso hablándonos sobre el fenotipo del mutante en el gen *RAD52* y la posibilidad de que la inestabilidad genética provocada por la falta de este gen de recombinación homóloga pueda ser debida a conflictos en la replicación o transcripción de determinadas regiones del genoma del hongo. Por ultimo, el **Dr. José Ruiz Herrera** (Centro de



Algunos asistentes al IV Congreso de Biología de los Microorganismos Patógenos en Badajoz.

Investigación y de Estudios Avanzados del IPN, México) nos dio una lección magistral sobre la regulación génica en el patosistema experimental de infección Planta/Hongo (*Arabidopsis/Ustilago maydis*).

Al día siguiente, el Simposio de Epidemiología, Resistencias y Nuevas drogas estuvo encabezado por la **Dra. Estrella Martín-Mazuelos** (Hospital Universitario Valme, SAS) que analizó detalladamente la epidemiología de las infecciones fúngicas invasoras, centrándose principalmente en las especies de *Candida*, *Aspergillus* y otros hongos filamentosos. A esta charla le siguió la impartida por el **Dr. Javier Pemán** (Hospital Universitario y Politécnico La Fe, Valencia) que nos habló del estado actual de la resistencia a los antifúngicos en España, en particular del incremento de aislados resistentes a azoles, especialmente de *Candida tropicalis* y *C. glabrata*. La **Dra. María Dolores Moragues** (Universidad del País Vasco, Vizcaya) habló sobre el desarrollo de antifúngicos, y la necesidad de diseñar nuevos compuestos. En este sentido, expuso sus resultados más recientes en el empleo de anticuerpos desarrollados frente a antígenos fúngicos. Para cerrar este interesantísimo simposio, el **Dr. Juan Carlos Argüelles** (Universidad de Murcia) nos habló sobre la posible actividad antifúngica y antioxidante del resveratrol sobre *C. albicans*.

La conferencia de Clausura estuvo a cargo del **Director Gral. de la Fundación Española para la Ciencia y Tecnología** (Ministerio de Economía y Competitividad), **Jose Ignacio Hernández Vera**, que nos anticipó algunas directrices del Ministerio Español de Economía y Competitividad en I+D+i, muy especialmente en «i».

Las **comunicaciones orales** seleccionadas estuvieron divididas en dos sesiones, una para bacterias patógenas y otra para hongos patógenos, dónde los estudiantes nos expusieron el fruto de sus investigaciones más destacadas. El resto de comunicaciones presentadas en el congreso se expusieron en formato póster en una única sesión, aunque estos trabajos estuvieron expuestos durante todo el congreso.

En cuanto a la agenda social, estuvo encabezada por una visita guiada a la ciudad antigua de Badajoz, donde pudimos aprender (incluso los que vivimos en la propia ciudad) su origen y evolución a lo largo de los siglos, así como las anécdotas más peculiares sobre la historia de algunos de los edificios más emblemáticos de la ciudad.

Para aquellos que tengan interés, la información detallada, el libro de resúmenes, e incluso algunas fotos del congreso se encuentran disponible en: www.eweb.unex.es/eweb/SEMBiopatogenos/IndexSEMBio.html

XVIII Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos

25-28 septiembre 2012, Logroño

Elena González Fandos.

Universidad de La Rioja. Presidenta del Comité Organizador del Congreso



Acto oficial de Inauguración del Congreso.

Del 25 al 28 de septiembre de 2012 se ha celebrado en la Universidad de La Rioja la XVIII edición del Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos que ha contado con casi 200 asistentes (www.unirioja.es/microalimentos2012/index.shtml).

El Congreso se inició el martes 25 de septiembre con una visita a la Bodega López de Heredia (Haro) y una recepción en el Ayuntamiento de Logroño. El miércoles 26 de septiembre se procedió a la inauguración oficial del Congreso presidida por el Magfco. Sr. D. José Arnáez Vadillo, Rector de la Universidad de La Rioja, acompañado por el Excmo Sr. D. Iñigo Nagore Ferrer, Consejero de Agricultura, Ganadería y Medio Ambiente de la Comunidad Autónoma de La Rioja, la Ilma. Sra. Dña. Pilar Montes Concejala de Comercio, Cultura y Turismo del Ayuntamiento de Logroño, el Ilmo. Sr. D. Ricardo Guerrero Moreno, Presidente de la Sociedad Española de Microbiología (SEM), el Ilmo.

Sr. D. Francisco Javier Carballo García, Presidente del Grupo de Alimentos de la SEM y la Dra. Elena González Fandos, Presidenta del Comité Organizador del Congreso.

El Congreso ha sido estructurado con una conferencia inaugural, cuatro mesas redondas, una conferencia invitada, dos workshops, cinco sesiones de comunicaciones orales, cuatro sesiones de póster y una conferencia de clausura. La conferencia inaugural fue impartida por el Dr. Juan Evaristo Suárez de la Universidad de Oviedo con el título «De los alimentos fermentados a la microbiota autóctona y vuelta». En esta conferencia se destacó el papel de la fermentación en la conservación y características de los alimentos, así como los efectos beneficiosos que producen los microorganismos fermentadores. A continuación se celebró la Mesa Redonda I con el título «Microbiología límite de los alimentos. Microorganismos y condiciones límite del crecimiento» moderada por el Dr. Gonzalo García de Fernando de la Universidad Complu-



Entrega del II Premio OXOID a la mejor Tesis doctoral en Microbiología de los Alimentos al Dr. Guillermo Saldaña Navarro.



Acto oficial de Clausura del Congreso.

tense de Madrid. Los ponentes fueron el Dr. Bernard Mackey de la Universidad de Reading (Reino Unido), la Dra. Elena Carrasco de la Universidad de Córdoba y el Dr. Kostas Koutsoumanis de la Universidad Aristotle de Thessalonika (Grecia). En esta mesa redonda se abordó la adaptación bacteriana a condiciones limitantes, los modelos probabilísticos y su utilidad en Microbiología de alimentos

La Mesa Redonda II dedicada a las tecnologías emergentes en la conservación de alimentos fue moderada por la Dra. Pilar Mañas de la Universidad de Zaragoza y contó con los siguientes ponentes: la Dra. Cristina Silva de la Universidad Católica de Oporto (Portugal), la Dra. Pilar Mañas de la Universidad de Zaragoza y el Dr. Mike Peck del Instituto IFR de Norwich (Reino Unido). En esta mesa redonda se expuso la situación actual y perspectivas de futuro de las tecnologías emergentes, así como el efecto de estas tecnologías en la inactivación microbiana. Asimismo se ofreció una visión general de *Clostridium botulinum* haciendo especial referencia a los productos mínimamente procesados y listos para el consumo. La segunda jornada del Congreso finalizó con una visita guiada a la ciudad de Logroño.

La Mesa Redonda III, moderada por el Dr. Miguel Ángel Asensio Pérez de la Universidad de Extremadura tuvo por título «Avances en la detección y control de microorganismos patógenos en alimentos», y en ella participaron como ponentes el Dr. Juan José Córdoba Ramos de la Universidad de Extremadura, el Dr. Vicente Sanchis Almenar de la Universidad de Lleida, la Dra Rosa Aznar de la Universidad de Valencia y el Dr. Antonio Martínez López del Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos de Valencia. Esta mesa se centró en los métodos de detección y cuantificación de mohos toxigénicos y bacterias patógenas, así como en las estrategias de control.

La Mesa Redonda IV patrocinada por Lallemand estuvo dedicada a los avances en microbiología enológica. Esta Mesa fue moderada por la Dra. Rosa López Martín del Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (CAR-UR-CSIC) y contó con los siguientes ponentes: la Dra. Amparo Querol del IATA, Valencia, la Dra. Rosario Muñoz del ICTAN, Madrid y el Dr. Ramón González García del Instituto de Ciencias de la Vid y del Vino (CSIC-UR-CAR). En esta mesa redonda se abordaron aspectos de la biología y la biotecnología de tres grandes grupos de microorganismos responsables de las características de los vinos: *Saccharomyces cerevisiae*, otras levaduras del género *Saccharomyces* y sus híbridos y bacterias lácticas.

Además de las mesas redondas se impartió la conferencia titulada «Acreditación de laboratorios: experiencia práctica en Microbiología de alimentos» a cargo del Dr. David Tomás Fornés del AINIA, Valencia. En esta conferencia se abordó el desarrollo de métodos ISO, se plantearon las ventajas de la acreditación de laboratorios de Microbiología, asimismo se analizaron algunas cuestiones prácticas en la acreditación de laboratorios de Microbiología de alimentos.

En esta edición se ha contando con la inestimable ayuda del sector industrial. Se ha recibido ayuda de un importante número de patrocinadores y se han presentado dos Workshops de empresa: Workshop Oxoid «Últimos avances desarrollados para el Sistema Bax de detección de patógenos alimentarios» impartido por Itziar Olea y Workshop Sigma-Aldrich «Ensayos interlaboratorios con estándares de microorganismos» impartido por el Dr. Pedro Gutiérrez Rivas.

Asimismo, en esta edición se han entregado el «II Premio Especial del Grupo de Microbiología de Alimentos al mejor joven investigador en Microbiología de Alimentos» y el «II Premio de Investigación OXOID a la mejor Tesis doctoral en Microbiología de los Alimentos». El primero de ellos distingue al investigador en Microbiología de los alimentos menor de 40 años con una trayectoria e impacto destacados. Este premio ha sido otorgado a la Dra. Marta Hernández Pérez que impartió la conferencia de clausura del Congreso «Identificación y genotipado de vinos y bacterias en alimentos por técnicas moleculares». El segundo de ellos patrocinado por la Empresa Oxoid premia a la mejor tesis doctoral en Microbiología de los Alimentos defendida en España en los dos últimos años, este premio ha recaído en el Dr. Guillermo Saldaña Navarro de la Universidad de Zaragoza por la tesis «Criterios de procesado para la pasteurización de los alimentos por pulsos eléctricos de alto voltaje».

En este Congreso se han presentado un total de 103 comunicaciones en las temáticas siguientes: seguridad alimentaria, conservación de alimentos, microorganismos patógenos, alimentos fermentados, probióticos, alimentos funcionales, microorganismos alterantes, enología y otros. De las 103 comunicaciones, el Comité Científico seleccionó 27 que fueron expuestas de forma oral en las cinco sesiones previstas abriéndose al final de cada sesión un debate sobre los resultados y conclusiones de las comunicaciones presentadas. También se contó con cuatro sesiones de pósters donde se expusieron y debatieron las comunicaciones presentadas. Como en anteriores ediciones se hizo entrega del premio a la mejor comunicación oral, que en esta edición fue concedido a la Dra. María Concepción Cabezas Briales de la Universidad Complutense de Madrid por la comunicación «Pasteurización de tortilla española mediante ionización electrónica» y al mejor póster que fue obtenido por la Dra. Raquel Montiel Moreno del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria por el póster titulado «Reuterina: obtención, purificación y actividad antimicrobiana en salmón ahumado».

Además, durante el Congreso tuvo lugar la Asamblea del Grupo Especializado de Microbiología de los Alimentos, con la elección de distintos cargos de la junta directiva. Como presidente se eligió al Dr. Francisco Javier Carballo García, como tesorera a la Dra. Rosa M.ª del Campo Moreno y como vocales al Dr. Baltasar Mayo Pérez y a la Dra. Elena González Fandos. También se designó al Dr. Santiago Condón Usón de la Universidad de Zaragoza para la organización del próximo Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos en Zaragoza en 2014.

El acto de clausura fue presidido por el Ilmo. Sr. Javier Tardáguila Laso, Vicerrector de Investigación y Transferencia del Conocimiento de la Universidad de La Rioja, acompañado por el Ilmo. Sr. Francisco Javier Carballo García, Presidente del grupo de alimentos de la Sociedad Española de Microbiología y la Dra. Elena González Fandos, Presidenta del Comité Organizador del Congreso.



Entrega del II Premio Especial del Grupo de Microbiología de los alimentos a jóvenes investigadores a la Dra. Marta Hernández Pérez.



Visita a la Bodega López de Heredia.

XI Congreso Nacional de Micología

Jesús Manuel Cantoral Fernández.
Universidad de Cádiz



Los congresistas durante la recepción en el Ayuntamiento de Cádiz.

NÚMERO 54

28

SEM@FORO

DIC.
2012

Para la realización del Cartel del Congreso se trazaron unas líneas que representan el futuro «**Puente del Bicentenario**» sobre la Bahía de Cádiz, tratando de unir aquella Primera Constitución española del año 1812 («**La Pepa**») con los eventos de celebración del 2012, entre los que se enmarcó el «**XI Congreso Nacional de Micología**», que se celebró del 20 al 22 de Septiembre en la Facultad de Ciencias Económicas y Empresariales de la Universidad de Cádiz, donde se dieron cita expertos y jóvenes investigadores del amplio mundo de la Micología. La temática del Congreso trató de abarcar las diferentes especialidades de la que consta tanto del Grupo especializado de Micología

de la SEM, como de la Asociación Española de Micología (AEM).

El acto de Inauguración estuvo presidido por el Vicerrector de Investigación de la UCA, Dr. Manuel Bethencourth, y contó con la presencia de ambos directores de las dos sociedades, Dra. Amparo Querol (Micología de la SEM) y Dr. Guillermo Quindós (AEM). A continuación, el Dr. Carlos Gancedo impartió una magnífica conferencia que con el título «**Las levaduras en la Biología actual**», dejando claro su gran experiencia profesional a lo largo de su dilatada vida en el campo de las levaduras. Sin duda, todo un ejemplo a seguir tanto por su rigor científico como por su gran dedicación, sencillez y humanidad.

Ambas sociedades (SEM y AEM) compartieron dos Mesas Plenarias con 4 Conferencias cada una de ellas que llevaron por título: «**Bases fisiológicas y moleculares de la Micosis**» y «**Diagnóstico y tratamiento de las micosis. Interacción patógeno-hospedador**». Paralelamente ambas Sociedades impartieron 3 Mesas Redondas. Las correspondientes a la SEM se dedicaron a las siguientes temáticas: «**Ómicas en el mundo de los hongos**», «**Biología fúngica**» y «**Avances en el control de hongos toxigénicos y fitopatógenos**». Por su parte la AEM centró sus Mesas Redondas en estas tres temáticas: «**Micosis invasora: aspectos clínicos, diagnóstico y terapéuticos**», «**Aportaciones del laboratorio al diagnóstico y tratamiento de las micosis**» y «**Zoonosis y micosis ambientales**».

La Conferencia correspondiente al **Premio Fleming** fue impartida por el **Dr. Manuel Sánchez** bajo el título «**El amonio reprime funciones de virulencia en *Fusarium oxysporum* a través de cambios en el pH extracelular**»; y la **Conferencia de Clausura** fue magistralmente impartida por el **Dr. Guillermo Quindós** (presidente de la AEM) y llevó por título: «**Micosis, ambiente y cambio climático**». Como en todo Congreso, no faltó la Sesión de Póster con una nutrida participación en especial de jóvenes investigadores, de los cuales 16 tuvieron la oportunidad de exponer sus trabajos de forma oral. Estos entusiasmados jóvenes constituyen, sin lugar a duda, un futuro muy prometedor para ambas sociedades.

Dadas las celebraciones del Bicentenario se visitaron los lugares históricos como la Plaza de San Felipe, donde se ubica el Oratorio de San Felipe Neri, además de otros bellos rincones de la trimilenaria ciudad de Cádiz («**Tacita de Plata**»). El recorrido terminó en el Ayuntamiento de Cádiz donde se nos hizo un caluroso recibimiento en el Salón de Plenos, seguido de un cóctel de bienvenida. La cena del Congreso se realizó en el Casino Gaditano, situado en la castiza plaza de San Antonio. Fue una magnífica oportunidad de compartir unos momentos inolvidables en un marco histórico singular de un antiguo palacio de estilo mudéjar y de degustar las especialidades de la cocina gaditana, así como de sus afamados vinos de la región jerezana.

En definitiva, el «**XI Congreso Nacional de Micología**» sirvió para compartir ilusiones con viejos amigos y conocer a otros nuevos del amplio mundo de la Micología, en un clima sumamente agradable y en un marco incomparable como es la bella ciudad de Cádiz, engalanada para celebrar el bicentenario de la primera Constitución española de 1812. Un Congreso en el que la escasa financiación pública y privada se vio suplida con creces con enormes dosis de imaginación, buena voluntad y un gran espíritu de colaboración tanto por parte de los organizadores (grupo de «**Biología Fúngica**» de la UCA) como de todos los congresistas. En esta dirección encontrarás el libro de Actas y todos los detalles del Congreso:

<http://xicongresomicologiacadiz2012.com/>

NUEVOS SOCIOS DE LA SEM

- Aguirre Durán, Angel Alfonso
- Abecia Aliende, Leticia
- Aguilera Bazán, Ángeles
- Alías Villegas, Cynthia
- Alonso Hernando, Alicia
- Allué Guardia, Anna
- Aranda Ballesteros, Elisabet
- Belda Aguilar, Ignacio
- Benito Zuñiga, Alfredo Angel
- Caamaño Antelo, Sonia
- Carballo Pérez, Carlos
- Cascales Freire, Desirée
- Celador Lera, Lorena
- Cobo Molinos, Antonio
- Colomer Lluch, Marta
- Cueva Sánchez, Carolina
- Chapman, Susanne
- De Groot, Piet
- Díaz de Tuesta García, Juan Ángel
- Domínguez López, Raquel
- Figueroa Zubizarreta, Virginia
- Gabilondo Toscano, Regina
- García González, Paula
- Gegúndez Cámara, María Isabel
- Gil Muñoz, Jesús
- Gómez Donate, Marta
- Gómez Pastor, Rocío
- Gómez Sanz, Elena
- González González, Samuel
- Gutiérrez Cánovas, Adrián
- Hidalgo Cantabrana, Claudio
- Linares Pérez, Carlos
- López Sánchez, Aroa
- Marcos García, Marta
- Martín Cereceda, Mercedes
- Martínez Castillo, Alexandre
- Martínez Fernández, Gonzalo
- Molerés Apilluelo, Javier
- Muñoz Torres, Elisa
- Nieto Domínguez, Manuel José
- Pazos Don Pedro, Manuel
- Pérez de la Cruz, M.^a Angeles
- Pérez Martínez, Isabel
- Pérez Sautu, Unai
- Piña Villalonga, Juana M.^a
- Quereda Torres, Juan José
- Quintela Baluja, Marcos
- Ramos Morales, Eva
- Riesco Jarrín, Raúl
- Rioseras de Bustos, Beatriz
- Rodríguez Castro, Raquel
- Rodríguez Escudero, María
- Roig, Joan Miquel
- Sala Comorera, Laura
- Sánchez Bermúdez, David
- Santos López, Alfonso
- Sospedra López, M.^a Isabel
- Tabar Ayesa, Leyre
- Vázquez Rodríguez, Diego
- Villa Espinosa, Alieda

Altas desde el 26/4/2012 hasta 22/11/2012

IV Congreso de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'12)

Enrique Monte.

Centro Hispano-Luso de Investigaciones Agrarias (CIALE) y Departamento de Microbiología y Genética de la Universidad de Salamanca. Presidente del Comité Organizador



Los días 14, 15 y 16 de noviembre se celebró en Salamanca el IV Congreso de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'12). Asistieron 140 congresistas de 11 países diferentes, y se organizaron 7 sesiones que abarcaron los diferentes ámbitos de la Biotecnología Microbiana: Bioenergía y Biocombustibles, Biotecnología Farmacéutica, Agrícola, Enzimática y Bioprocesos, Ambiental, de los Alimentos y una sesión metodológica sobre Aplicaciones Ómicas (genómica, proteómica y bioinformática). Se presentaron 32 ponencias invitadas y 71 posters, destacando la abundante participación de jóvenes investigadores y estudiantes de postgrado. La conferencia inaugural corrió a cargo

de Rafael Camacho, último Director de Genoma España, sobre «*Transferencia de conocimiento y generación de valor en Biotecnología*». Hubo también una conferencia plenaria sobre «Armas biológicas. Bioseguridad y biocustodia», impartida por Rafael Pérez Mellado (CNB-CSIC. Madrid), representante de España en la Convención Internacional de Armas Biológicas, y la conferencia de clusura «*Proyecto Internacional del Microbioma Humano*» la dictó Francisco Guarner (Hospital Vall d'Hebron, Barcelona). Durante el congreso se entregó a Ignacio García, de la Universidad de Oviedo, el Premio Microkit al mejor poster, titulado «Caracterización de la ruta de biosíntesis de colismicina en *Streptomyces* sp. CS40».

IV Congreso de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

CMIBM'12

Salamanca 2012
14 al 16 de Noviembre

IX Reunión del Grupo especializado en Microbiología Molecular

José Antonio Bengoechea.
Grupo de Patogénesis Microbiana Fundación Investigación Sanitaria Illes Balears-CSIC



Biomedal

Empresa Patrocinadora del Premio de Investigación del Grupo



Entrega del Premio Biomedal. De izquierda a derecha, Alex Mira, Aurea Simón Soro, Elena Rivas (Biomedal), Pedro Belda Ferré, María Molina (Presidenta del Grupo) y Luis David Alcaraz.

El grupo especializado de Microbiología Molecular celebró su IX Reunión en Palma de Mallorca del 14 al 16 de Noviembre, organizada por el grupo de Patogénesis Microbiana (Fundación Investigación Sanitaria Illes Balears-CSIC). Al congreso asistieron 110 investigadores destacando la gran presencia de investigadores en formación. Los profesores **Jean-Pierre Gorvel** (Marsella, Francia) y **Miguel Valvano** (Belfast, Reino Unido) impartieron sendas conferencias magistrales sobre los nuevos estudios en la biología de las infecciones causadas por *Brucella* y *Burkholderia*, respectivamente. Se celebraron 5 sesiones que versaron sobre patogénesis, biotecnología, macromoléculas, regulación génica, antimicrobianos y vacunas. Las 23 presentaciones orales, de 15 minutos cada una, fueron impartidas por los investigadores en formación de los distintos grupos de investigación. De todas las presentaciones orales se seleccionaron las tres mejores exposiciones. Los galardonados fueron: Juan J. Quereda (Centro Nacional de Biotecnología), Andrés Valderrama (Centro Investigaciones

Biológicas) y Felipe Cava (Centro de Biología Molecular). Además, se expusieron un total de 44 pósteres en dos sesiones con amplio tiempo para su discusión. Los tres mejores pósteres fueron los presentados por: Agustina Taglialegna (Instituto de Agrobiotecnología), María García Caballer (Cardenal Herrera CEU) y María Antonia Sánchez Romero (Universidad de Sevilla). Todos los premiados recibieron un diploma acreditativo y un premio en metálico. Por último, se hizo entrega del **II Premio de investigación Biomedal** al artículo presentado por Pedro Belda Ferrer, del grupo de Alex Mira, publicado en *The ISME Journal* sobre la metagenómica de la placa dental. Pedro Belda Ferrer impartió la conferencia de clausura de la Reunión. El aspecto lúdico de la Reunión incluyó una cena de gala en el incomparable marco del Paseo Marítimo de Palma de Mallorca.

Por último, me gustaría agradecer toda la ayuda recibida para la organización de la Reunión y, además, expresar un recuerdo a todos los participantes que consiguieron que la Reunión fuese un éxito desde el punto de vista científico.

«Microvida. Más allá del ojo humano» Divulgación y difusión

Rubén Duro



CÓMO LLEGAR

«Microvida. Más allá del ojo humano»
CosmoCaixa (Alcobendas, Madrid)



Metro

- Línea 10 Metro Norte Estación:
Marqués de la Valdeavia



Autobuses

- Desde la plaza Castilla:
151, 153, 157, C52 y C54.
- Desde Canillejas:
827.
- Desde la Universidad Autónoma:
827A y 828.

ENLACES RELACIONADOS

www.microvida.net

Reportaje «Mundos Diminutos» en RTVE:

www.rtve.es/alacarta/videos/la-aventura-del-saber/aventura-del-saber-exposicion-microvida/1422486

www.expografic.es/es

La exposición «Microvida. Más allá del ojo humano» nació con un objetivo principal: acercar al público en general una biodiversidad que generalmente le pasa desapercibida, debido tanto al pequeño tamaño de los organismos como a los requerimientos técnicos necesarios para observarlos adecuadamente.

Desde el pasado 28 de marzo de 2012, y hasta finales del mismo mes de 2013, se puede visitar en la sede del CosmoCaixa de Madrid, localizado en la vecina población de Alcobendas. Se trata de una exposición basada en el trabajo fotográfico y videográfico que he desarrollado durante años, en la que se propone al espectador un recorrido audiovisual por el mundo de la microscopía y de la vida microscópica.

Organizado en diferentes ámbitos, el recorrido expositivo se inicia con una somera aunque clara explicación de la evolución del microscopio desde sus orígenes hasta nuestros días, haciendo hincapié en la importancia que las mejoras técnicas han supuesto para el avance de las observaciones científicas y, en definitiva, del conocimiento del mundo en el que vivimos.

Como si de adentrarse en el revólver de objetivos de un microscopio se tratase, el visitante va pasando posteriormente a través de los cuatro ámbitos dedicados a la microscopía óptica (x500, x1000, x2000 y x10000), y en cada uno de ellos puede observar tanto fotografías de gran formato como videos de los diferentes organismos observados con los correspondientes aumentos. La magnificación que da nombre a cada uno de los ámbitos, sin embargo, no hace referencia al aumento óptico real con el que se ha obtenido la imagen sino a la proporción entre la medida del organismo fotografiado y el tamaño final con el que ese mismo organismo aparece en la fotografía.

Tras recorrer los ámbitos dedicados a la microscopía óptica se llega al ámbito dedicado a la microscopía electrónica, y más en concreto a la microscopía electrónica de barrido.

Un ámbito posterior llamado «Videoteca» permite contemplar cuatro cortos documentales. Los tres primeros están dedicados a la reproducción, la alimentación y la locomoción de los organismos microscópicos, mientras que el cuarto corto documental trata el tema de la simbiosis tomando a los termes como ejemplo.

Puesto que uno de los principales objetivos (no el único) de la exposición es despertar el interés de la gente joven por el mundo microscópico, el último ámbito es enteramente interactivo. En él se pueden manipular, mediante pantallas táctiles y «joystick», diferentes microscopios para observar muestras en vivo tanto en campo claro como en campo oscuro, fotografiar lo observado y enviar la fotografía al propio correo electrónico, e incluso «tunear» microorganismos a voluntad y liberarlos posteriormente en una charca virtual de suelo reactivo en la que deambulan aleatoriamente.

Una vez finalizada la estancia de la exposición en el CosmoCaixa de Madrid será trasladada al CosmoCaixa de Barcelona, donde está previsto que permanezca a disposición de los visitantes durante otro año completo.

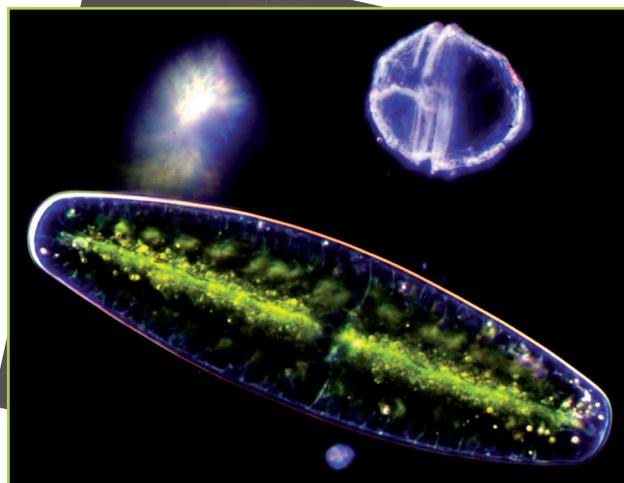
ANTECEDENTES DE LA EXPOSICIÓN

«Microvida. Más allá del ojo humano» es el resultado de un largo proceso personal que tuvo sus inicios a finales de la década de 1990. Dedicado a la divulgación de temas de Historia Natural tanto en el ámbito editorial como televisivo desde hace alrededor de tres décadas, siempre me pareció que había una parte de la realidad natural que quedaba excluida. Un gran mundo que, debido a su pequeñez, no se había tratado con el interés que merece. Fue entonces cuando inicié el trabajo de documentar tanto en video como en fotografía todo cuanto observaba a través del microscopio.

El primer resultado de esas observaciones y grabaciones fue la producción de un capítulo titulado «Ven con nosotros... al mundo más pequeño» dentro de la serie de documentales «Ven con nosotros» dirigida y producida por mí en 1998 con el apoyo del Canal Seasons de la plataforma Canal Satélite Digital. La serie en cuestión, que constaba de doce capítulos de diez minutos fue traducida a diferentes idiomas y emitida en, al menos, seis países.

La respuesta de los espectadores y el interés mostrado por las imágenes microscópicas que aparecían en ese documental me animó a plantearme el siguiente reto: la producción de una serie enteramente dedicada a los organismos microscópicos y a su importancia en el funcionamiento de los diferentes ecosistemas. Así fue como nació el proyecto titulado «Mundos diminutos» que se convirtió en una serie de ocho documentales de treinta minutos de duración. Esta serie, producida por mí y patrocinada parcialmente por la EXPO 2008 de Zaragoza, ha sido emitida por Televisión Española en tres ocasiones (2008, 2010 y 2012).

En paralelo a las primeras emisiones televisivas de la serie «Mundos diminutos» fui invitado por diversas instituciones a impartir conferencias sobre el tema, y mi gran sorpresa fue encontrarme siempre los auditorios llenos de personas interesadas en escuchar lo que les quería contar y en ver foto-



Netrium sp. y Peridinium sp. Fotografía de campo oscuro de un alga unicelular conjugada del género *Netrium* (aprox. 200 micras) y de un dinoflagelado del género *Peridinium* (aprox. 50 micras). Ambos organismos son fotosintéticos y forman parte del ecosistema acuático que se crea en las charcas permanentes de aguas limpias y frías en las zonas de elevada altitud y en las turberas. En numerosas ocasiones se encuentran englobados en la película mucosa que recubre las partes sumergidas de los vegetales de mayor tamaño.

grafías y clips de video de los organismos microscópicos con los que estaba trabajando. La mayor parte de los asistentes a las conferencias eran personas poco o nada relacionadas con la microscopía y mucho menos con la microbiología pero con muchas ganas de conocer algo más del mundo que nos rodea, algo distinto a lo que generalmente se muestra en los documentales de naturaleza al uso o en las publicaciones de divulgación relacionadas o no con los temas de naturaleza.

La respuesta de los asistentes a las charlas fue magnífica, algo que pude constatar durante el tiempo, casi siempre demasiado escaso, dedicado al coloquio informal y a las preguntas.

Fue precisamente la respuesta del público asistente a las conferencias la que hizo surgir la idea de producir una gran exposición dedicada a la vida microscópica. La Fundació La Caixa mostró su interés ya en 2008, pero no ha sido hasta 2012 cuando, gracias tanto al interés de la Fundació La Caixa como al magnífico trabajo de la empresa Expogràfic S.A, dedicada a la divulgación científica, el proyecto ha podido ver la luz bajo el nombre de «Microvida. Más allá del ojo humano».

PLANTEAMIENTO Y OBJETIVOS

Acostumbrados a, e incluso hasta cierto punto saturados de, documentales, exposiciones y publicaciones que nos



Trichonympha sp. Fotografía con luz oblicua de un ejemplar del género *Trichonympha* (aprox. 90 micras), protozoo parabasálico simbiote que habita en el intestino de los termes del género *Reticulitermes*. Es el simbiote de mayor tamaño de cuantos habitan en el tracto digestivo de estos termes. Presenta, a su vez, bacterias simbiotes internas productoras de celulasa y espiroquetas integradas en su membrana celular. Su relación con estas últimas no está todavía completamente definida. Se trata de un organismo anaeróbico estricto que colabora en la digestión de la celulosa. En su interior se aprecian las partículas de madera en proceso de digestión.

muestran la naturaleza con un sesgo claramente macroscópico, el objetivo de la exposición parecía, en principio, casi utópico.

¿Quién va a querer ver la foto de un ciliado, de un rotífero o de un alga conjugada, si ni siquiera sabe lo que son? La respuesta a esta pregunta formulada en los orígenes del proyecto fue descorazonadora: nadie excepto quien ya tenga unos conocimientos previos del tema. Vamos, que al principio parecía que la exposición iba a ir dedicada tan solo a un reducido grupo formado por científicos, divulgadores y algún que otro «frikí» de la microscopía. Y esa no era, evidentemente, la vocación de esta exposición.

La cuantificación del interés que despertaba el mundo microscópico en el público generalista, basado en mis experiencias anteriores con la serie de televisión «Mundos diminutos» y con las conferencias impartidas sobre el mismo tema eran alentadoras. Pero no nos podíamos dejar engañar

por las cifras. 50.000, 75.000 o hasta 130.000 espectadores para los capítulos de «Mundos diminutos» en La 2 de TVE, parecían unas buenas cantidades. Pero había que ser cautos. Muchas de esas personas, seguramente, tenían la televisión encendida pero no estaban viendo el programa, así que las cifras había que tomarlas con mucha precaución.

Debíamos buscar alguna fórmula, algún envoltorio que hiciera más atractivo el tema, que animase a todos aquellos que quedaban fuera de ese reducido grupo de «elegidos» a acercarse hasta la exposición. Entre las diferentes propuestas iniciales una fue ganando adeptos entre el equipo formado, principalmente, por los profesionales de la empresa Expogràfic, S.A. Quizás no se tratase simplemente de mostrar la biodiversidad oculta por la diminutez del tamaño sino de mostrar de qué manera se puede observar. Esto es, mostrar cómo podemos tener acceso a un mundo que no vemos con nuestros ojos desnudos.

La idea fue tomando forma. Había que hablar del microscopio, de las lentes, de la óptica aplicada, de los aumentos antes de descubrirle al visitante la maravillosa vida que se podía observar en ese micromundo al que ahora se le abrían las puertas.

Y retomando el concepto, la idea, del descubrimiento de un nuevo mundo ¿Por qué no hacer que el propio visitante se convirtiera en un «descubridor»? ¿Por qué no poner a su disposición los elementos necesarios para que, por él mismo, descubriera las extraordinarias formas de vida que habitan en ese mundo oculto?

Aceptado el reto, nada despreciable, de poner a disposición de personas absolutamente desconocedoras del mundo microscópico, y mucho menos de las técnicas de la microscopía, esta posibilidad, se puso en marcha la labor de diseñar los instrumentos adecuados para ello. La interactividad, ese concepto tan de moda actualmente, se adueñó a partir de ese momento de buena parte del proyecto. La exposición iba a nacer con una clara vocación interactiva. El visitante iba a poder manipular los instrumentos que le permitieran observar por sí mismo organismos similares a los que podía ver en las fotografías y los videos que forman la base del proyecto.

Pero quedaba un «fleco» sin resolver. Y no era ninguna menudencia. Englobado en el objetivo general expresado anteriormente había un apartado especialmente importante: los niños.

La familiaridad con la que los niños se acercan a la tecnología es sorprendente y, a la vez, intimidante. Acostumbrados como están desde muy corta edad a los iPad, iPhones, Notebooks, e-mail, etc., existía el peligro de que cualquier manera de mostrarles el mundo microscópico no fuera capaz de captar su interés por ser considerada «anticuada», término que ellos suelen identificar con «aburrida».

La gran experiencia museográfica de Expogràfic, S.A. permitió evitar ese «aburrimiento». Se diseñó todo un conjunto de aplicaciones tecnológicas interactivas que transformasen parte de la exposición en un «juego multimedia». Nació entonces el «Micrarium», donde hasta los más pequeños pueden «jugar» con la tecnología para adentrarse en el

mundo de la microscopía. Cámaras fotográficas y de video acopladas a microscopios especialmente diseñados para ser manipulados mediante pantallas táctiles y «joystick» permiten no solo observar muestras vivas bajo las lentes de los microscopios sino incluso realizar fotografías y enviarlas al correo electrónico deseado, algo que para los niños ha resultado ser de lo más excitante.

Y en esa misma línea de pensamiento, un software adaptado específicamente para nuestro propósito, permite seleccionar en una gran pantalla táctil uno de los muchos microorganismos mostrados en las fotografías y vídeos de la exposición y «tunearlo» a voluntad antes de «liberarlo» en una charca virtual de suelo reactivo en la que no solo pulula libremente sino que, además, intenta escapar cuando se ve amenazado.

RESULTADOS PARCIALES

Cuando han transcurrido poco más de seis meses desde la inauguración de la exposición en el CosmoCaixa de Alcobendas (Madrid), es posible hacer una valoración parcial de los resultados.

¿Hemos alcanzado el objetivo que nos habíamos propuesto? Los datos parecen indicar que sí, que se ha logrado. Aunque con ciertas variaciones en cuanto a las cifras, parece que más de 105.000 personas de todas las edades han visitado la exposición durante este período de tiempo, y las valoraciones de la misma que se pueden encontrar publicadas en la internet son muy alentadoras.

De cualquier manera, no es solo la cuantificación de las visitas a la exposición lo que considero más importante.

Uno de los objetivos personales a la hora de iniciar el proyecto era el de despertar curiosidad y, quién sabe, si también alguna vocación. ¿Habrá algún niño al que la visita a «Microvida» haya supuesto algo especial? ¿Algún niño que, a partir de su visita, quiera seguir mirando por un microscopio? Si ha sido así todo el esfuerzo y el trabajo que ha supuesto la producción del material que conforma la exposición habrán valido la pena.

A MODO DE CONCLUSIÓN PERSONAL

Las principales dificultades con las que uno se encuentra a la hora de llevar a cabo un proyecto como «Microvida. Más allá del ojo humano» o como la serie «Mundos diminutos» no son, como cabría pensar en un principio, técnicas. Ni siquiera financieras, que también las hay, y grandes. Son, sencillamente, de comprensión.

Y con este término no me refiero a que el visitante o el espectador televidente comprendan o entiendan lo que se pretende explicar o mostrar. No. Me refiero a la incompreensión casi total por parte de los poderes o las instituciones que pueden hacer que un proyecto de estas características vea la luz.

Mi experiencia en la producción de la serie «Mundos Diminutos» me ayudó a detectar, que no a solucionar, uno

de los principales problemas. Seguramente si hubiera querido hacer una serie de documentales sobre los leones de las llanuras de Tanzania o sobre los tigres siberianos no me habría encontrado con estos problemas, pero los organismos microscópicos eran un tema especial.

Generalmente los documentales relacionados con la naturaleza (en su más amplia acepción) se dividen en dos grupos: los documentales científicos y los documentales de naturaleza.

Eso genera una profunda y negativa segregación, puesto que cuando un documental (que no un programa o reportaje) es bautizado como «científico» se considera «demasiado» complicado o exigente intelectualmente para ser ofrecido a una audiencia televisiva general. Mientras que, por otra parte, un documental considerado de naturaleza suele ser contemplado con cierta displicencia por parte de los estamentos científicos.

La serie «Mundos diminutos», debido a su propia esencia, navegó siempre entre esas dos aguas. Los medios de comunicación, léase televisiones, la consideraron una serie «demasiado científica», mientras que los estamentos científicos siempre la vieron como una serie «poco científica», una serie «de naturaleza». Siempre he creído, y la evolución de mi trabajo me confirma mis sospechas, que no existe diferencia alguna entre ambos ámbitos. Que un documental científico no deja de ser un documental de naturaleza (¿Qué estudia la ciencia si no?) y que un documental de naturaleza es por propia definición un documental de ciencia. Es más, en muchas ocasiones un documental considerado de naturaleza es, en sí mismo, una investigación.

La divulgación de la naturaleza o de la ciencia, no tan solo de los naturalistas o los científicos, es una labor necesaria. Y por la propia etimología de la palabra (*divulgāre*) esta labor debe intentar acceder a la máxima cantidad de personas posible. No basta con difundir conocimientos entre personas con un determinado nivel cultural o un interés previo por el tema tratado, el objetivo debe ser ofrecer los conocimientos que se acumulan en los centros de investigación o las universidades a cualquier persona, y al mayor número de ellas.

Y, evidentemente, por mucho que nos resulte, en ocasiones, desagradable, las principales plataformas de difusión de conocimientos (y desconocimientos) al público en general son actualmente las cadenas de televisión. Considero una obligación (es una opinión personal, como casi todas las que he ofrecido hasta ahora) que las personas relacionadas con la ciencia y con la investigación lleven a cabo una creciente labor de difusión de sus conocimientos, de divulgación de los temas que están investigando, ya que solo de esa manera se pueden ofrecer al resto de la sociedad los elementos indispensables para la formación de criterio a la par que luchar contra los tan de moda «activos tóxicos» que invaden las pantallas televisivas.

Como dijo un microbiólogo de renombre con el que he tenido el placer de coincidir en alguna ocasión: «Mira Rubén, un minuto nuestro en televisión es un minuto menos de Belén Esteban.»

Y creo que, solo por eso, ya vale la pena el esfuerzo.

Problemas actuales en la identificación clínica de *Streptococcus pneumoniae*



Ernesto García López

Profesor de Investigación de OPIs y trabaja en el Departamento de Microbiología Molecular y Biología de las Infecciones del Centro de Investigaciones Biológicas (CIB-CSIC). Hace más de 30 años se incorporó al equipo de investigación recién creado por los Drs. Concepción Ronda y Rubens López para investigar la biología de neumococo y sus fagos. En 1985, en colaboración con los Drs. Pedro García y José Luis García, el grupo logró la clonación del gen *lytA* y su expresión en *E. coli*. Este hecho representa el primer ejemplo en lo que se refiere a una autolisina bacteriana, y la secuencia correspondiente fue publicada un año más tarde. En los años siguientes se puso en evidencia la existencia de notables homologías entre el gen *lytA* del huésped y los genes responsables de la lisis bacteriana codificados por los fagos, líticos y atemperados, de neumococo. Además de estos aspectos básicos, el grupo ha puesto de manifiesto el importante potencial terapéutico de las enzimas líticas de pared de neumococo y sus fagos.

NÚMERO 54

36

LOS ESTREPTOCOCOS

Generalidades

Dentro del grupo integrado por, al menos, 17 géneros de cocos Gram-positivos, anaerobios facultativos y con bajo contenido en G+C (<50 mol%), los miembros del género *Streptococcus* se caracterizan por ser de forma ovoide o esférica, formar cadenas más o menos largas y no producir catalasa¹. Desde el punto de vista sistemático, los estreptococos han sufrido cambios notables como consecuencia de la separación de nuevos géneros a partir de 1984². Actualmente, se conocen más de 75 especies de estreptococos (www.bacterio.cict.fr/s/streptococcus.html)

que se dividen en 6 grupos sobre la base de la secuencia del rRNA 16S³: *anginosus*, *bovis*, *mitis*, *mutans*, *piogenicus* y *salivarius*. Cuando se multiplican en medios sólidos conteniendo sangre, los estreptococos muestran tres tipos de reacciones: β -hemólisis (con un halo definido de desaparición del color de la sangre alrededor de la colonia), α -hemólisis (observándose una zona de color verdoso alrededor de la misma), o no hemólisis (a veces llamada γ -hemólisis). Mientras que la β -hemólisis supone la destrucción de los eritrocitos y es producida por hemolisinas solubles (como la estreptolisina L de *Streptococcus pyogenes*), la α -hemólisis es el resultado de la formación de metahemoglobina [forma oxidada (Fe^{3+}) del hierro del grupo hemo] por acción del H_2O_2 producido por estas bacterias⁴. Los estreptococos α -hemolíticos han sido también

denominados *viridans* por el color verdoso que muestran las placas alrededor de las colonias^{5,6} (Fig. 1A) y Facklam² ha propuesto clasificarlos en 5 grupos: mutans, salivarius, anginosus, sanguinis y mitis (en ocasiones se añade el grupo bovis). No obstante, hay que destacar el hecho de que la inclusión de algunos estreptococos en estos grupos o en los propuestos por Kawamura *et al.*³ no siempre resulta coherente. En general, se puede afirmar que buena parte de las especies pertenecientes al grupo piogénico (pero no todas) son β -hemolíticas (*S. pyogenes*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus porcinus*, etc.) (Fig. 1B), mientras que las del grupo anginosus —integrado por *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus constellatus* y *Streptococcus intermedius*— pueden ser α - o β -hemolíticas. Hay que destacar el hecho de que, posiblemente, con la única excepción de *Streptococcus thermophilus*, todos los estreptococos poseen un destacado potencial patogénico para el hombre, los animales o ambos.

Debido a la existencia comprobada de fenómenos de recombinación genética entre la mayoría de estreptococos^{7,8}, las barreras filogenéticas entre especies se ven difuminadas frecuentemente, con los problemas de identificación que ello acarrea. Este hecho es particularmente notorio entre los estreptococos α -hemolíticos y, en concreto, en el caso de los estreptococos del grupo mitis (EGM) de los que forma parte *Streptococcus pneumoniae* (neumococo) (Fig. 1A).

EGM, UN CONJUNTO DE ESPECIES DIFÍCILES DE CLASIFICAR

Aunque considerados tradicionalmente como comensales y, en todo caso, como patógenos oportunistas en pacientes inmunodeprimidos⁵, existen abundantes indicios en la actualidad que indican que los EGM, en colaboración

con otras bacterias presentes en la cavidad oral, pueden desempeñar un papel importante, previamente ignorado, en la patogenia de un buen número de enfermedades⁹. A este respecto, es importante resaltar el hecho que las bacterias del género *Streptococcus* son las más abundantes en la cavidad bucal, al menos en lo que a número de especies diferentes se refiere^{10, 11}.

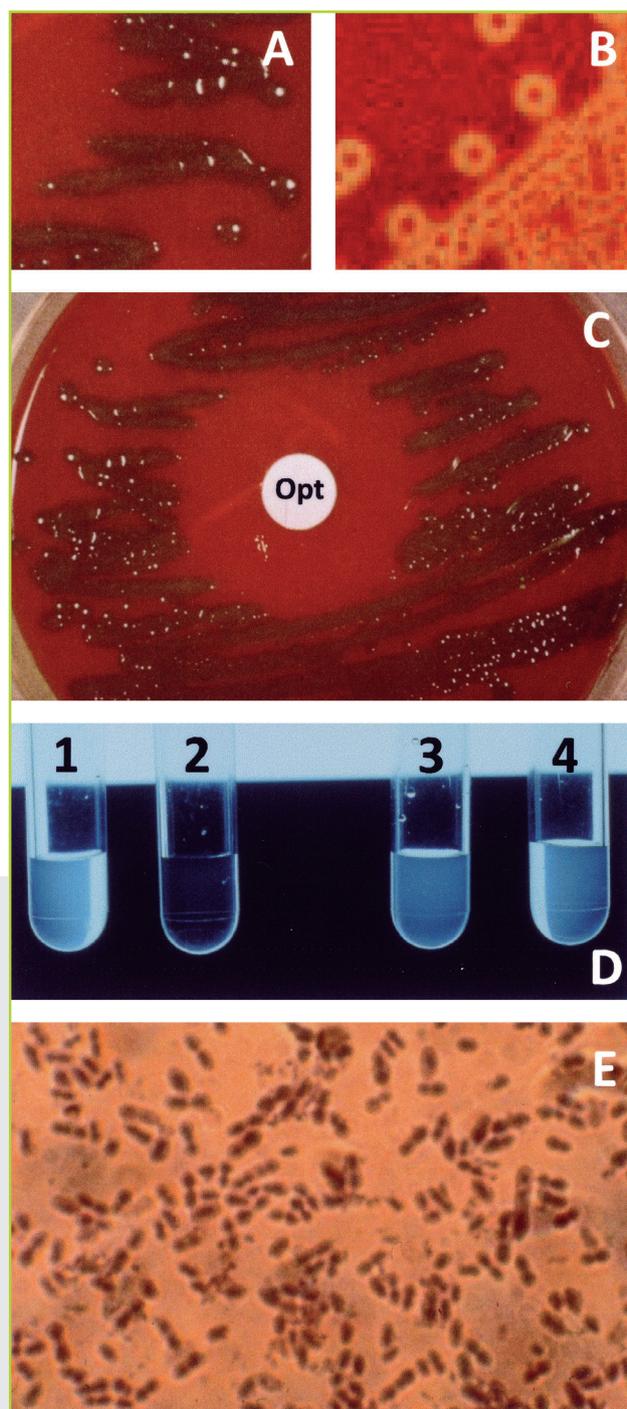


Fig. 1. Algunas características fisiológicas típicas de *S. pneumoniae*. Neumococo es una estreptococo α -hemolítico (A) en contraposición a *S. pyogenes* que produce β -hemolisis en la superficie de las placas de agar-sangre (B). (C) Inhibición del crecimiento de neumococo alrededor de un disco impregnado en optoquina (Opt). (D) Efecto lítico del desoxicolato sódico (Doc). Cultivos de neumococo (tubos 1 y 2) o de un EGM (*S. mitis*; tubos 3 y 4) fueron incubados con Doc (concentración final, 1%) durante 5 min a 37 °C (tubos 2 y 4). Los tubos 1 y 3 no recibieron detergente. (E) Reacción capsular (Quellung) de una cepa de neumococo en presencia de un antisuero capsular específico. El halo claro que rodea a las bacterias corresponde a la cápsula polisacáridica. Las fotos C–E son cortesía de la Dra. A. Fenoll (Instituto de Salud Carlos III).

NOMBRE	AÑO DE DESCRIPCIÓN	SECUENCIAS GENÓMICAS ^a	REFERENCIA ^b
<i>S. pneumoniae</i>	1901	152 (73) ^c	Chester. 1901. <i>A manual of determinative bacteriology</i> . The MacMillan Co. NY, pp. 63–64. Skerman <i>et al.</i> 1980. <i>IJSB</i> 30 , 225–420
<i>S. mitis</i>	1906	15	Andrewes & Horder. 1906. <i>Lancet</i> 168 , 708–713 Kilian <i>et al.</i> 1989. <i>IJSB</i> 39 , 471–484
<i>S. sanguinis</i>	1946	24	White & Niven. 1946. <i>JB</i> 51 , 717–722 Kilian <i>et al.</i> 1989. <i>IJSB</i> 39 , 471–484
<i>S. oralis</i>	1982	10	Bridge & Sneath. 1982. <i>IJSB</i> 32 , 410–415 Kilian <i>et al.</i> 1989. <i>IJSB</i> 39 , 471–484
<i>S. gordonii</i>	1989	2	Kilian <i>et al.</i> 1989. <i>IJSB</i> 39 , 471–484
<i>S. parasanguinis</i>	1990	7	Whiley <i>et al.</i> 1990. <i>FMB</i> 68 , 115–122
<i>S. cristatus</i>	1991	3	Handley <i>et al.</i> 1991. <i>IJSB</i> 41 , 543–547
<i>S. infantis</i>	1998	6	Kawamura <i>et al.</i> 1998. <i>IJSB</i> 48 , 921–927
<i>S. peroris</i>	1998	1	Kawamura <i>et al.</i> 1998. <i>IJSB</i> 48 , 921–927
<i>S. australis</i>	2001	2	Willcox <i>et al.</i> 2001. <i>IJSEM</i> 51 , 1277–1281
<i>S. sinensis</i>	2002	0	Woo <i>et al.</i> <i>JCM</i> 40 , 805–810
<i>S. oligofermentans</i>	2003	0	Tong <i>et al.</i> 2003. <i>IJSEM</i> 53 , 1101–1104
<i>S. pseudopneumoniae</i>	2004	3	Arbique <i>et al.</i> 2004. <i>IJCM</i> 42 , 4686–4696
<i>S. lactarius</i>	2011	0	Martín <i>et al.</i> 2011. <i>IJSEM</i> 61 , 1048–1052
<i>S. tigurinus</i>	2012	0	Zbinden <i>et al.</i> 2012. <i>IJSEM</i> 62 , 2941–2945
<i>S. troglodytidis</i>	2012	0	Zhang <i>et al.</i> 2012. <i>IJSEM</i> doi:10.1099/ij.s.0.038133-0

^a GOLD: Genomes OnLine Database (www.genomesonline.org). Incluye borradores y secuencias parciales.
^b *FML*, FEMS Microbiol. Lett.; *IJSB*, Int. J. Syst. Bacteriol.; *IJSEM*, Int. J. Syst. Evol. Microbiol.; *JB*, J. Bacteriol.; *JCM*, J. Clin. Microbiol.
^c HOMD: Human Oral Microbiome Database (www.homd.org).
 Datos actualizados el 4 de septiembre de 2012.

Tabla 1. *Estreptococos incluidos en el grupo mitis (EGM).*

En la actualidad, hasta 16 especies forman parte del grupo de EGM (Tabla 1) y es destacable que todas ellas comparten una similitud, en el rRNA 16S, superior al 96%, y que supera el 99% en el caso de *S. pneumoniae*, *S. pseudopneumoniae*, *S. mitis* y *S. oralis*. Es evidente, por tanto, que la mera determinación de la secuencia del rRNA 16S presenta problemas aparentemente irresolubles a la hora de identificar con precisión un aislado clínico perteneciente al grupo de los EGM^{12,13}. En este contexto, no parece necesario subrayar que los métodos bioquímicos tampoco son de gran utilidad práctica en la identificación precisa de este grupo de microorganismos y, frecuentemente, los diversos kits comerciales pueden proporcionar resultados contradictorios o, cuando menos, poco claros.

STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE, UN PATÓGENO HUMANO DE PRIMERA DIVISIÓN

Entre los EGM, neumococo ocupa un papel preeminente ya que es un patógeno humano de enorme importancia y causa frecuente de, entre otras enfermedades, otitis media, neumonía adquirida en la comunidad, bacteriemia y meningitis, sobre todo en niños menores de 5 años y adultos mayores de 65. Se calcula que la tercera parte de las muertes anuales que se producen en el mundo son debidas a enfermedades infecciosas y, entre todas ellas, las enferme-

dades respiratorias son las responsables del fallecimiento de 4 millones de personas cada año¹⁴. De acuerdo con la estimaciones de la OMS, la sepsis, la neumonía neonatal y la neumonía comunitaria en niños mayores dan cuenta de casi el 30% de los 10.6 millones de muertes anuales en niños menores de 5 años, siendo *S. pneumoniae* el causante más frecuente de neumonía severa infantil, tanto en países desarrollados como en aquellos en vías de desarrollo¹⁵. Datos epidemiológicos recientes indican que neumococo es responsable de la muerte, en todo el mundo, de entre 700 000 y un millón de niños cada año. Además, también cada año, se producen casi 15 millones de casos graves de enfermedad neumocócica en la población infantil¹⁶. Por otra parte, algunos cálculos indican que los costes, directos e indirectos, producidos como consecuencia de las infecciones neumocócicas en personas de edad avanzada en EE.UU. pueden superar los 5000 millones de dólares anuales¹⁷. Desgraciadamente, a pesar de la introducción de las vacunas conjugadas antineumocócicas 7-valente y, más recientemente, 13-valente y debido, probablemente, al incremento en los casos de enfermedad invasiva causados por serotipos no incluidos en dichas vacunas, no está claro en la actualidad que la vacunación de la población infantil sea coste-efectiva¹⁸.

En los laboratorios de microbiología clínica de todo el mundo, cualquier estreptococo (preferentemente, diplococo) que forme colonias típicas en superficie con características α -hemolíticas (nótese que, en condiciones de baja concentración de O_2 , neumococo produce β -hemólisis por la acción de la neumolisina Ply), es sometido a la prueba de la susceptibilidad a la optoquina (Opt) (Fig. 1C). La Opt (un derivado de la quinina) inhibe la ATPasa protón-motriz de la membrana de neumococo¹⁹. Además, en la mayoría de los países industrializados, los posibles neumococos (seleccionados como susceptibles a Opt) se tratan con desoxicolato sódico (Doc) ya que, en principio, sólo *S. pneumoniae* es lisado por este detergente (característica conocida clásicamente como «solubilidad en bilis») (Fig. 1D). Hasta la fecha, sólo se ha descrito un aislado clínico de neumococo que no se lisa con este detergente (debido a una mutación en el gen *lytA*)²⁰. El Doc destruye la membrana bacteriana disparando la actividad incontrolada de la autolisina LytA (lo que provoca una lisis total del cultivo en menos de 5 minutos)²¹. Finalmente, sólo algunos laboratorios especializados llevan a cabo la prueba de tipificación capsular (conocida clásicamente como reacción capsular o *Quellung*)²² (Fig. 1E). Dada la necesidad de un investigador bien entrenado para reconocer al microscopio algunas reacciones capsulares, en los últimos años se han desarrollado otras técnicas moleculares²³ e inmunológicas^{24,25} que, no obstante, en ocasiones, todavía pueden requerir una validación posterior por el procedimiento tradicional²⁶. Por otra parte, dado que los aislados clínicos de neumococo son típicamente capsulados (hasta el momento se han descrito al menos 94 tipos capsulares química e inmunológicamente diferentes)²⁷, la serotipificación tiene un enorme valor epidemiológico.

En principio, cualquier neumococo debe cumplir estas tres condiciones:

1. Ser sensible a Opt.
2. Lisarse en presencia de Doc.
3. Poseer cápsula polisacáridica.

No obstante, la dilatada experiencia acumulada desde el descubrimiento de neumococo en 1881, ha demostrado que existen verdaderos neumococos que no poseen esas tres propiedades (en ocasiones, ninguna de ellas) así como otros EGM que, sin pertenecer a la especie *S. pneumoniae*, muestran alguna (o algunas) de ellas^{28,29}. En estos casos, la identificación clínica precisa de tales aislados se ha demostrado muy complicada y ello, sin embargo, resulta imprescindible para poder aplicar al paciente un régimen terapéutico adecuado en el plazo más breve posible. Además, aunque tradicionalmente se ha asumido que los aislados no capsulados de neumococo eran avirulentos, no es infrecuente la demostración de diversas infecciones causadas por este tipo de neumococos, particularmente en casos de conjuntivitis y otitis³⁰.

DIAGNÓSTICO CLÍNICO DE LA INFECCIÓN NEUMOCÓCICA

Con el fin de determinar la existencia de características que permitan la discriminación entre neumococos y otras especies de EGM, la mayoría de los estudios recurre a la técnica de PCR para determinar la secuencia nucleotídica, parcial o total, de diferentes genes y su comparación entre aislados de especies modelo (Tabla 2). En la actualidad, esta aproximación experimental ha tomado un notable auge al incorporar nuevas técnicas como la PCR en tiempo real y la pirosecuenciación. La mayor parte de los genes utilizados con este fin están conservados en la mayoría, si no en todas, las bacterias, aunque el grado de conservación varía considerablemente y ello hace que unos genes proporcionen más información que otros. El límite podría estar en el caso de los genes codificantes del rRNA 16S en donde un reciente estudio ha propuesto que la existencia de un polimorfismo en una sola base en la posición 203 del gen que codifica el rRNA 16S sea considerado suficiente para distinguir *S. pneumoniae* (que posee una citosina) de otros EGM (que poseen una adenina) (Tabla 2). Algo similar sucede con el fragmento de DNA denominado Spn9802 (Tabla 2) que se ha propuesto que está solamente presente en cepas de *S. pneumoniae*. No obstante, un análisis de las secuencias depositadas en los bancos de datos demuestra que *S. pseudopneumoniae* posee una secuencia casi idéntica (2–3 mutaciones en 156 pb) (datos no publicados). Lo que parece deducirse de todo lo anterior es que, a pesar de todos los intentos realizados, la elección de un «patrón oro» en la identificación de neumococo está todavía por decidirse.

En los últimos años se han comercializado dos kits para la identificación de neumococo. El primero de ellos (AccuProbe™; Gen-Probe, Inc.) se basa en el reconocimien-

GEN/TÉCNICA	FUNCIÓN	REFERENCIA ^a
rRNA 16S	rRNA 16S	Scholz <i>et al.</i> 2012. <i>JCM</i> 50 , 1968–1973
rpoB	RNA polimerasa (subunidad b)	Drancourt <i>et al.</i> 2004. <i>JCM</i> 42 , 497–504 Glazunova <i>et al.</i> 2009. <i>IJSEM</i> 59 , 2317–2322
sodA	Superóxido dismutasa Mn-dependiente	Poyart <i>et al.</i> 1998. <i>JCM</i> 36 , 41–47 Glazunova <i>et al.</i> 2009. <i>IJSEM</i> 59 , 2317–2322
groEL	Proteína <i>heat-shock</i>	Teng <i>et al.</i> 2002. <i>JCM</i> 40 , 3172–3178 Glazunova <i>et al.</i> 2009. <i>IJSEM</i> 59 , 2317–2322
gyrB	DNA girasa (subunidad B)	Itoh <i>et al.</i> 2006. <i>SAM</i> 29 , 368–374 Glazunova <i>et al.</i> 2009. <i>IJSEM</i> 59 , 2317–2322
recN	Recombinación/replicación	Glazunova <i>et al.</i> 2010. <i>IJSEM</i> 60 , 2140–2148
tuf	Factor de elongación Tu	Picard <i>et al.</i> 2004. <i>JCM</i> 42 , 3686–3695
lytA	Principal autolisina	Véase texto
ply	Neumolisina	Véase texto
recA	Recombinación	Zbinden <i>et al.</i> 2011. <i>JCM</i> 49 , 523–527
Spn9802 ^b	Desconocida	Suzuki <i>et al.</i> 2005. <i>JCM</i> 43 , 4528–4534 Abdeladim <i>et al.</i> 2008. <i>DMID</i> 60 , 143–150
MLST ^c	<i>aroE, ddl, gdh, gki, recP, spi, xpt</i>	Enright & Spratt. 1998. <i>Mic</i> 144 , 3049–3060
MLSA ^c	<i>map, pfl, ppaC, pyk, rpoB, sodA, tuf</i>	Bishop <i>et al.</i> 2009. <i>BMC_B</i> 7 , 3
AccuProbe TM	Sonda parcial de rRNA 16S	Denis & Carey. 1992. <i>JCM</i> 30 , 2725–2727
Binax NOW [®]	Detecta ácido teicoico (polisacárido C)	Dowell <i>et al.</i> 2001. <i>CID</i> 32 , 824–825
MALDI-TOF MS	Análisis de la pared celular	Drancourt. 2010. <i>CMI</i> 16 , 1620–1625 Werno <i>et al.</i> 2012. <i>JCM</i> 50 , 2863–2867
		Wieser <i>et al.</i> 2012. <i>AMB</i> 93 , 965–974

^a *AMB*, Appl. Microbiol. Biotechnol.; *BMC_B*, BMC Biol.; *BMC_ID*, BMC Infect. Dis.; *CMI*, Clin. Microbiol. Infect.; *DMID*, Diagn. Microbiol. Infect. Dis.; *IJSEM*, Int. J. Syst. Evol. Microbiol.; *JCM*, J. Clin. Microbiol.; *Mic*, Microbiology; *SAM*, Syst. Appl. Microbiol.
^b El fragmento Spn9802 (156 pb) corresponde a la región intergénica *spr0556–spr0557* y situada entre las posiciones 558025 y 558180 del genoma de la cepa R6 de neumococo (AE007317).
^c MLSA, Multilocus sequence analysis; MLST, multilocus sequence typing. Se indican los genes secuenciados en cada caso.

Tabla 2. Genes y técnicas utilizados frecuentemente en la identificación de aislados clínicos de *S. pneumoniae*.

to de esta bacteria utilizando una sonda quimioluminiscente que contiene un fragmento del gen del rRNA 16S. Datos recientes, sin embargo, reconocen que esta sonda es incapaz, por ejemplo, de distinguir entre neumococo y *S. pseudopneumoniae*³¹. Algo parecido se puede decir de Binax NOW[®] (Binax, Inc.). A finales de la década de los noventa del pasado siglo se desarrolló este método, sencillo y rápido, basado en la inmunocromatografía de membrana, para el diagnóstico de la neumonía neumocócica. Este método detecta el polisacárido C (un ácido teicoico conteniendo colina), característico no sólo de todos los

neumococos sino también de otros EGM como, al menos, *S. pseudopneumoniae*, *S. mitis* y *S. oralis*, en la orina de los pacientes infectados. Aunque Binax NOW es positivo para los 23 serotipos de neumococo responsables del 90% de las infecciones neumocócicas graves y proporciona resultados en sólo 15 min tiene, además de la falta de especificidad ya señalada, un límite de detección elevado (equivalente a, aproximadamente, 10⁵ unidades formadoras de colonias ml⁻¹) así como poca fiabilidad en pacientes pediátricos ya que éstos, con frecuencia, son portadores asintomáticos del germen y pueden ofrecer resultados positivos falsos³².

GEN <i>LYTA</i>	NEUMOCOCO	OTROS EGM	PROFAGOS DE NEUMOCOCO	OTROS PROFAGOS
Neumococo	0.1–3.3	19.5–23.5	← 12.9–25.2 →	
Otros EGM			← 20.7–28.4 →	
Profagos de neumococo			1.3–2.7	17.8–19.1
Otros profagos				14.9–16.1

El número estimado de sustituciones por 100 bases se calculó mediante el método descrito por Jin y Nei (1990; *Mol. Biol. Evol.* **7**: 82–102).

Tabla 3. Rango de divergencias evolutivas (%) entre genes *lytA* bacterianos y fágicos.

Por otra parte, en la mayoría de los estudios, una fracción significativa de pacientes con hemocultivo (o cultivo de esputo) positivo para neumococo dieron resultados negativos con Binax y, además, este test puede seguir arrojando resultados positivos durante varias semanas después de la curación de una infección neumocócica.

Mención aparte merece la aplicación reciente de la tecnología de MALDI-TOF MS a la identificación de microorganismos en la clínica. Aunque esta técnica está permitiendo llevar a cabo identificaciones de muchos microorganismos (incluso directamente a partir de muestras clínicas) en unas 2 h, lamentablemente, el 80% de las cepas de neumococo no parecen poder diferenciarse de otras especies próximas de EGM. Se han desarrollado técnicas diversas como la tipificación mediante secuenciación multilócica (MLST; www.mlst.net/) o el análisis multilócico (MLSA; www.eml-sa.net/) con objeto de facilitar dicha discriminación. En particular, la técnica de MLST ha permitido desarrollar una base de datos que proporciona información filogenética de gran interés y se ha desarrollado un programa específico para determinar, sobre la base de la secuencia parcial de seis genes *housekeeping* (*aroE*, *gdh*, *gki*, *recP*, *spi*, *xpt*), si un determinado aislado clínico es o no un verdadero neumococo (<http://spneumoniae.mlst.net/sql/concatenate/isitaddto.asp>). Desgraciadamente, aunque los costes de la secuenciación son cada día menores, no parece probable que estos métodos sean de aplicación práctica en el día a día de un laboratorio clínico.

En la búsqueda de genes específicos de neumococo, dos sobresalen por encima de los demás: el gen *ply*, que codifica la neumolisina —una citolisina dependiente de colesterol³³— y *lytA*, que codifica la principal autolisina²⁷. Aunque durante bastante tiempo se creyó que *Ply* era exclusiva de neumococo, resultados recientes han demostrado que enzimas muy similares se encuentran también en *S. pseudopneumoniae* (pseudoneumolisina; *Pply*) y *S. mitis* (mitilisina; *Mly*)³⁴. El caso del gen *lytA* es diferente. Como ya se ha mencionado anteriormente, la lisis específica de neumococo en presencia de Doc es causada por la acción incontrolada de la principal autolisina (*LytA*), una *N*-acetilmuramoil-L-alanina amidasa (NAM-amidasa; EC 3.5.1.28). En consecuencia, la ausencia de

lisis por Doc, haría suponer que otros EGM carecerían de esta actividad enzimática. La situación, no obstante, es más complicada de lo que, a primera vista, pudiera parecer. De hecho, *S. pseudopneumoniae* y algunos otros aislados de EGM poseen un gen (*lytA*_{EGM}) muy similar (≥80% de nucleótidos idénticos) al gen *lytA* de neumococo (*lytA*_{Spn}) (Tabla 3). Asimismo, todos los fagos atemperados de neumococo conocidos hasta la fecha (y algunos profagos de *S. mitis*) también codifican NAM-amidasas (*LytA*_{PPH}) estrechamente emparentadas con *LytA*_{Spn}^{29,35,36} (Tabla 3). Es importante señalar que, mientras los genes *lytA* de todos los neumococos y sus profagos conocidos hasta la fecha poseen 957 pb (codificando una NAM-amidasa de 318 aminoácidos), los alelos *lytA* de todos los EGM (y de algunos de sus fagos) poseen una delección de 6 pb y, por tanto, codifican proteínas de tan sólo 316 aminoácidos^{29,35,37}. En marcado contraste con las NAM-amidasas de neumococo y sus fagos atemperados, las NAM-amidasas *LytA*_{EGM} se inhiben por Doc lo que explica la ausencia de lisis de los EGM en presencia de la sal biliar³⁵. Convendría destacar, sin embargo, que, al igual que los neumococos, los EGM que sintetizan NAM-amidasas de tipo *LytA*, se lisan rápidamente cuando se utiliza el detergente Triton X-100 en lugar de Doc³⁵.

Como cabía esperar, teniendo en cuenta la mayor tasa de multiplicación de los fagos, éstos poseen alelos *lytA* con un grado de polimorfismo notablemente superior al de los correspondientes de *S. pneumoniae* (Fig. 2). Sin embargo, el polimorfismo del gen *lytA*_{EGM} es mucho mayor que el de las cepas de neumococo, lo que sugiere que, o bien los alelos *lytA*_{Spn} han sido adquiridos recientemente (en términos evolutivos) o, más probablemente, que las cepas de neumococo están mucho más relacionadas filogenéticamente entre sí que los EGM³⁷. Cuando se compararon las secuencias de los alelos *lytA*_{Spn} y *lytA*_{EGM} se puso de manifiesto la existencia de polimorfismos característicos de cada uno de estos alelos²⁹. Así, más de 100 posiciones nucleotídicas se encuentran conservadas entre todos los alelos de neumococo que, a su vez, difieren de los correspondientes nucleótidos presentes en EGM. Estas «firmas» características han permitido diseñar un procedimiento rápido —basado en una PCR seguida de una digestión con la enzima de restricción *BsaAI*— que permite asegurar si un determinado estreptococo α -hemolítico es

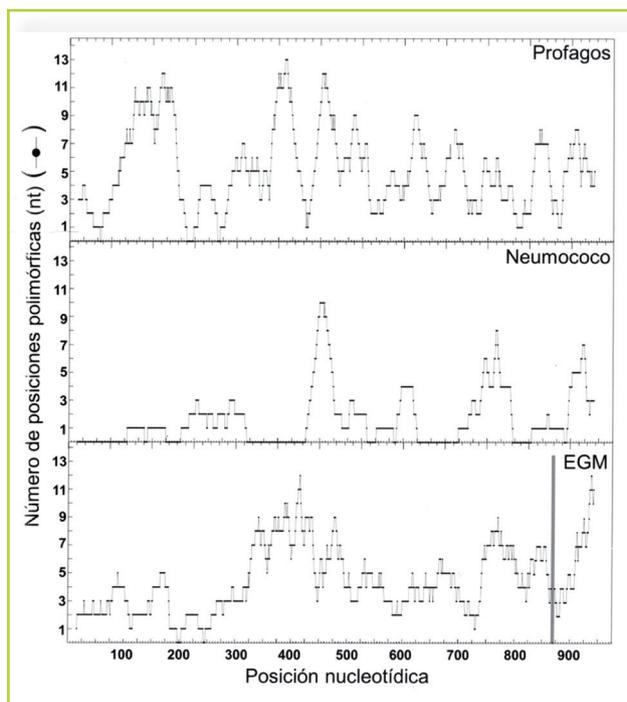


Fig. 2. Polimorfismo de los genes *lytA* en aislados de neumococo, EGM y profagos. Sobre la base de un emparejamiento múltiple, se utilizó una ventana de 31 nucleótidos que era desplazada por la secuencia, en dirección 5'→3', en pasos de un nucleótido. La suma de posiciones polimórficas se representa en la posición media de la ventana. La barra vertical en el panel EGM indica la posición de la delección de 6 nucleótidos que caracteriza a los alelos *lytA*_{EGM}. Modificado de ref.³⁷.

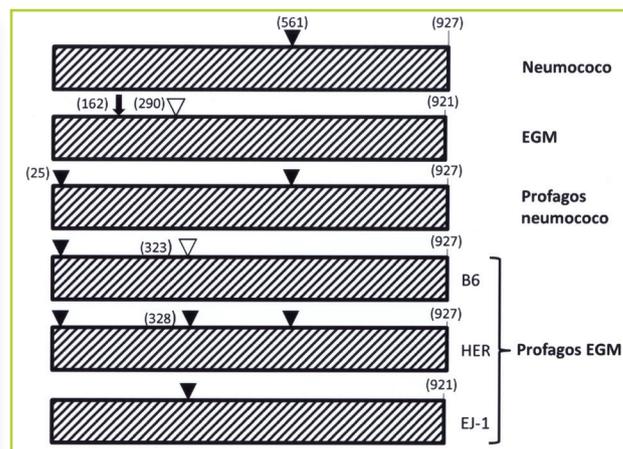


Fig. 3. Esquema de los genes *lytA* indicando la posición de los sitios de corte (entre paréntesis) por las enzimas de restricción *SnaBI* (triángulos negros), *BsaAI* (flecha negra) y *XmnI* (triángulos blancos). También se indican las dimensiones (en pb) de los respectivos genes. Nótese que todas las secuencias hidrolizadas por *SnaBI* (TAC↓GTA) son también digeridas por *BsaAI* (YAC↓GTR), pero no a la inversa. Modificado de ref.²⁹.

neumococo u otro EGM²⁹. Como se muestra en la Figura 3, se han identificado sitios de restricción característicos que permiten, además, comprobar si un determinado alelo *lytA* es bacteriano o fágico. En este último caso, incluso, dado que las secuencias nucleotídicas en posiciones 5' y 3' del gen *lytA* son muy diferentes entre los alelos de origen fágico y los bacterianos, se han podido diseñar parejas de oligonucleótidos sintéticos para amplificar selectivamente unos u otros genes.

La utilización del gen *lytA* para la correcta identificación de neumococo en muestras clínicas empleando diversos tipos de ensayo que implican, normalmente, una amplificación del mismo utilizando PCR, se está «popularizando» de manera creciente debido a todo el conocimiento básico acumulado en los últimos años sobre este gen y sus características moleculares. Así, sólo en los nueve primeros meses de 2012, al menos una decena de trabajos

independientes han utilizado variantes de esta tecnología para la identificación de *S. pneumoniae* con excelentes resultados³⁸⁻⁴⁷. No obstante, en la actualidad persisten algunos problemas en la posible aplicación de esta tecnología a la práctica clínica, en concreto, la «calidad» de las muestras clínicas a utilizar (con la necesidad o no de un paso previo de purificación del DNA), una reducción en el tiempo de análisis y un incremento notable en la sensibilidad del ensayo para poder detectar el microorganismo en muestras poco contaminadas (la especificidad parece garantizada sobre la base de los comentarios mencionados anteriormente). Con objeto de dar respuesta a estas necesidades, se ha puesto a punto recientemente un nuevo procedimiento en el que, tomando como base la detección del gen *lytA*, se realiza una PCR asimétrica seguida de una detección electroquímica sumamente sensible de los amplicones obtenidos (Fig. 4)⁴⁸. Esta tecnología permite no sólo detectar la presencia de neumococo en muestras clínicas sino, además, identificar otros EGM que también poseen una enzima tipo NAM-amidasa *LytA*. En la actualidad, el procedimiento ha sido patentado en varios países y se está procediendo a la validación clínica de la misma con financiación pública y en colaboración entre nuestro grupo y los de los Dres. J. Mingorance (Grupo de Microbiología Molecular, IdiPaz, Madrid) y J. M. Pingarrón del Dpto. de Química Analítica (UCM, Madrid), con resultados muy prometedores.

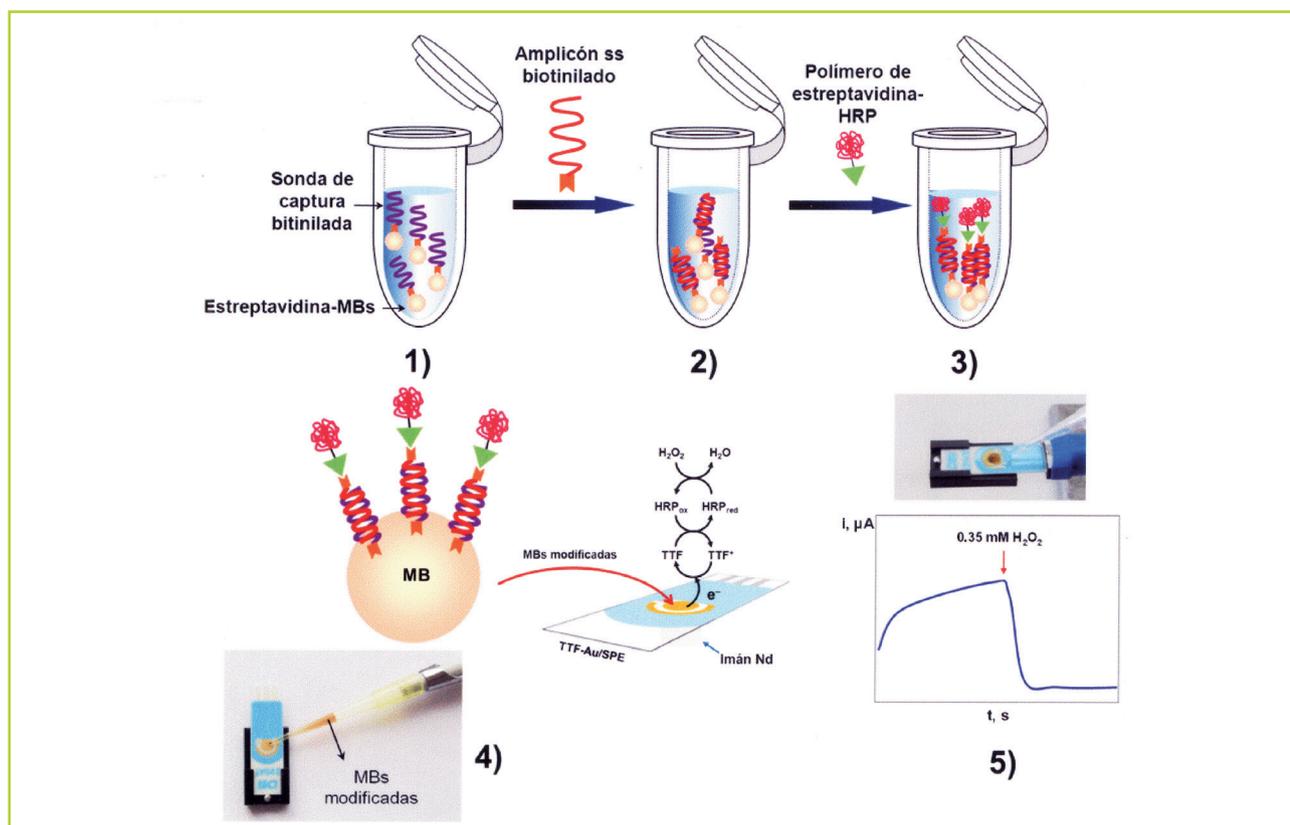


Fig. 4. Representación esquemática de la utilización de un magnetosensor amperométrico para la identificación de *S. pneumoniae* en muestras clínicas. La sonda de captura biotinilada, específica del gen *lytA*, inmovilizada sobre microesferas superparamagnéticas (MBs) modificadas con estreptavidina (\varnothing : 2.8 μm) (1), se hibrida con el amplicón monocatenario (ss) biotinilado obtenido mediante PCR asimétrica (2). Después de los lavados correspondientes con ayuda de un imán, el híbrido inmovilizado sobre las MBs se marca enzimáticamente con ayuda de un polímero ultrasensible de estreptavidina y peroxidasa de rábano (HRP) (3). Las MBs resultantes tras el proceso de hibridación y marcaje se capturan magnéticamente —con ayuda de un imán de Nd—, sobre la superficie del electrodo de trabajo de un electrodo impreso de oro que ha sido modificado previamente por tratamiento con tetraiafulvaleno (TTF), un mediador redox (4). A continuación, se adiciona H_2O_2 y se registra la intensidad de la corriente catódica generada (i , μA) a lo largo del tiempo (t , s) con un detector amperométrico (5). e^- , electrones. Modificado de ref.⁴⁸. Cortesía de la Dra. S. Campuzano (Facultad de Ciencias Químicas, UCM).

BIBLIOGRAFÍA

1. Whiley RA, Hardie JM. Genus I. Streptococcus Rosenbach 1884, 22AL. In: Vos P, Garrity G, Jones D, *et al.*, eds. Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, 2nd edition. Vol. 3: The Firmicutes, 2009:655-711.
2. Facklam RR. (2002). What happened to the streptococci: overview of taxonomic and nomenclature changes. Clin Microbiol Rev 15: 613-630.
3. Kawamura Y, Hou X-G, Sultana F, Miura H, Ezaki T. (1995). Determination of 16S rRNA sequences of *Streptococcus mitis* and *Streptococcus gordonii* and phylogenetic relationships among members of the genus *Streptococcus*. Int J Syst Bacteriol 45: 406-408.
4. Barnard JP, Stinson MW. (1996). The alpha-hemolysin of *Streptococcus gordonii* is hydrogen peroxide. Infect Immun 64: 3853-3857.
5. Doern CD, Burnham C-AD. (2010). It's not easy being green: the viridans group streptococci, with a focus on pediatric clinical manifestations. J Clin Microbiol 48: 3829-3835.
6. Maeda Y, Goldsmith CE, Coulter WA, *et al.* (2010). The viridans group streptococci. Rev Med Microbiol 21: 69-79.
7. Berg KH, Björnstad TJ, Johnsborg O, Håvarstein LS. (2012). Properties and biological role of streptococcal fratricins. Appl Environ Microbiol 78: 3515-3522.
8. Choi SC, Rasmussen MD, Hubisz MJ, Gronau I, Stanhope MJ, Siepel A. (2012). Replacing and additive horizontal gene transfer in *Streptococcus*. Mol Biol Evol: 29: 3309-3320.

9. Whitmore SE, Lamont RJ. (2011). The pathogenic persona of community-associated oral streptococci. *Mol Microbiol* 81: 305-314.
10. Dewhirst FE, Chen T, Izard J, et al. (2010). The human oral microbiome. *J Bacteriol* 192: 5002-5017.
11. Jenkinson HF. (2011). Beyond the oral microbiome. *Environ Microbiol* 13: 3077-3087.
12. Clarridge JE, III. (2004). Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. *Clin Microbiol Rev* 17: 840-862.
13. Haanperä M, Jalava J, Huovinen P, Meurman O, Rantakokko-Jalava K. (2007). Identification of alpha-hemolytic streptococci by pyrosequencing the 16S rRNA gene and by use of VITEK 2. *J Clin Microbiol* 45: 762-770.
14. Morens DM, Folkers GK, Fauci AS. (2004). The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases. *Nature* 430: 242-249.
15. UNICEF, WHO (2006). Pneumonia: the forgotten killer of children. http://www.unicef.org/spanish/publications/files/Pneumonia_The_Forgotten_Killer_of_Children.pdf.
16. O'Brien KL, Wolfson LJ, Watt JP, et al. (2009). Burden of disease caused by *Streptococcus pneumoniae* in children younger than 5 years: global estimates. *Lancet* 374: 893-902.
17. Weycker D, Strutton D, Edelsberg J, Sato R, Jackson LA. (2010). Clinical and economic burden of pneumococcal disease in older US adults. *Vaccine* 28: 4955-4960.
18. Rozenbaum MH, Sanders EAM, van Hoek AJ, et al. (2010). Cost effectiveness of pneumococcal vaccination among Dutch infants: economic analysis of the seven valent pneumococcal conjugated vaccine and forecast for the 10 valent and 13 valent vaccines. *BMJ* 340: c2509.
19. Fenoll A, Muñoz R, García E, de la Campa AG. (1994). Molecular basis of the optochin-sensitive phenotype of pneumococcus: characterization of the genes encoding the F₀ complex of the *Streptococcus pneumoniae* and *Streptococcus oralis* H⁺-ATPases. *Mol Microbiol* 12: 587-598.
20. Moscoso M, Domenech M, García E. (2010). Vancomycin tolerance in clinical and laboratory *Streptococcus pneumoniae* isolates depends on reduced enzyme activity of the major LytA autolysin or cooperation between CiaH histidine kinase and capsular polysaccharide. *Mol Microbiol* 77: 1052-1064.
21. López R. (2006). Pneumococcus: the sugar-coated bacteria. *Int Microbiol* 9: 179-190.
22. Lund E, Henrichsen J. (1978). Laboratory diagnosis, serology and epidemiology of *Streptococcus pneumoniae*. *Methods Microbiol* 12: 241-262.
23. McEllistrem MC. (2009). Genetic diversity of the pneumococcal capsule: implications for molecular-based serotyping. *Future Microbiol* 4: 857-865.
24. Marimon JM, Monasterio A, Ercibengoa M, et al. (2010). Antibody microarray typing, a novel technique for *Streptococcus pneumoniae* serotyping. *J Microbiol Methods* 80: 274-280.
25. Fenoll A, Jado I, Vicioso D, Casal J. (1997). Dot blot assay for the serotyping of pneumococci. *J Clin Microbiol* 35: 764-766.
26. Siira L, Kaijalainen T, Lambertsen L, Nahm MH, Toropainen M, Virolainen A. (2012). From Quellung to multiplex PCR, and back when needed, in pneumococcal serotyping. *J Clin Microbiol* 50: 2727-2731.
27. López R, García E. (2004). Recent trends on the molecular biology of pneumococcal capsules, lytic enzymes, and bacteriophage. *FEMS Microbiol Rev* 28: 553-580.
28. Balsalobre L, Hernández-Madrid A, Llull D, et al. (2006). Molecular characterization of disease-associated streptococci of the mitis group that are optochin susceptible. *J Clin Microbiol* 44: 4163-4171.
29. Llull D, López R, García E. (2006). Characteristic signatures of the *lytA* gene provide a rapid and reliable diagnosis of *Streptococcus pneumoniae* infections. *J Clin Microbiol* 44: 1250-1256.
30. Xu Q, Kaur R, Casey JR, Sabharwal V, Pelton S, Pichichero ME. (2011). Nontypeable *Streptococcus pneumoniae* as an otopathogen. *Diagn Microbiol Infect Dis* 69: 200-204.
31. El Aila NA, Emler S, Kaijalainen T, et al. (2010). The development of a 16S rRNA gene based PCR for the identification of *Streptococcus pneumoniae* and comparison with four other species specific PCR assays. *BMC Infect Dis* 10: 104.
32. Werno A, Murdoch D. (2008). Medical microbiology: laboratory diagnosis of invasive pneumococcal disease. *Clin Infect Dis* 46: 926-932.
33. Marriott HM, Mitchell TJ, Dockrell DH. (2008). Pneumolysin: a double-edged sword during the host-pathogen interaction. *Curr Mol Med* 8: 497-509.
34. Johnston C, Hinds J, Smith A, van der Linden M, Van Eldere J, Mitchell TJ. (2010). Detection of large numbers of pneumococcal virulence genes in streptococci of the mitis group. *J Clin Microbiol* 48: 2762-2769.
35. Obregón V, García P, García E, Fenoll A, López R, García JL. (2002). Molecular peculiarities of the *lytA* gene isolated from clinical pneumococcal strains that are bile insoluble. *J Clin Microbiol* 40: 2545-2554.
36. Romero P, López R, García E. (2004). Characterization of LytA-like *N*-acetylmuramoyl-L-alanine amidases from two new *Streptococcus mitis* bacteriophages provides insights into the properties of the major pneumococcal autolysin. *J Bacteriol* 186: 8229-8239.
37. Morales M, García P, de la Campa AG, Liñares J, Ardanuy C, García E. (2010). Evidence of localized prophage-host recombination in the *lytA* gene encoding the major pneumococcal autolysin. *J Bacteriol* 192: 2624-2632.
38. Wessels E, Schelfaut JGG, Bernardts AT, Claas ECJ. (2012). Evaluation of several biochemical and molecular techniques for identification of *Streptococcus pneumoniae* and *Streptococcus pseudopneumoniae* and their detection in respiratory samples. *J Clin Microbiol* 50: 1171-1177.
39. Greve T, Møller JK. (2012). Accuracy of using the *lytA* gene to distinguish *Streptococcus pneumoniae* from related species. *J Med Microbiol* 61: 478-482.
40. Kim DW, Kilgore PE, Kim EJ, et al. (2012). The enhanced pneumococcal LAMP assay: a clinical tool for the diagnosis of meningitis due to *Streptococcus pneumoniae*. *PLoS One* 7: e42954.
41. Bhatia R, Harris K, Hartley J, Jeelani O, Harkness W. (2012). Serial PCR genetic load determination in the surgical management of pneumococcal intracranial sepsis. *Childs Nerv Syst* 28: 515-520.
42. Wang X, Theodore MJ, Mair R, et al. (2012). Clinical validation of multiplex real-time PCR assays for detection of bacterial meningitis pathogens. *J Clin Microbiol* 50: 702-708.
43. Chiba N, Morozumi M, Ubukata K. (2012). Application of the real-time PCR method for genotypic identification of β -lactam resistance in isolates from invasive pneumococcal diseases. *Microb Drug Resist* 18: 149-156.
44. Strachan RE, Cornelius A, Gilbert GL, et al. (2012). Pleural fluid nucleic acid testing enhances pneumococcal surveillance in children. *Respirology* 17: 114-119.
45. Albrich WC, Madhi SA, Adrian PV, et al. (2012). Use of a rapid test of pneumococcal colonization density to diagnose pneumococcal pneumonia. *Clin Infect Dis* 54: 601-609.
46. Werno AM, Anderson TP, Murdoch DR. (2012). Association between pneumococcal load and disease severity in adults with pneumonia. *J Med Microbiol* 61: 1129-1135.
47. Park IH, Kim K-H, Andrade AL, Briles DE, McDaniel LS, Nahm MH. (2012). Nontypeable pneumococci can be divided into multiple *cps* types, including one type expressing the novel gene *pspK*. *MBio* 3: e00035-12.
48. Campuzano S, Pedrero M, García JL, García E, García P, Pingarrón JM. (2011). Development of amperometric magnetogenosensors coupled to asymmetric PCR for the specific detection of *Streptococcus pneumoniae*. *Anal Bioanal Chem* 399: 2413-2420.

Taxonomía de los hongos patógenos humanos

Ana Alastruey-Izquierdo

anaalastruey@isciii.es

Servicio de Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III. Carretera de Majadahonda a Pozuelo Km. 2 28220, Majadahonda, Madrid España.

RESUMEN

El número de infecciones por hongos ha aumentado mucho en las últimas dos décadas. El aumento de la población susceptible ha producido un aumento también del número de especies capaces de causar infecciones. Aunque los más frecuentes siguen siendo *Candida albicans* y *Aspergillus fumigatus*, cada vez son más las infecciones causadas por otros hongos. Este aumento del número de especies está produciendo un mayor interés por la taxonomía de estos microorganismos. Las herramientas clásicas de identificación (estudio de las características micro y macroscópicas y pruebas bioquímicas) ya no son suficientes para la correcta identificación de las especies patógenas y por tanto se está extendiendo el uso de las herramientas moleculares. Esto ha producido grandes cambios en la taxonomía de hongos patógenos en los últimos años. Así, géneros tan conocidos como *Aspergillus* o *Cryptococcus* están en constante cambio y se están describiendo especies

nuevas. Otros como *Absidia* se han disgregado en varios géneros (*Absidia*, *Lichtheimia* y *Lentamyces*). Estos estudios están permitiendo también, la reclasificación de algunas especies en otros géneros, como *Rhizomucor variabilis* que ha pasado al género *Mucor*.

INTRODUCCIÓN

Los hongos son organismos eucariotas heterótrofos con pared celular compuesta principalmente por quitina. Tienen una distribución universal y una gran capacidad de adaptación como demuestra su presencia en condiciones extremas como desiertos, profundidades marinas o en zonas con altas radiaciones^{1,2}. Juegan un papel fundamental en el ciclo ecológico ya que son los principales responsables de la descomposición de la materia orgánica. Algunas especies de hongos son muy apreciadas en gastronomía y otros se utilizan para la producción de pan, cerveza y vino y pueden producir compuestos antibióticos como la penicilina. Sin embargo, un

cada vez mayor número de hongos son capaces de causar infecciones tanto en plantas como en animales y humanos. Anualmente los hongos son los responsables de la pérdida de más de 125 toneladas de alimentos, causando pérdidas económicas cercanas a 50.000 millones de euros³ Además han sido responsables de la muerte de grandes comunidades de anfibios⁴, insectos⁵ y murciélagos⁶. En humanos pueden causar infecciones que van desde superficiales (como la candidiasis vaginal o el pie de atleta) a diseminadas (candidiasis diseminada o Aspergilosis) con tasas de morbi-mortalidad elevadas. Las infecciones humanas causadas por hongos han aumentado mucho en los últimos años, esto se ha explicado por el aumento de la población susceptible de padecer estas infecciones y el avance de las herramientas diagnósticas. Aunque los agentes etiológicos más frecuentes siguen siendo *Candida albicans* y *Aspergillus fumigatus*, cada vez es mayor el número de especies capaces de causar infecciones en humanos⁷⁻¹⁰ y por tanto cada vez es mayor el interés por una correcta identificación.

Tradicionalmente la descripción y clasificación de especies de hongos se ha basado en la observación de los caracteres fenotípicos. Los caracteres morfológicos y en ocasiones propiedades bioquímicas, han sido clásicamente, las herramientas empleadas para describir especies. Con la llegada de la era genómica y la disponibilidad de los métodos moleculares para la identificación de los hongos, se han desarrollado numerosos estudios taxonómicos que han implicado cambios importantes en la taxonomía de este grupo. Aunque no existe un consenso para la delimitación de especies en hongos, el concepto de reconocimiento filogenético de especie (PSR: Phylogenetic species recognition)¹¹ ha demostrado ser de gran utilidad en este tipo de estudios⁷⁻¹⁰. Este método se basa en la secuenciación de varias zonas del genoma y su posterior análisis mediante métodos filogenéticos. La aplicación del PSR ha permitido analizar en mayor profundidad este grupo de organismos.

Nomenclatura de hongos

El ciclo de vida de un hongo puede tener diferentes formas de reproducción. A la forma sexual del hongo se le llama teleomorfo, y a la forma asexual anamorfo. Tradicionalmente la descripción de especies de hongos se ha realizado mediante la observación de las estructuras de reproducción, y por tanto anamorfos y teleomorfos han sido designados con nombres distintos. Así, un mismo organismo puede tener dos nombres distintos como *Candida krusei*, cuyo teleomorfo es *Pichia kudriavzevii*. Además en algunas especies se da la particularidad que puede haber dos formas asexuales que se propagan independientemente, llamadas sinanamorfos. Así el género *Scedosporium* tiene un sinanamorfo, *Graphium*, y un teleomorfo *Pseudallescheria* con estructuras de reproducción distintas pero genéticamente iguales. Actualmente, la comunidad micológica está haciendo un esfuerzo por simplificar la nomenclatura de hongos. La «Declaración de Ámsterdam en nomenclatura fúngica»¹² surgió en el año 2011 con el objetivo de simplificar el sistema de nomenclatura actual. Este grupo de micólogos de todo el mundo reconoció la nece-

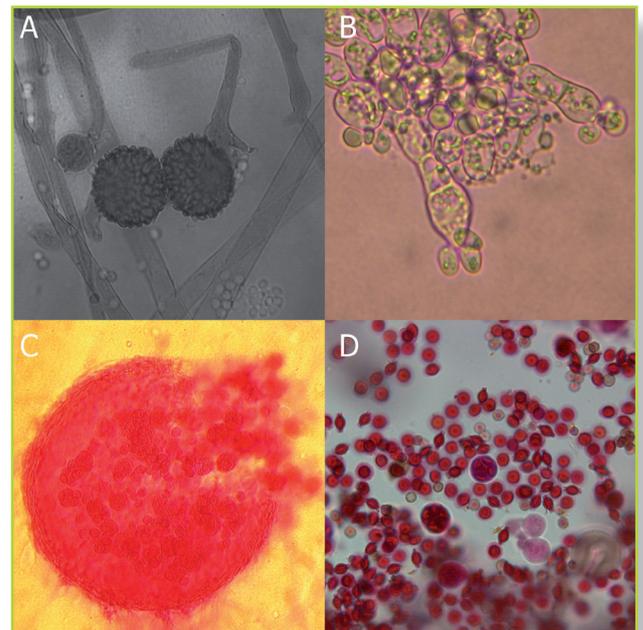
sidad de definir un solo nombre para cada especie de hongo y sentaron las bases para el cambio que se llevará a cabo en los próximos años.

CAMBIOS TAXONÓMICOS EN HONGOS PATÓGENOS HUMANOS

Los hongos patógenos humanos se encuentran en tres divisiones dentro del reino de los hongos: Zygomycota (zigomicetos), Ascomycota (ascomicetos) y Basidiomycota (basidiomicetos). Los estudios taxonómicos realizados en los últimos años han cambiado por completo algunos géneros con importancia clínica. A continuación se reflejan algunos de los cambios taxonómicos relevantes acontecidos en dichos grupos en los últimos años.

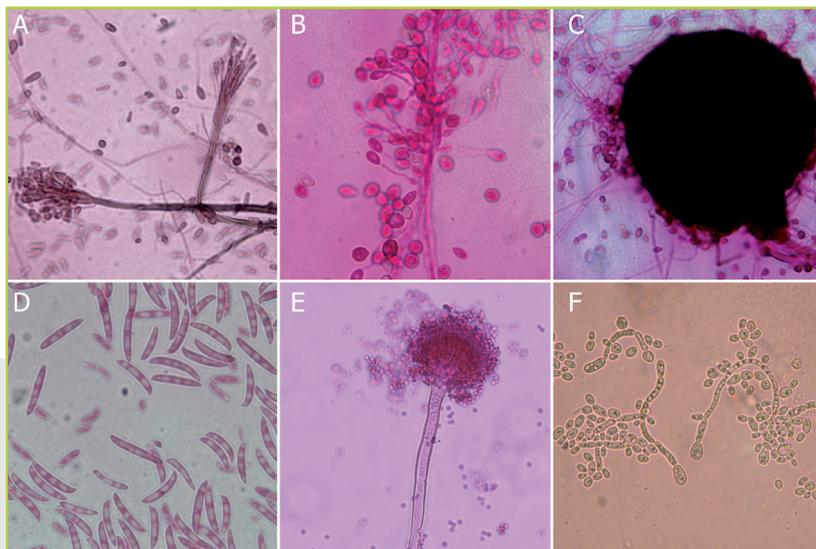
Zigomicetos

Los zigomicetos son uno de los grupos de hongos más antiguos. Se caracterizan por poseer micelios cenocíticos no tabicados y reproducción sexual mediante zigosporas. Recientes estudios han demostrado que este grupo de hongos no tiene un ancestro común y por tanto es polifilético y artificial desde el punto de vista taxonómico^{13,14}. La mayoría de las especies se encuentran dentro del orden mucorales que también alberga a la mayor parte de las especies con relevancia clínica. Los zigomicetos del orden mucorales causan infecciones graves, de rápida evolución y frecuentemente fulminantes en pacientes inmunodeprimidos. Las especies más frecuentes



Formas de reproducción sexual en Zygomycetos (A) Basidiomicetos (B) y Ascomicetos (C y D).

Estructuras de reproducción en ascomicetos: anamorfos de *Scedosporium* (A y B), *Fusarium* (D), *Aspergillus* (E) y *Candida* (F). Teleomorfo de *Scedosporium* (C).



pertenecen al género *Rhizopus*, aunque otras especies de los géneros: *Mucor*, *Rhizomucor*, *Lichtheimia*, *Apophysomyces*, *Saksenaia*, *Cunninghamella*, *Cokeromyces* y *Syncephalastrum* también producen infecciones en humanos¹⁵.

El género *Lichtheimia* es el tercer género en importancia clínica dentro de los mucorales siendo responsable del 5% de los casos de mucormicosis¹⁶. La identificación morfológica de los aislados consideraba que una sola especie, *Absidia corymbifera*, tenía importancia clínica. La utilización de métodos moleculares, además de fisiológicos y morfológicos, propuso la creación de un nuevo género, *Mycocladius*, en el que incluyeron a las especies termotolerantes de *Absidia* entre las que se encuentra *A. corymbifera* que pasó a llamarse *Mycocladius corymbifer*¹⁷. Posteriormente el género *Mycocladius* se cambió por el de *Lichtheimia*¹⁸. La aplicación del PSR apoyado por caracteres morfológicos y fisiológicos, resolvieron que la especie *Lichtheimia corymbifera* era en realidad un complejo formado por dos especies *L. corymbifera* y *L. ramosa*. Ambas especies han sido aisladas de muestras clínicas⁷.

El género *Apophysomyces* fue descrito en muestras de suelo del norte de la India, ha sido también aislado de infecciones humanas en individuos inmunocompetentes. Estudios polifásicos incluyendo estudios morfológicos, fisiológicos y la filogenéticos, demostraron que en realidad *A. elegans* era un complejo de especies formado al menos por cuatro especies distintas: *A. elegans*, *A. ossiformis* (caracterizado por poseer esporangiosporas en forma de hueso), *A. trapeziformis* (esporangiosporas trapezoidales) y *A. variabilis* (esporangiosporas de forma variable)¹⁹.

El género *Mucor*, da nombre al orden y es el que cuenta con un mayor número de especies. Álvarez y colaboradores^{20,21} confirmaron que la especie *Rhizomucor variabilis*, como ya señalaban estudios previos, pertenecía en realidad al género *Mucor* y se denominó *Mucor irregularis*^{20,21}. Este mismo grupo describió dos nuevas especies de *Mucor* a partir de muestras aisladas en muestras clínicas: *M. velutinosus* y *M. ellipsoideus*²¹.

Ascomicetos

Los ascomicetos se caracterizan por tener hifas tabicadas y producir ascosporas endógenas en ascas. Pueden ser unicelulares o pluricelulares. Son la división más grande dentro del reino de los hongos y también la que cuenta con un mayor número de patógenos humanos, entre ellos *C. albicans* y *A. fumigatus* son las especies oportunistas más frecuentes en muestras clínicas. *Aspergillus* es un hongo ubicuo que puede causar desde alergias a infecciones diseminadas en pacientes inmunodeprimidos. El género incluye unas 175 especies, de las que más de 20 causan infecciones en humanos^{22,23}. *A. fumigatus* es la especie más frecuentemente asociada a las aspergilosis invasora. Sin embargo, numerosos estudios han demostrado el aumento de la incidencia de otras especies de *Aspergillus*^{24,25}. Los estudios taxonómicos han revelado que muchas especies son en realidad complejos de especies, denominándose a estos grupos «secciones» (o «complejos»). Los patógenos humanos más frecuentes en este género dan nombre a cuatro secciones: *Fumigati* (*A. fumigatus*), *Nigri* (*A. niger*), *Terrei* (*A. terreus*) y *Flavi* (*A. flavus*). Dentro de la sección *Fumigati* se han descrito varias especies crípticas²⁶ que además tienen un patrón de resistencia a los antifúngicos diferente²⁷ por lo que su identificación es de gran relevancia en clínica. Lo mismo ocurre con la sección *Usti* y *Nigri*, en las que se han descrito varias especies patógenas humanas^{10,28}. La presencia de dichas especies crípticas en muestras clínicas está aun siendo estudiada, pero algunos estudios apuntan una prevalencia de alrededor del 10%²⁹.

Las especies del género *Fusarium* son frecuentes patógenos de plantas, sin embargo, en los últimos años ha aumentado mucho el número de infecciones causadas por especies de este género en humanos. *Fusarium solani* y *Fusarium oxysporum* son las especies más preponderantes aunque las infecciones causadas por otras especies son cada vez más frecuentes^{30,31}. Los análisis filogenéticos

empleando varios genes como el factor de elongación alfa, la b tubulina, la calmodulina o la RNA polimerasa II, han revelado la existencia de numerosas especies crípticas dentro de cada morfoespecie, denominándose a estos grupos de especies «complejos». *F. solani* representa un complejo formado por más de 45 especies de las cuales al menos 20 han sido asociadas con infecciones humanas^{32,33}. De la misma forma, existen los complejos de especies de *F. oxysporum*, *F. incarnatum-equiseti*, *F. dimerum* y *F. chlamyosporum*.

En los últimos años el número de infecciones causadas por las especies del género *Scedosporium* ha aumentado considerablemente por lo que es considerado un hongo emergente. Las especies con mayor relevancia clínica son *Scedosporium apiospermum* y *Scedosporium prolificans* que producen una gran variedad de infecciones, desde cutáneas y subcutáneas a diseminadas en individuos inmunodeprimidos. Durante años se pensó que la forma sexual de *S. apiospermum* era *Pseudallescheria boydii*, pero en los últimos años se ha demostrado que son dos especies distintas muy próximas genéticamente denominadas *S. apiospermum* (teleomorfo *Pseudallescheria apiosperma*) y *Scedosporium boydii* (teleomorfo *P. boydii*). La aplicación de técnicas moleculares también ha demostrado que *S. apiospermum* es un complejo de especies y ha permitido la descripción de algunas especies nuevas como *Scedosporium aurantiacum* y *Scedosporium dehoogii* también presentes en muestras clínicas^{34,35}.

El género *Candida* está formado por organismos unicelulares pertenecientes al grupo de las levaduras. La especie *C. albicans* causa la mayor parte de las infecciones en humanos, pero otras especies como *C. parapsilosis*, *C. glabrata*, *C. tropicalis* y *C. krusei* se aíslan también de manera frecuente en muestras clínicas. *C. parapsilosis* es un patógeno nosocomial que aparece frecuentemente en neonatos, pacientes trasplantados y pacientes con nutrición parenteral. Es la segunda especie en frecuencia en España³⁶. Tras varios estudios reflejando la variabilidad intraespecífica en este grupo se describieron dos nuevas especies, *C. orthopsilosis* y *C. metapsilosis*³⁷. De la misma manera, *C. glabrata*, segunda especie en frecuencia en otros países como EE.UU. o Dinamarca^{38,39}, se ha disgregado en un complejo de especies y se han descrito dos taxones nuevos: *C. bracariensis*⁴⁰ y *C. nivariensis*⁴¹.

de *Cryptococcus* se clasifican en serotipos (A, B, C, D y AD) según la reactividad de la cápsula con suero de conejo⁴², el serotipo A corresponde con *C. neoformans* var. *grubii*, el D con *C. neoformans* var. *neoformans* y los serotipos B y C con *C. neoformans* var. *gattii*. Diferencias ecológicas, epidemiológicas, patológicas, bioquímicas y genéticas permitieron convertir la variedad *gattii* en una nueva especie *C. gattii* con *F. bacillispora* como forma sexual⁴³, manteniendo las variedades *neoformans* y *grubi* con *F. neoformans* como teleomorfo.

CONCLUSIÓN

La llegada de la era genómica y con ella la aplicación de las técnicas moleculares ha permitido el desarrollo de numerosos estudios taxonómicos. El uso de las herramientas moleculares en dichos estudios está generando grandes cambios en el sistema de clasificación de los hongos patógenos humanos produciéndose una constante descripción y reclasificación de especies. Dichas especies son en ocasiones indistinguibles mediante los métodos clásicos y además, presentan diferentes perfiles de sensibilidad a los antifúngicos lo que pone de manifiesto la importancia de una correcta clasificación que solo se puede llevar a cabo gracias a los estudios taxonómicos previos.

REFERENCIAS

1. Dadachova E, Bryan RA, Huang X, Moadel T, Schweitzer AD, Aisen P, et al. Ionizing radiation changes the electronic properties of melanin and enhances the growth of melanized fungi. *PLoS One* 2007;2(5):e457.
2. Vaupotic T, Veranic P, Jenoe P, Plemenitas A. Mitochondrial mediation of environmental osmolytes discrimination during osmoadaptation in the extremely halotolerant black yeast *Hortaea werneckii*. *Fungal Genet Biol* 2008 Jun;45(6):994-1007.
3. Fisher MC, Henk DA, Briggs CJ, Brownstein JS, Madoff LC, McCraw SL, et al. Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health. *Nature* 2012 Apr 12;484(7393):186-94.
4. Fisher MC, Garner TW, Walker SF. Global emergence of *Batrachochytrium dendrobatidis* and amphibian chytridiomycosis in space, time, and host. *Annu Rev Microbiol* 2009;63:291-310.
5. Bromenshenk JJ, Henderson CB, Wick CH, Stanford MF, Zulich AW, Jabbour RE, et al. Iridovirus and microsporidian linked to honey bee colony decline. *PLoS One* 2010;5(10):e13181.
6. Blehert DS, Hicks AC, Behr M, Meteyer CU, Berlowski-Zier BM, Buckles EL, et al. Bat white-nose syndrome: an emerging fungal pathogen? *Science* 2009 Jan 9;323(5911):227.
7. Alastruey-Izquierdo A, Hoffmann K, de Hoog GS, Rodríguez-Tudela JL, Voigt K, Bibashi E, et al. Species recognition and clinical relevance of the zygomycetous genus *Lichtheimia* (syn. *Absidia* pro parte, *Mycocladius*). *J Clin Microbiol* 2010 Jun;48(6):2154-70.
8. Balajee SA, Gribskov JL, Hanley E, Nickle D, Marr KA. *Aspergillus lentulus* sp. nov., a new sibling species of *A. fumigatus*. *Eukaryot Cell* 2005 Mar;4(3):625-32.
9. Gilgado F, Cano J, Gene J, Guarro J. Molecular phylogeny of the *Pseudallescheria boydii* species complex: proposal of two new species. *J Clin Microbiol* 2005 Oct;43(10):4930-42.

Basidiomicetos

Los basidiomicetos se caracterizan por producir basidiosporas en basidios como forma de reproducción sexual. Son uno de los grupos más evolucionados de hongos, a este grupo pertenecen las setas comestibles. El género *Cryptococcus* se compone de organismos unicelulares encapsulados que pueden vivir tanto en el ambiente como en animales. Son los responsables de la criptococosis que es una micosis sistémica causada por el complejo de especies *C. neoformans*-*C. gattii*. *C. neoformans* era hasta hace unos años una única especie compuesta por tres variedades: *neoformans*, *grubi* y *gattii*, con dos teleomorfos asociados *Filobasidiella neoformans* y *Filobasidiella bacillispora*. Las cepas

10. Varga J, Houbraken J, Van Der Lee HA, Verweij PE, Samson RA. *Aspergillus calidoustus* sp. nov., causative agent of human infections previously assigned to *Aspergillus ustus*. Eukaryot Cell 2008 Apr;7(4):630-8.
11. Taylor JW, Jacobson DJ, Kroken S, Kasuga T, Geiser DM, Hibbett DS, et al. Phylogenetic species recognition and species concepts in fungi. Fungal Genet Biol 2000 Oct;31(1):21-32.
12. Hawksworth DL, Crous P, Redhead SA, Reynolds DR, Samson RA, Seifert KA, Taylor J, et al. The amsterdam declaration on fungal nomenclature. IMA Fungus. 2011 Jun;2(1):105-12.
13. Hibbett DS, Binder M, Binder MF, Bischoff JF, Blackwell M, Blackwell MF, Cannon PF, Eriksson O, Eriksson OE, Huhndorf S, et al. A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. Mycol Res. 2007 May;111(Pt 5):509-47.
14. James TY, Kauff FF, Schoch CL, Matheny PB, Hofstetter VF, Cox CJ, Celio G, et al. Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. Nature. 2006 Oct 19;443(7113):818-22.
15. Ribes JA, Vanover-Sams CL, Baker DJ. Zygomycetes in Human Disease. Clinical Microbiology Reviews 2000 Apr 1;13(2):236-301.
16. Roden MM, Zaoutis TE, Buchanan WL, Knudsen TA, Sarkisova TA, Schaufele RL, et al. Epidemiology and outcome of zygomycosis: a review of 929 reported cases. Clin Infect Dis 2005 Sep 1;41(5):634-53.
17. Hoffmann K, Discher S, Voigt K. Revision of the genus *Absidia* (Mucorales, Zygomycetes) based on physiological, phylogenetic, and morphological characters; thermotolerant *Absidia* spp. form a coherent group, *Mycocladiaceae* fam. nov. Mycol Res 2007 Oct;111(Pt 10):1169-83.
18. Hoffmann K, Walther G, Voigt K. *Mycocladus* vs. *Lichtheimia*: a correction (*Lichtheimiaceae* fam. nov., *Mucorales*, *Mucoromycotina*). Mycol Res 2009 Mar;113(3):275-8.
19. Guarro JF, Chander JF, Alvarez E, Stchigel A, Robin KF, Dalal UF, et al. *Apophysomyces variabilis* infections in humans. Emerg Infect Dis. 2011 Jan;17(1):134-5.
20. Alvarez E, Sutton DA, Cano J, Fothergill AW, Stchigel A, Rinaldi MG, et al. Spectrum of zygomycete species identified in clinically significant specimens in the United States. J Clin Microbiol 2009 Jun;47(6):1650-6.
21. Alvarez E, Cano J, Stchigel AM, Sutton DA, Fothergill AW, Salas V, et al. Two new species of *Mucor* from clinical samples. Med Mycol 2011 Jan;49(1):62-72.
22. Marr KA, Carter RA, Crippa F, Wald A, Corey L. Epidemiology and outcome of mould infections in hematopoietic stem cell transplant recipients. Clin Infect Dis 2002 Apr 1;34(7):909-17.
23. Marr KA, Carter RA, Boeckh M, Martin P, Corey L. Invasive aspergillosis in allogeneic stem cell transplant recipients: changes in epidemiology and risk factors. Blood 2002 Dec 15;100(13):4358-66.
24. Richardson M, Lass-Flörl C. Changing epidemiology of systemic fungal infections. Clin Microbiol Infect 2008 May;14 Suppl 4:5-24.
25. Balajee SA, Kano R, Baddley JW, Moser SA, Marr KA, Alexander BD, et al. Molecular identification of *Aspergillus* species collected for the Transplant-Associated Infection Surveillance Network. J Clin Microbiol 2009 Oct;47(10):3138-41.
26. Samson RA, Hong S, Peterson SW, Frisvad JC, Varga J. Polyphasic taxonomy of *Aspergillus* section *Fumigati* and its teleomorph *Neosartorya*. Stud Mycol 2007;59:147-203.
27. Alcazar-Fuoli L, Mellado E, Alastruey-Izquierdo A, Cuenca-Estrella M, Rodriguez-Tudela JL. *Aspergillus* section *Fumigati*: antifungal susceptibility patterns and sequence-based identification. Antimicrob Agents Chemother 2008 Apr;52(4):1244-51.
28. Panackal AA, Imhof A, Hanley EW, Marr KA. *Aspergillus ustus* infections among transplant recipients. Emerg Infect Dis 2006 Mar;12(3):403-8.
29. Pappas PG, Alexander BD, Andes DR, Hadley S, Kauffman CA, Freifeld A, et al. Invasive fungal infections among organ transplant recipients: results of the Transplant-Associated Infection Surveillance Network (TRANSNET). Clin Infect Dis 2010 Apr 15;50(8):1101-11.
30. Ferrer C, Alío J, Rodríguez A, Andreu M, Colom F. Endophthalmitis caused by *Fusarium proliferatum*. J Clin Microbiol 2005 Oct;43(10):5372-5.
31. Guarro J, Rubio C, Gene J, Cano J, Gil J, Benito R, et al. Case of keratitis caused by an uncommon *Fusarium* species. J Clin Microbiol 2003 Dec;41(12):5823-6.
32. O'Donnell K, Sutton DA, Fothergill A, McCarthy D, Rinaldi MG, Brandt ME, et al. Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex. J Clin Microbiol 2008 Aug;46(8):2477-90.
33. Zhang N, O'Donnell K, Sutton DA, Nalim FA, Summerbell RC, Padhye AA, et al. Members of the *Fusarium solani* species complex that cause infections in both humans and plants are common in the environment. J Clin Microbiol 2006 Jun;44(6):2186-90.
34. Gilgado F, Cano J, Gene J, Guarro J. Molecular phylogeny of the *Pseudallescheria boydii* species complex: proposal of two new species. J Clin Microbiol 2005 Oct;43(10):4930-42.
35. Gilgado F, Cano J, Gene J, Sutton DA, Guarro J. Molecular and phenotypic data supporting distinct species statuses for *Scedosporium apiospermum* and *Pseudallescheria boydii* and the proposed new species *Scedosporium dehoogii*. J Clin Microbiol 2008 Feb;46(2):766-71.
36. Peman JF, Canton E, Quindós GF, Eraso E, Alcoba JF, Guinea JF, et al. Epidemiology, species distribution and in vitro antifungal susceptibility of fungaemia in a Spanish multicentre prospective survey. J Antimicrob Chemother. 2012 May;67(5):1181-7.
37. Tavanti AF, Hensgens LA, Ghelardi E, Ghelardi E, Campa MF, Senesi S. Genotyping of *Candida orthopsilosis* clinical isolates by amplification fragment length polymorphism reveals genetic diversity among independent isolates and strain maintenance within patients. J Clin Microbiol. 2007 May;45(5):1455-62.
38. Pfaller MA, Diekema DJ. Epidemiology of invasive candidiasis: a persistent public health problem. Clin Microbiol Rev. 2007 Jan;20(1):133-63.
39. Arendrup MC. Epidemiology of invasive candidiasis. Curr Opin Crit Care. 2010 Oct;16(5):445-52.
40. Correia AF, Sampaio PF, James S, Pais C. *Candida bracarenensis* sp. nov., a novel anamorphic yeast species phenotypically similar to *Candida glabrata*. Int J Syst Evol Microbiol. 2006 Jan;56(Pt 1):313-7.
41. Alcoba-Florez JF, Mendez-Alvarez S, Cano J, Cano JF, Guarro JF, Perez-Roth, del Pilar Arevalo M. Phenotypic and molecular characterization of *Candida nivariensis* sp. nov., a possible new opportunistic fungus. J Clin Microbiol. 2005 Aug;43(8):4107-11.
42. Evans EE. The antigenic composition of *Cryptococcus neoformans*. I. A serologic classification by means of the capsular and agglutination reactions. J Immunol. 1950 May;64(5):423-30.
43. Kwon-Chung KJ, Boekhout T, Fell JW, Diaz M. Proposal to conserve the name *Cryptococcus gattii* against *C. honduricus* and *C. bacillisporus* (Basidiomycota, Hymenozymetes, Tremellomycetidae). Taxon 2002;51:804-6.

Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad de la SEM

David Ruiz Arahall¹, Jorge Lalucat² y Antonio Ventosa³.

¹Universidad de Valencia, ²Universidad de las Islas Baleares y ³Universidad de Sevilla

La Microbiología ha sido una de las ciencias que históricamente ha tenido mayor impacto en el desarrollo de las ciencias biológicas, contribuyendo también en gran medida al desarrollo de la Biología Molecular o la Inmunología, entre otras áreas. La Microbiología española ha aportado excelentes microbiólogos, como Jaime Ferrán como referente, que han realizado contribuciones científicas muy importantes. Sin embargo, a lo largo de la historia no son muchas las iniciativas que desembocaron en la caracterización taxonómica de nuevos géneros y especies bacterianos realizados por investigadores españoles. A modo de ejemplo, podemos citar la descripción del género *Bordetella* por Manuel Moreno-López en 1952.

Sin embargo, al igual que ha ocurrido en otras áreas, en las últimas décadas han sido muchos los grupos de investigación de nuestro país que han realizado importantes aportaciones en la Sistemática de los microorganismos, mediante estudios muy exhaustivos de aislamiento y caracterización taxonómica de microorganismos a partir de ambientes muy diversos, tanto acuáticos como terrestres, alimentos, muestras clínicas humanas y de animales, etc. En muchos casos, estos estudios han dado lugar a la descripción de nuevos taxones (especies, géneros, familias, órdenes o clases). En la actualidad la Sistemática y Filogenia de procariotas es una disciplina muy atractiva para muchos investigadores y grupos de investigación, que deben utilizar metodologías moleculares semejantes a las que se utilizan en otras áreas, de secuenciación de genes o genomas completos, etc. y constituye una práctica obligada para la correcta identificación de los microorganismos con fines diagnósticos, por lo que tiene una trascendencia que va más allá de la Taxonomía y es imprescindible para todos los microbiólogos.

El grupo especializado de Taxonomía Bacteriana de la SEM se creó en 1984, a propuesta del Dr. Alberto Ramos Cormenzana, que desde sus inicios en la Microbiología mostró un gran interés por esta disciplina. La visita del Prof. Norberto J. Palleroni (Rutgers University, New Jersey, USA) al Departamento de Microbiología de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Granada con motivo de un curso teórico-práctico de Taxonomía e Identificación Bacteriana, en el que entre otros aspectos se debatió y formó a jóvenes investigadores en técnicas de caracterización

como la hibridación de ácidos nucleicos, permitió realizar las primeras propuestas formales de creación de este grupo especializado en la Sociedad Española de Microbiología, del que serían su primer Presidente el Prof. Alberto Ramos Cormenzana y Secretario el Dr. Antonio Ventosa. Los siguientes Presidentes del grupo han sido los Profesores Guillermo Suárez (Universidad Complutense de Madrid), Francisco Congregado (Universidad de Barcelona), Jorge Lalucat (Universidad de las Islas Baleares), y Antonio Ventosa (Universidad de Sevilla) en la actualidad. En 1995 el grupo pasó a denominarse «Taxonomía, Filogenia y Diversidad» con la idea de dar cabida a las nuevas perspectivas de la taxonomía microbiana y ampliar la cobertura incluyendo aspectos relacionados con la biodiversidad y evolución del mundo microbiano.

El grupo es uno de los más antiguos y consolidados entre los grupos especializados de la SEM y cumple con una función primordial dentro de los objetivos de la Sociedad, sirviendo como vehículo de interacción, colaboración y discusión de los estudios realizados por los distintos grupos, no muy numerosos pero bien establecidos y de gran prestigio tanto nacional como internacional en este campo. A lo largo de los años se han celebrado un total de 14 reuniones del grupo en las siguientes ciudades: Granada, Barcelona, Madrid, Murcia, Santiago de Compostela, Valencia, La Rábida (Huelva), Palma de Mallorca, Alicante, Almería, Málaga, Tarragona, Sevilla y Granada. Las reuniones siguen conservando en la actualidad un formato en el que los investigadores más jóvenes tienen una oportunidad para presentar sus investigaciones oralmente, recibir consejos y participar de forma activa en el desarrollo científico de su campo de especialización. Además el grupo realiza otras actividades, como son la organización de mesas redondas o symposia durante los congresos nacionales que se celebran cada dos años.

En este número extraordinario de SEM@foro se presentan las actividades de algunos de los grupos de investigación más activos en el área de la Taxonomía y la diversidad microbiana y desde este foro queremos animar a otros grupos a unirse a este esfuerzo colectivo de investigar y compartir tanto ideas como recursos y a que utilicen las posibilidades que ofrece el grupo especializado y la Sociedad Española de Microbiología como punto de encuentro de nuestras actividades científicas.

Nuevas bacterias, nuevas metodologías, nuevos servicios: la I+D en la CECT

David R. Arahál, Rosa Aznar, María J. Pujalte y Esperanza Garay.

Colección Española de Cultivos Tipo (CECT) y Departamento de Microbiología y Ecología, Universidad de Valencia

Cuando surgieron las primeras colecciones de cultivos microbianos con vocación de servicio público hace ya más de 100 años, quedaba muy claro su papel como soportes para el avance de la Ciencia y muy en particular la Microbiología. Hoy en día hay más de 600 colecciones registradas en el *Word Data Centre for Microorganisms* (www.wfcc.info/ccinfo/statistics/) repartidas en 71 países, y que difieren sustancialmente en cuanto al tipo de financiación, el campo de especialización o los servicios que ofrecen. Entre ellas un número relativamente pequeño puede considerarse un Centro de Recursos Biológicos según la definición de la OCDE (www.wfcc.info/pdf/OECD_Centres.pdf), que añade varios requisitos respecto a la labor tradicional de las Colecciones de Cultivo. Los más importantes serían el operar conforme a estándares de calidad y el llevar a cabo I+D sobre sus propios fondos.

Los más de 50 años de historia de la CECT y su trayectoria deberían ser motivo de reconocimiento para todas las personas vinculadas a ella de un modo u otro. Sus esfuerzos por alcanzar una sostenibilidad y un reconocimiento internacional como infraestructura no han acabado pero van por buen camino. Como ya se ha dicho la producción científica propia es una parte necesaria y reconocida en ese objetivo general desde hace más de dos décadas pero aquí nos detendremos en la etapa más reciente presentando las líneas que conforman la investigación actual en la Colección Española de Cultivos Tipo a través de los proyectos de I+D que han sido financiados.

¡DESCUBRIENDO BACTERIAS EN LA PLAYA DE LA MALVARROSA!

Es frecuente topar con titulares de medios públicos que anuncian descubrimientos de nuevas bacterias, algunas de lo más insólito (extraterrestres o con millones de años de antigüedad por ejemplo). En realidad, descubrir nuevas bacterias (y arqueas) es relativamente fácil teniendo en cuenta que apenas hemos catalogado una mínima fracción de la diversidad total que existe. Para un taxónomo de

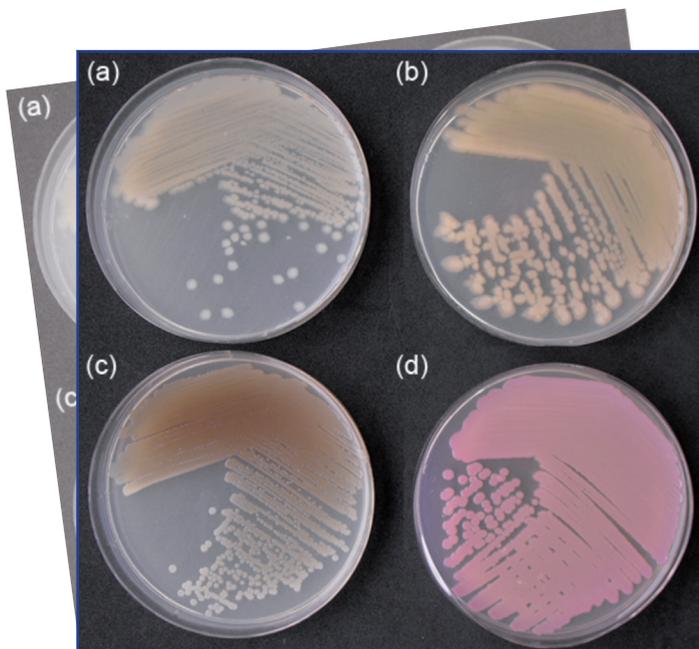


De izquierda a derecha, Rosa Aznar, María J. Pujalte, Eva Tarazona, David R. Arahál, Teresa Lucena, M. Amparo Ruvira, M. Carmen Macián y Esperanza Garay.

procariotas la meta no es sólo descubrir, sino describir bien aquello que considera nuevo. Además no puede distraerse en publicar sus resultados ya que otro grupo podría adelantarse en el hallazgo.

En el proyecto TAXPROMAR (Taxonomía, filogenia y conservación de bacterias marinas –CGL2005-02292/BOS) el titular sensacionalista podría ser el que figura arriba y no se aleja nada de la finalidad real: incrementar nuestro conocimiento de la diversidad bacteriana existente en el medio marino por medio del aislamiento, cultivo en condiciones óptimas, caracterización polifásica y conservación de cepas bacterianas de agua marina de la costa mediterránea española.

Con una estrategia encaminada a minimizar la complejidad y el coste de los muestreos (sólo hubo uno a nivel de superficie) y las condiciones de cultivo (bastante convencionales para heterótrofos), pero poniendo más hincapié en revelar lo más novedoso de forma eficiente, la fase de descubrimiento terminó de forma muy exitosa: más del 10% de las cepas aisladas garantizaban suficiente novedad en base



Cultivos de *Photobacterium* spp. en placas de Luminous Medium (28 °C, 48 h): *P. rosenbergii* CECT 7644^T (a), *P. halotolerans* CECT 5860^T (b), *P. aphoticum* CECT 7614^T (c) y *P. ganghwense* CECT 7641^T (d). Se aprecian los pigmentos difusibles de *P. aphoticum* (marrón) y *P. ganghwense* (rosa).

a su secuencia parcial de 16S rRNA como para considerarlas, al menos, nuevas especies. A ellas pudimos añadir cepas procedentes de muestreos más antiguos ejemplarizando la importancia de conservar y usar recursos microbianos.

Como ya hemos dicho no basta con descubrir sino que hay que describir y difundir, lo que exige bastante más dedicación y esfuerzo, pero también esta fase se ha dado bien. Lo atestiguan 4 nuevos géneros y 13 nuevas especies ya publicados (y aún hay algunos más en curso) pertenecientes a las alfaproteobacterias (*Rhodobacteraceae*), gammaproteobacterias (*Vibrionaceae* y *Pseudomonadaceae*) y bacteroidetes (*Flavobacteriaceae*).

Por su parte TAXPROMAR2010 (CGL2010-18134/BOS) da continuidad al trabajo anterior introduciendo como elemento de estudio el análisis de secuencias génicas multi-locus (MLSA) para la definición de especies entre las cepas objeto de estudio pertenecientes a la familia *Vibrionaceae*, concretamente a los clados de las especies *V. mediterranei*, *V. scophthalmi*-*V. ichthyoenteri* y *V. splendidus*, ampliamente representados en la colección de cepas obtenidas de ambientes relacionados con la acuicultura marina del Mediterráneo en proyectos previos. Además contempla la utilización de datos genómicos obtenidos por secuenciación masiva para afinar mejor estas relaciones en grupos concretos de cepas, una aproximación aún poco frecuente pero que inevitablemente crecerá en los próximos años.

EL ARCA DE NOÉ PARA MICROORGANISMOS

EMbaRC (*European Consortium of Microbial Resource Centres* –FP7-228310) es un proyecto financiado por el Séptimo Programa Marco de la Unión Europea dentro del apartado de Infraestructuras, que ha tenido como objetivos mejorar, coordinar y validar las prestaciones que los Centros de Recursos Microbianos participantes prestan a los investigadores de Europa y del resto del mundo tanto en del sector público como privado. Por su tipología, (I3, *Integrating Activities*) comprende actividades de coordinación, acceso transnacional, e investigación.

En el capítulo de investigación, EMbaRC (www.embarc.eu) ha contribuido al desarrollo de nuevos métodos de conservación de cepas y a la creación de una red Europea de Bancos de DNA microbiano (www.microdnabank.eu). Gracias a los elementos de coordinación también se ha mejorado en aspectos tan importantes como la autenticación de microorganismos o la validez de los datos asociados a las cepas. Otro bloque de objetivos de investigación ha sido la puesta a punto de nuevas técnicas de identificación de especies y de escrutinio masivo de enzimas de interés industrial. Además de las publicaciones derivadas de estos trabajos conviene destacar los recursos ofrecidos a la comunidad científica, como el portal para identificación de levaduras YeastIP (<http://genome.jouy.inra.fr/yeastip>) o la base de datos de perfiles MALDI-TOF de bacterias que puede solicitarse escribiendo a maldi_embarc@cect.org.

EL FUEGO DE PROMETEO

En la mitología griega Prometeo es considerado el protector de la civilización humana por haber introducido el fuego entre los mortales dándoles una antorcha encendida en el Olimpo. Éste es el nombre que lleva el Programa para grupos de investigación de excelencia de la Generalitat Valenciana y a cuya financiación hemos tenido acceso en 2012 (PROMETEO/2012/040). Bajo el título «Exploración de la diversidad microbiana y de su potencial biotecnológico» sirve de respaldo a los trabajos con bacterias marinas ya descritos, así como a nuevos estudios en el campo agroalimentario que se desarrollan dentro de otro proyecto, μ -Andes (*Microbiota of Andean Food: tradition for healthy products* –FP7-247650), cuyo objetivo es explorar la diversidad de las poblaciones de bacterias lácticas de productos tradicionales fermentados de los Andes, y la búsqueda de nuevas cepas con potencial biotecnológico.

OTROS PROYECTOS Y COLABORACIONES

La limitación de espacio impide hablar de peticiones en fase de evaluación o de otros proyectos concedidos aunque menos relacionados con el tema de este monográfico, pero al menos queremos resaltar el papel de las colaboraciones que sin contar con una financiación específica salen adelante

con éxito. Son muchos los grupos e instituciones con las que hemos colaborado y dan cuenta de ello las publicaciones compartidas. Entre ellas resaltamos una en la que tenemos un papel modesto pero cuyo esfuerzo conjunto consideramos de gran importancia para la comunidad científica. Se trata de la iniciativa S.O.S. (*Sequencing the «Orphan» Species*) dentro del proyecto LTP (*All-Species Living Tree Project*) y que persigue rellenar los huecos que hay en el repertorio de secuencias públicas de calidad del gen 16S rRNA de todas las bacterias y arqueas con estándar en nomenclatura.

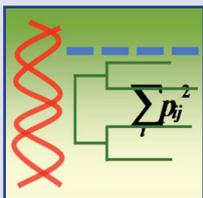
BIBLIOGRAFÍA RECIENTE

- Arahal DR, Sánchez E, Macián MC, Garay E. (2008).** Value of *recL* sequences for species identification and as a phylogenetic marker within the family «*Leuconostocaceae*». *Int Microbiol* 11: 33-39.
- Cuesta G, Soler A, Alonso JL, Ruvira MA, Lucena T, Arahal DR, Goodfellow M.** *Pseudonocardia hispaniensis* sp. nov., a novel actinomycete isolated from industrial wastewater activated sludge. *Antonie Van Leeuwenhoek* (en prensa, doi:10.1007/s10482-012-9792-1).
- De la Haba RR, Arahal DR, Márquez MC, Ventosa A. (2010).** Phylogenetic relationships within the family *Halomonadaceae* based on comparative 23S and 16S rRNA gene sequence analysis. *Int J Syst Evol Microbiol* 60: 737-748.
- Gómez-Gil B, Fajer-Ávila R, Pascual J, Macián MC, Pujalte MJ, Garay E, Roque A. (2008).** *Vibrio sinaloensis* sp. nov., isolated from the spotted rose snapper, *Lutjanus guttatus* Steindachner, 1869. *Int J Syst Evol Microbiol* 58: 1621-1624.
- Janssens D, Arahal DR, Bizet C, Garay E. (2010).** The role of public biological resource centers in providing a basic infrastructure for microbial research. *Res Microbiol* 161: 422-429.
- Lucena T, Pascual J, Garay E, Arahal DR, Macián MC, Pujalte MJ. (2010).** *Halieta mediterranea* sp. nov., a marine gammaproteobacterium. *Int J Syst Evol Microbiol* 60:1844-1848.
- Lucena T, Pascual J, Giordano A, Gambacorta A, Garay E, Arahal DR, Macián MC, Pujalte MJ. (2010).** *Euzebyella saccharophila* gen. nov., sp. nov., a marine bacterium of the family *Flavobacteriaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 60: 2871-2876.
- Lucena T, Pujalte MJ, Ruvira MA, Garay E, Macián MC, Arahal DR. (2012).** *Tropicibacter multivorans* sp. nov., an aerobic alphaproteobacterium isolated from surface seawater. *Int J Syst Evol Microbiol* 62: 844-848.
- Lucena T, Ruvira MA, Arahal DR, Macián MC, Pujalte MJ.** *Vibrio aestivus* sp. nov. and *Vibrio quintilis* sp. nov., related to *Marisflavi* and *Gazogenes* clades, respectively. *Syst Appl Microbiol* 35: 427-431
- Lucena T, Ruvira MA, Garay E, Macián MC, Arahal DR, Pujalte MJ.** *Actibacterium mucosum* gen. nov., sp. nov., a new marine Alphaproteobacterium from Mediterranean seawater. *Int J Syst Evol Microbiol* 62: 2858-2864.
- Lucena T, Ruvira MA, Pascual J, Garay E, Macián MC, Arahal DR, Pujalte MJ. (2011).** *Photobacterium aphoticum* sp. nov., isolated from coastal water. *Int J Syst Evol Microbiol* 61: 1579-1584.
- Martínez-Blanch JF, Sánchez G, Garay E, Aznar R. (2009).** Development of a real-time PCR assay for detection and quantification of enterotoxigenic members of *Bacillus cereus* group in food samples. *Int J Food Microbiol* 135: 15-21.
- Martínez-Blanch JF, Sánchez G, Garay E, Aznar R. (2010).** Evaluation of a real-time PCR assay for the detection and quantification of *Bacillus cereus* group spores in food. *J Food Prot* 73: 1480-1485.
- Martínez-Blanch JF, Sánchez G, Garay E, Aznar R. (2011).** Evaluation of phenotypic and PCR-based approaches for routine analysis of *Bacillus cereus* group foodborne isolates. *Antonie van Leeuwenhoek* 99: 697-709.
- Martínez-Blanch JF, Sánchez G, Garay E, Aznar R. (2011).** Detection and quantification of viable *Bacillus cereus* in food by RT-qPCR. *Eur Food Res Tech* 232: 951-955.
- Oggerin M, Arahal DR, Rubio V, Marín I. (2009).** Identification of *Beijerinckia fluminensis* strains CIP 106281^T and UQM 1685^T as *Rhizobium radiobacter* strains, and proposal of *Beijerinckia doebereineriae* sp. nov. to accommodate *Beijerinckia fluminensis* LMG 2819. *Int J Syst Evol Microbiol* 59: 2323-2328.
- Oren A, Arahal DR, Ventosa A. (2009).** Emended descriptions of genera of the family *Halobacteriaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 59: 637-642.
- Pascual J, Lucena T, Ruvira MA, Giordano A, Gambacorta A, Garay E, Arahal DR, Pujalte MJ, Macián MC. (2012).** *Pseudomonas litoralis* sp. nov., isolated from Mediterranean seawater. *Int J Syst Evol Microbiol* 62: 438-444.
- Pascual J, Macián MC, Arahal DR, Garay E, Pujalte MJ. (2009).** Description of *Enterovibrio nigricans* sp. nov., reclassification of *Vibrio calviensis* as *Enterovibrio calviensis* comb. nov. and emended description of the genus *Enterovibrio* Thompson et al. 2002. *Int J Syst Evol Microbiol* 59: 698-704.
- Pascual J, Macián MC, Arahal DR, Garay E, Pujalte MJ. (2010).** Multi-locus sequence analysis of the central clade of the genus *Vibrio* by using the 16S rRNA, *recA*, *pyrH*, *rpoD*, *gyrB*, *rctB* and *toxR* genes. *Int J Syst Evol Microbiol* 60: 154-165.
- Pinhassi J, Pujalte MJ, Pascual J, González JM, Lekunberri I, Pedrós-Alió C, Arahal DR. (2009).** *Bermanella marisrubri* gen. nov., sp. nov., a genome-sequenced gammaproteobacterium from the Red Sea. *Int J Syst Evol Microbiol* 59:373-377.

TESIS DOCTORALES

- Elizaquível Bárcenas P. (2009).** Detección y cuantificación de *Escherichia coli* O157:H7, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp. y *Staphylococcus aureus* en alimentos vegetales mediante PCR a tiempo real. Dirección: Aznar R.
- Lucena Reyes T. (2012).** Biodiversidad procarionta marina: descripción de nuevos taxones cultivables. Dirección: Arahal DR, Pujalte MJ y Macián MC.
- Martínez Blanch JF. (2008).** Métodos rápidos para el control de *Bacillus cereus* en alimentos. Dirección: Garay E, Aznar R y Uruburu F.
- Nácher Vázquez M. (En curso).** Estudio de la producción de exopolisacáridos por bacterias lácticas y su aplicación en el desarrollo de alimentos funcionales. Dirección: López García P y Aznar R.
- Pascual Martínez FJ. (2010).** Taxonomía molecular del clado central del género *Vibrio* y otras *Vibrionaceae*. Dirección: Pujalte MJ, Arahal DR y Macián MC.
- Ruvira Garrigues MA. (En curso).** Autenticación de cepas de la CECT mediante MALDI-TOF y GC FAME. Dirección: Arahal DR.

Grupo de genética de poblaciones bacterianas y filogenia molecular



M.^a Carmen Fusté y José Gaspar Lorén

Departament de Microbiologia i Parasitologia Sanitàries, Facultat de Farmàcia, Universitat de Barcelona, Av. Joan XXIII s/n, 08028 Barcelona
mcfuste@ub.edu

www.ub.edu/microfar/webcata/grupscast/welcome2.htm



Miembros del grupo de investigación (de izquierda a derecha): José Gaspar Lorén, Vicenta Albarral, M.^o Carmen Fusté, Maribel Farfán y Ariadna Sanglas.

cuencias alélicas de varios genes o «loci», y trata de explicar esta variabilidad en términos de mutación, selección, recombinación genética, etc. El análisis estadístico de estas frecuencias permite establecer modelos de evolución, que nos ayudan a entender y predecir el pasado y el presente del flujo génico en la población.

Los estudios sobre genética de poblaciones bacterianas se iniciaron en 1973 por parte de Milkman y más tarde en 1980 por Selander y colaboradores, que aplicaron la técnica estándar en la genética de poblaciones eucariotas, la electroforesis de enzimas multilocus o MLEE, a *Escherichia coli*. Durante esta década el propio Selander y otros autores estudiaron, utilizando esta metodología, la diversidad de varias especies bacterianas, principalmente patógenas. En la mayoría de estas poblaciones bacterianas se pudo detectar la existencia de un fuerte desequilibrio de ligamiento en los loci analizados. Este hecho condujo al establecimiento del paradigma clonal en las poblaciones bacterianas: la existencia de un fuerte desequilibrio de ligamiento implica que los fenómenos de recombinación son inexistentes o suceden con una frecuencia muy baja. Al faltar un mecanismo que homogenice la variación, las bacterias, de reproducción estrictamente asexual, divergirán continuamente como linajes independientes formados por individuos prácticamente idénticos. En 1993, John Maynard Smith y colaboradores publican un trabajo en el que ponen en duda la generalización del concepto clonal a todas las poblaciones bacterianas. La influencia de los autores y la consistencia del trabajo hicieron surgir las primeras dudas acerca del paradigma clonal.

La búsqueda de métodos de análisis más precisos y reproducibles culmina hacia 1998, cuando Maiden y colaboradores introducen el tipado mediante secuenciación multilocus (MLST). El enfoque MLST se basa en idénticos presupuestos que la MLEE. Para cada cepa de un conjunto lo más amplio posible y que sea representativo de la diversidad de la especie estudiada se secuencian fragmentos de distintos genes (5-7). Para cada uno de los loci estudiados, toda secuencia distinta (incluso una sola base) constituye

El grupo de investigación de Genética de Poblaciones Bacterianas y Filogenia Molecular forma parte del Departamento de Microbiologia i Parasitologia Sanitàries de la Universitat de Barcelona. Desde el año 1996 el grupo ha sido reconocido como Grupo de Investigación de Excelencia por la Generalitat de Catalunya. También forma parte del Institut de Recerca de la Biodiversitat (IrBio) de la Universitat de Barcelona.

Basándose en la experiencia adquirida previamente por los doctores Lorén y Fusté en el estudio de la estructura genética de poblaciones bacterianas de *Serratia marcescens*, *Escherichia coli* y *Neisseria meningitidis*, en el año 1996 se formó este grupo de investigación. Aplicando la técnica de electroforesis de enzimas multilocus (MLEE), y más tarde la secuenciación de genes (MLST y MLSA), se estudiaron diferentes poblaciones de bacterias patógenas y de interés industrial, como *Haemophilus influenzae*, *Vibrio cholerae*, *Pseudomonas stutzeri* y *Aeromonas* sp.

La genética de poblaciones estudia la variabilidad genética de las poblaciones bacterianas a partir de las fre-

un alelo diferente. Los alelos correspondientes a todos los loci estudiados presentes en las distintas cepas constituyen su secuencia tipo o ST («sequence type»), perfil alélico o genotipo. Al contrario que la MLEE, los datos obtenidos mediante MLST son totalmente comparables de un laboratorio a otro, fácilmente validados y almacenados electrónicamente, pudiendo crearse bases de datos públicas para cada especie bacteriana estudiada.

En la actualidad el trabajo de nuestro grupo se centra en la taxonomía, filogenia molecular y genética de poblaciones del género *Aeromonas*. Este género constituye un modelo idóneo para este estudio ya que es un grupo de bacterias que incluye formas de vida libre, patógenos oportunistas y primarios, de una gran ubicuidad, con especies definidas mediante métodos clásicos y moleculares y con una taxonomía compleja y aún no del todo resuelta. Los trabajos con este género bacteriano se iniciaron hace algo más de una década con un estudio de caracterización fenotípica de cepas aisladas de moluscos y aguas. Fruto de este estudio fue la constatación de la presencia de distintas especies de *Aeromonas* en estos hábitats y la descripción de dos nuevas especies: *A. molluscorum* y *A. bivalvium*. De la colección de cepas obtenida, se seleccionaron las pertenecientes al «complejo de especies *Aeromonas hydrophila*» (*A. hydrophila*, *A. bestiarum*, *A. salmonicida*, *A. popoffii*), un grupo de *Aeromonas* en el que es difícil establecer de manera clara la separación entre especies a nivel fenotípico y molecular, y se llevó a cabo un estudio de genética de poblaciones con la técnica de MLEE. Los resultados mostraron que cinco loci son suficientes para una excelente separación de las especies de este grupo.

Con el desarrollo de las técnicas de secuenciación nos planteamos llevar a cabo un estudio filogenético mediante la secuenciación de varios genes, genes esenciales o conservados («housekeeping genes») y otros, como el *flaA* que codifica la flagelina A del filamento del flagelo polar. La secuenciación de la región universal (UT) del gen que codifica la chaperona Cpn60 ha demostrado ser una herramienta molecular útil para asignar un nuevo aislado bacteriano a una especie de este género. El gen de la malato deshidrogenasa (*mdh*) ha permitido una buena separación de las especies de *Aeromonas*. Otro gen analizado, el gen *flaA*, al tener una región central altamente variable, no fue útil para la filogenia pero el análisis de sus secuencias detectó la existencia de al menos dos tipos de flagelina distintos que han evolucionado separadamente dentro de este género. Además, los resultados obtenidos con las secuencias de los genes analizados, han permitido la reclasificación de una cepa de *A. hydrophila* CIP 57.50, que se utiliza como cepa control de ensayos de calidad, en *A. salmonicida* CIP 57.50, y la asignación del nombre de especie *A. diversa* para las cepas que anteriormente se denominaban *Aeromonas* sp. Grupo 501.

Más recientemente, el análisis de genética de poblaciones realizado a partir de las secuencias correspondientes a 6 genes conservados (*cpn60*, *dnaJ*, *gyrB*, *mdh*, *recA*, *rpoD*) de 128 cepas representativas de las especies del «complejo *A. hydrophila*», ha puesto de manifiesto que se trata de

un grupo no monofilético, ya que precisamente la especie que da nombre al grupo diverge filogenéticamente de *A. bestiarum* y *A. salmonicida*. Este estudio ha desvelado que mientras que *A. salmonicida* constituye un grupo homogéneo de cepas (a pesar de estar constituido por 5 subespecies), en *A. hydrophila* y *A. bestiarum* se separan distintos grupos. Este estudio se ha completado con una serie de ensayos para medir la adherencia, invasión y citotoxicidad en cultivos celulares.

En la actualidad el grupo está interesado en el estudio de los procesos de especiación y en nuevas aproximaciones al estudio de la diversidad y la evolución bacteriana, como la secuenciación masiva de genomas para realizar un estudio filogenómico que permita completar los estudios filogenéticos y determinar el pangenoma de este género. La secuenciación de estos genomas aportará también nuevos datos sobre los factores de virulencia implicados en las infecciones producidas por *Aeromonas*, que podrán ser útiles para la prevención y control de posibles infecciones.

PUBLICACIONES RECIENTES

- Fusté MC, Farfán M, Miñana-Galbis D, Albarral V, Sanglas A, Lorén JG. (2012).** Population Genetics of the «*Aeromonas hydrophila* Species Complex». In Studies in Population Genetics, pp. 39-54. InTech - Open Access Publisher. Croatia. ISBN 978-953-51-0588-6.
- Marqués AM, Burgos-Díaz C, Aranda FJ, Teruel JA, Manresa A, Ortiz A y Farfán M. (2012).** *Sphingobacterium detergens* sp. nov., a surfactant-producing bacterium isolated from soil. Int J Syst Evol Microbiol. 62:3036-3041
- Garreta A, Carpena X, Busquets M, Fusté MC, Fita I, Manresa M. (2011).** Crystallization and resolution of the lipoxygenase of *Pseudomonas aeruginosa* 42A2 and phylogenetic study of the subfamilies of the lipoxygenases. In Recent Advances in Pharmaceutical Sciences, pp. 247-273. Transworld Research Network. India. ISBN 978-81-7895-528-5.
- Farfán M, Miñana-Galbis D, Garreta A, Lorén JG, Fusté MC. (2010).** Malate dehydrogenase: A useful phylogenetic marker for the genus *Aeromonas*. Syst Appl Microbiol. 33: 427-432.
- Miñana-Galbis D, Farfán M, Lorén JG, Fusté MC. (2010).** The reference strain *Aeromonas hydrophila* CIP 57.50 should be reclassified as *Aeromonas salmonicida* CIP 57.50. Int J Syst Evol Microbiol. 60: 715-717.
- Lorén JG, Farfán M, Miñana-Galbis D, Fusté MC. (2010).** Prediction of whole-genome DNA G+C content within the genus *Aeromonas* based on housekeeping gene sequences. Syst Appl Microbiol. 33: 237-242.
- Miñana-Galbis D, Farfán M, Lorén JG, Fusté MC. (2010).** Proposal to assign *Aeromonas diversa* sp. nov. as a novel species designation for *Aeromonas* group 501. Syst Appl Microbiol. 33: 15-19.
- Farfán M, Miñana-Galbis D, Fusté MC, Lorén JG. (2009).** Divergent evolution and purifying selection of the *flaA* gene sequences in *Aeromonas*. Biol Direct. 4: 23.
- Miñana-Galbis D, Urbizu-Serrano A, Farfán M, Fusté MC, Lorén JG. (2009).** Phylogenetic analysis and identification of *Aeromonas* species based on sequencing of the *cpn60* universal target. Int J Syst Evol Microbiol. 59: 1976-1983.
- Miñana-Galbis D, Farfán M, Fusté MC, Lorén JG. (2007).** *Aeromonas bivalvium* sp. nov., isolated from bivalve molluscs. Int J Syst Evol Microbiol. 57: 582-587.

Diagnóstico, identificación y caracterización molecular de patógenos bacterianos de origen animal

Ana Isabel Vela, José Fco. Fernández-Garayzábal y Lucas Domínguez

Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET) y Departamento de Sanidad Animal
Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense, 28040 Madrid



Integrantes del grupo de investigación (de izquierda a derecha): Ana Isabel Vela, Lucas Domínguez, Almudena Casamayor, Leydis Zamora, Elisa Pulido, Verónica Sánchez y José Fco. Fernández-Garayzábal.

Nuestro grupo de investigación comenzó a desarrollar su labor aproximadamente hace 20 años en el antiguo Departamento de Patología Animal I de la Facultad de Veterinaria de Universidad Complutense de Madrid. Actualmente todos sus miembros pertenecen al Departamento de Sanidad Animal y al grupo VISAVET de la UCM donde desarrollan su labor docente e investigadora. Por este motivo el grupo tiene una dedicación preferente, aunque no exclusiva, hacia las bacterias de interés veterinario. Este grupo está formado actualmente por dos Catedráticos (Lucas Domínguez y José Francisco Fernández-Garayzábal), una Profesora Titular (Ana Isabel Vela), dos becarias Predoctorales (Verónica Sánchez y Leydis Zamora) y dos Técnicos de Laboratorio (Almudena Casamayor y Elisa Pulido).

Una de nuestras líneas de investigación se ha centrado en el estudio de la diversidad microbiana de aislados de distintas especies bacterianas así como en la taxonomía bacteriana. En relación con los estudios sobre diversidad, nuestro equipo lleva mucho tiempo aplicando distintas técnicas (PFGE, MLST, VNTR, RAPD) para la caracterización molecular de algunos patógenos bacterianos de gran importancia para Salud Pública

o Sanidad Animal. La aplicación de estas técnicas genéticas nos ha permitido estudiar la diversidad genética de la población de distintos patógenos, como por ejemplo, conocer la posible existencia de relaciones clonales entre aislados de una misma especie bacteriana y analizar sus implicaciones epidemiológicas. Hemos trabajado con diferentes poblaciones bacterianas trazando vínculos epidemiológicos entre cepas aisladas de animales procedentes del mismo brote de enfermedad (*Lactococcus lactis* subsp. *lactis*) o realizando estudios epidemiológicos globales (*Pseudomonas anguilliseptica*, *Yersinia ruckeri*, *Listeria monocytogenes*, *Lactococcus garviae*, *Streptococcus suis*). Por tanto, el trabajo en esta área nos ha permitido obtener resultados, en algunos casos, de gran valor epidemiológico. Respecto a los estudios sobre taxonomía, se ha abordado el estudio de nuevos patógenos bacterianos en distintas poblaciones animales que ha conducido al descubrimiento por parte de nuestro grupo de nuevas especies y géneros bacterianos (*Streptococcus entericus*, *Corynebacterium aquilae*, *Corynebacterium testudinoris*, *Corynebacterium suicordis*, *Uruburuella suis*), o a la asociación de ciertas especies bacterianas con algunas nuevas enfermedades o su implicación como patógenos en otras especies animales (*Globicatella sanguinis*, *Weissella confusa*).

Una segunda línea de trabajo se centra en la microbiología clínica y en el diagnóstico de enfermedades de gran repercusión en diferentes sectores de la actividad agropecuaria española. Esta línea ha sufrido un enorme impulso desde sus comienzos, realizando esfuerzos continuados para profundizar en el conocimiento de los distintos patógenos implicados en brotes de enfermedad, bien desarrollando nuevas técnicas o aplicando las ya existentes para su más eficiente diagnóstico o bien para progresar en el conocimiento sobre sus mecanismos de transmisión y supervivencia a tratamientos tecnológicos. Los sistemas tradicionales de diagnóstico bacteriológico no permiten en ocasiones alcanzar una identificación definitiva del agente causal. Como consecuencia, ciertos patógenos pueden ser erróneamente identificados o no identificados. Trabajamos fundamentalmente con bacterias patógenas responsables de diferentes procesos clínicos en

animales. Así hemos centrado nuestros esfuerzos en enfermedades que afectan al ganado ovino (como la mamitis clínica y subclínica), al ganado porcino (centrándonos en el estudio de procesos respiratorios y meningitis), en el campo de la acuicultura (investigando distintos aspectos de patologías como la lactococosis, la enfermedad de la boca roja, la forunculosis o la vibriosis de animales marinos) y recientemente en el ámbito de las patologías aviares (colibacilosis, coriza aviar). En este sentido nuestra actividad se ha centrado en el desarrollo y puesta a punto de sistemas de diagnóstico molecular de patógenos como *Lactococcus garviae*, *Streptococcus suis*, *Haemophilus parasuis*, *Pasteurella multocida*, *Listeria monocytogenes*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Streptococcus iniae* o *Yersinia ruckeri* entre otros. El trabajo en estos campos nos ha familiarizado con los procesos infecciosos que habitualmente sufren las especies animales, y nos ha permitido adquirir, a lo largo de los últimos años, una amplia experiencia en diferentes campos de la Microbiología Clínica.

El grupo colabora de forma continuada con varios grupos de investigación nacionales y extranjeros, además de con varias empresas:

- Dr. Juan J. Soler. Universidad Granada: Diversidad microbiana
- Dr. Juan Moreno. Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC. Madrid: Diversidad microbiana
- Prof. Antonio Ventosa. Universidad de Sevilla: Taxonomía bacteriana
- Profa. Carmen Tarradas. Universidad de Córdoba: Diversidad microbiana
- Dr. Edward Moore. University of Gothenburg, Suecia: Taxonomía bacteriana
- Dr. Hans-Jürgen Busse. Universität Wien. Austria: Taxonomía bacteriana
- Profa. M.^a Victoria Latre. Universidad Zaragoza: Diagnóstico y diversidad microbiana
- Dra. Carmen Aspiroz. Hospital Royo Villanova, Zaragoza: Diagnóstico y diversidad microbiana
- Piszolla S.L. (Salamanca): Taxonomía bacteriana, Diagnóstico y diversidad microbiana
- Grupo Dibaq (Segovia) y Exopol (Zaragoza): Diagnóstico y diversidad microbiana

PUBLICACIONES REPRESENTATIVAS DEL GRUPO

- Zamora L, Vela AI, Palacios MA, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2012). First isolation and characterization of *Chryseobacterium shigense* from rainbow trout. BMC Vet. Res. 8:77 doi:10.1186/1746-6148-8-77
- Porrero C, Henrik Pasman M, Vela AI, Fernández-Garayzábal JF, Domínguez L, Aarestrup FM. (2012). Clonal diversity of *Staphylococcus aureus* originating from the small ruminants goats and sheep. Vet. Microbiol. 156:157-166.
- Ruiz-de-Castañeda R, Vela AI, Lobato E, Briones V, Moreno J. (2012). Early onset of incubation and eggshell bacterial loads in a temperate-zone cavity-nesting passerine. Condor. 114:203-211.
- González S, Vela AI, Ruiz-de Castañeda R, Briones V, Moreno J. (2012). Sources of variation in enterococci and *Enterobacteriaceae* loads in nestlings of a hole-nesting passerine. ARDEA 100:71-77.
- González S, Vela AI, Ruiz-de Castañeda R, Briones V, Moreno J. (2012). Age-related changes in gut bacterial communities and their association with growth in altricial nestlings: a study of pied flycatchers *Ficedula hypoleuca*. J. Ornithol. 153:181-188.
- Zamora L, Fernández-Garayzábal JF, Svensson-Stadler LA, Palacios MA, Domínguez L, Moore ER, Vela, A.I. (2012). *Flavobacterium oncorhynchi* sp. nov., a new species isolated from rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Syst. Appl. Microbiol. 35:86-91
- Soler JJ, Peralta-Sánchez JM, Martínez-Bueno M, Martín-Vivaldi M, Martín-Gálvez D, Vela AI, Briones V, Pérez-Contreras T. (2011). Brood parasitism is associated with increased bacterial contamination of host eggs: bacterial loads of host and parasitic eggs. Biol. J. Linn. Soc. 103:836-848.
- Ruiz-de-Castañeda R, Vela AI, Lobato E, Briones V, Moreno J. (2011). Eggshell bacterial loads in the pied flycatcher *Ficedula hypoleuca*: environmental and maternal factors. Condor. 113:200-208.
- Tejedor JL, Vela AI, Gibello A, Casamayor A, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2011). A genetic comparison of pig, cow and trout isolates of *Lactococcus garviae* by PFGE analysis. Letters Appl. Microbiol. 53:614-619
- Vela AI, Fernández A, Bernaldo De Quirós Y, Herráez P, Domínguez L, Fernández-Garayzábal, JF. (2011). *Weissella ceti* sp. nov., isolated from beaked whales (*Mesoplodon bidens*). Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 61:2758-2762.
- Vela AI, Mentaberre G, Marco I, Velarde R, Lavín S, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2011). *Streptococcus rupicaprae* sp. nov., isolated from a Pyrenean chamois (*Rupicapra pyrenaica*). Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 61:1989-1993.
- Vela AI, Sánchez-Porro C, Aragón V, Olvera A, Domínguez L, Ventosa A, Fernández-Garayzábal JF. (2010). *Moraxella porci* sp. nov., a new species isolated from pigs. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 60:2446-2450.
- Vela AI, Sánchez V, Mentaberre G, Lavín S, Domínguez L, Fernández-Garayzábal J.F. (2010). *Streptococcus porcorum* sp. nov., isolated from domestic and wild pigs. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 61:1585-1589.
- Palacios L, Vela AI, Molin K, Fernández A, Latre MV, Chacón G, Falsen E, Fernández-Garayzábal JF. (2010). Characterization of some bacterial strains isolated from animal clinical materials and identified as *Corynebacterium xerosis* by molecular biological techniques. J. Clin. Microbiol. 48:3138-3145.
- Vela AI, Perez M, Zamora L, Palacios L, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2010). *Streptococcus porci* sp. nov., isolated from swine sources. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 60:104-108.
- Vela AI, Casamayor A, Sánchez Del Rey V, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2009). *Streptococcus plurextorum* sp. nov., isolated from swine. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 59:504-508.
- Vela AI, Arroyo E, Aragón V, Sánchez-Porro C, Latre MV, Cerdà-Cuellar M, Ventosa A, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2009). *Moraxella pluranimalium* sp. nov., isolated from animal specimens. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 59:671-674.
- Blume V, Luque I, Vela AI, Borge C, Maldonado A, Domínguez L, Tarradas C, Fernández-Garayzábal JF. (2009). Genetic and virulence-phenotype characterization of serotype 2 and 9 *Streptococcus suis* swine isolates. Int. Microbiol. 12:161-166.

Genómica y metagenómica en taxonomía y diversidad bacterianas: aportaciones desde Baleares

A. Bennasar, R. Bergueiro, R. Bosch, I. Brunet-Galmés, A. Busquets, A. Cifuentes, S. Díaz, E. García-Valdés, M. Gomila, J. Lalucat, A. López-López, M. Mas-Lladó, M. Mulet, B. Nogales, A. Peña, J.M. Piña-Villalonga, C. Prince, C. Ramón, R. Rosselló-Móra, D. Sánchez, C. Scotta, L.Y. Suárez-Suárez y M. Urdiain.

Departamentos de Biología y Química, Universitat de les Illes Balears e Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados (IMEDEA CSIC-UIB)

INTRODUCCIÓN

El Grupo de Investigación en Microbiología está reconocido como competitivo por la Dirección General de Universidades e Investigación de la Comunidad Autónoma de las Islas Baleares y recibió en 2012 el Premio Jaume II del Consell Insular por su labor investigadora. Pertenecen a él investigadores de la UIB (Departamentos de Biología y Química), del IMEDEA (centro mixto entre la UIB y el CSIC) y de la FISIB (Fundación de Investigación Sanitaria de les Illes Balears). Está constituido en estos momentos por todas las personas relacionadas como autores del artículo.

Los intereses científicos del grupo se centran en la diversidad y taxonomía de los microorganismos, su papel en los ecosistemas y su relevancia en la lucha contra la contaminación. En la bibliografía se indican publicaciones científicas representativas de los distintos microorganismos objeto de estudio, así como el marco ecológico en los que éstos desarrollan sus actividades y las metodologías empleadas.

Las tecnologías de secuenciación de nueva generación desarrolladas en los últimos 5 años están permitiendo la secuenciación masiva de DNA y suponen una innovación importantísima en los estudios taxonómicos y de biodiversidad. Ello ha permitido grandes avances en el desarrollo de aspectos teórico-prácticos de la Taxonomía Bacteriana, tales como la reevaluación de conceptos y definiciones de taxones, la aplicación de nuevas técnicas en taxonomía, como son los análisis multigénicos («Multilocus Sequence analysis», MLSA) y también la comparación de genomas. Los miembros del grupo aplican estas metodologías al estudio de una serie de microorganismos modelo y hábitats característicos, sobre todo acuáticos.

El grupo mantiene activo un Máster en Microbiología Avanzada (UIB), ligado a un Doctorado con la mención hacia

la excelencia en Microbiología Ambiental y Biomédica cuya docencia viene vertebrada por las líneas de investigación.

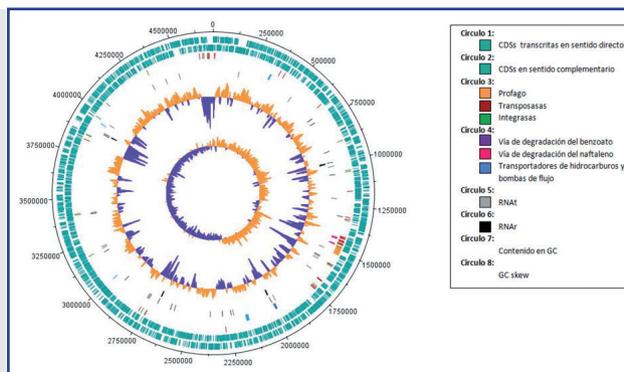
MICROORGANISMOS OBJETO DE ESTUDIO Y SUS CARACTERÍSTICAS ECOLÓGICAS

Se estudian poblaciones y comunidades microbianas, así como su función en diversos ecosistemas (sedimentos marinos, columna de agua, salinas, salares y aguas puras), empleando metodologías tradicionales de cultivo y metodologías moleculares (genómica, metagenómica, proteómica y metabolómica). Los géneros *Pseudomonas*, *Salinibacter* y los del grupo de *Roseobacter* son los estudiados prioritariamente por los diferentes equipos que conforman el grupo. En todos los casos es imprescindible conocer el marco ambiental (condicionantes físicos y químicos) que determinan la presencia y actividad de los microorganismos en los ecosistemas.

Pseudomonas

Es un género de gran versatilidad fisiológica, relevancia ecológica y de aplicación biotecnológica. La definición del género ha ido evolucionando a la par que las técnicas empleadas en taxonomía. En la actualidad es el género de bacterias Gram negativas con mayor número de especies reconocidas (130). La aproximación por MLSA permite establecer el marco idóneo en la discriminación entre especies. Por otra parte, los análisis genómicos están corroborando en gran medida la clasificación actual y permite también confirmar grupos sub-específicos, como son las genomovares en *P. stutzeri*. Se ha descrito el genoma de 3 de ellas. Su presencia en ambientes contaminados y su papel como degradadores de contaminantes

Atlas genómico de *Pseudomonas stutzeri* CCUG 29243 (AN10). Los círculos 1 y 2 constituyen las secuencias codificantes (CDSs) en sentido directo y complementario respectivamente. El círculo 3 presenta diferentes zonas relacionadas con el moviloma de este genoma. El círculo 4 representa diferentes regiones relacionadas con el transporte y la degradación de hidrocarburos. Los círculos 5 y 6 están formados por los RNAs de transferencia y ribosómicos, y los círculos 7 y 8 muestran el contenido en GC, así como el «GC skew».



o fijadores de nitrógeno se estudia mediante técnicas de cultivo y otras independientes de cultivo. Ambas son necesarias y complementarias. Su presencia en aguas puras hospitalarias, junto a la de micobacterias ambientales, constituye un nuevo hábitat muy particular abordado por el grupo.

Clado *Roseobacter*

Los *roseobacter* constituyen un grupo de bacterias marinas mayoritarias (hasta un 25%) en algunas aguas marinas costeras, contribuyendo significativamente a los ciclos del carbono y del azufre. Muchas de ellas se encuentran de forma simbiótica con otros miembros del fitoplancton. Es un grupo muy diverso dentro de las alfa-proteobacterias (familia de las *Rhodobacteriaceae*). No se han conocido bien hasta entrados los años 90. Miembros del grupo estudian sobre todo su papel en ecosistemas marinos costeros en relación con la degradación de contaminantes. Se ha descrito el genoma de un aislado de este clado, *Citricella aestuarii* 357.



Célula flagelada de *Pseudomonas stutzeri* observada al microscopio electrónico de transmisión (tinción negativa con ácido fosfotúngstico).

Halófilos extremos (*Salinibacter*)

Este género de halófilos del dominio *Bacteria* fue el primero al que se le reconoció una relevancia ecológica importante en ambientes hipersalinos. De hecho, su descubrimiento fue casual al aplicar las técnicas de ecología molecular a salmueras mediterráneas. Junto con Josefa Antón de la Universidad de Alicante, se ha estudiado tanto la genómica de varios aislados, como su biogeografía mediante una aproximación metabolómica. Estos estudios (junto con la UA) fueron en su tiempo los análisis comparativos más cercanos entre dos genomas. También fueron pioneros en mostrar que la composición metabolómica de los organismos permite visualizar una especiación alopatrida incipiente.

HERRAMIENTAS

Para que estas técnicas novedosas de secuenciación sean útiles, es necesario disponer de las herramientas bioinformáticas imprescindibles y también de bases de datos controladas, taxonómicamente correctas y puestas al día periódicamente. Los miembros del grupo han colabora-



Colonias características de *Pseudomonas stutzeri* en placas de agar sangre.

do en el desarrollo de dos bases de datos genéticas de aplicación en taxonomía, así como en el diseño de programas útiles, como son los proyectos LTP, JSpecies y PseudoMLSA.

«The All-Species Living Tree» Project (LTP; www.arb-silva.de/projects/living-tree/)

Cinco grupos internacionales, junto con la publicación Systematic and Applied Microbiology (SAM) están colaborando en este proyecto con el objetivo de proporcionar una base de datos útil para los taxónomos que contenga secuencias bien controladas, de calidad, de los genes ribosómicos 16S y 23S de *Archaea* y *Bacteria* de todas las cepas tipo descritas.

PseudoMLSA

www.uib.es/microbiologiaBD/Welcme.html

Es una base de datos que almacena secuencias y características de las especies del género *Pseudomonas*, con una especial referencia a *P. stutzeri*. Es una herramienta muy útil para la identificación y análisis filogenómicos de este género. Incluye también la posibilidad de analizar genomas.

JSpecies

www.imedeia.uib.es/jspecies

Es un programa de manejo sencillo diseñado con un enfoque biológico que pretende medir la probabilidad de que dos genomas pertenezcan o no a individuos de la misma especie bacteriana.

PROYECTOS VIGENTES

Dentro del grupo se han ido definiendo a lo largo de los años diversos equipos de investigación para la consecución de proyectos concretos. La enumeración de los actualmente vigentes muestra las líneas de investigación. En la actualidad se participa en dos grandes proyectos del programa Consolider del MINECO: «The microbial metagenome of the Iberian península» (CSD2007-0005; 2007-2012) y Microbial comparative genomics (MICROGEN; CSD2009-00006; 2009-2014). Los proyectos vigentes del Plan Nacional son:

Degradadores emergentes de hidrocarburos en ambientes marinos: proteogenómica y metagenómica del grupo bacteriano *Roseobacter* (2012-2014).

Pseudomonas y biopelículas en aguas puras (2012-2014).

Genómica comparada de las micobacterias ambientales: implicaciones ecológicas y clínicas (2013-2015).

Estructura, dinámica y sistemática de comunidades procarionóticas en ambientes hipersalinos (2013-2015).

COLABORACIONES

El grupo tiene una clara vocación de colaboración con otros grupos nacionales e internacionales, tal como consta en las publicaciones.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO) la mayor parte de la financiación obtenida para los proyectos de investigación y también a la Comunidad Autónoma de las Islas Baleares. Ambos suponen una cofinanciación con Fondos FEDER.

BIBLIOGRAFÍA RECIENTE

- Bennasar A, Mulet M, Lalucat J, García-Valdés E (2010).** PseudoMLSA: a database for multigenic sequence analysis of *Pseudomonas* species. *BMC Microbiol* 10: 118-123.
- Brunet-Galmés I, Busquets A, Peña A, Gomila M, Nogales B, García-Valdés E, Lalucat J, Bennasar A, Bosch R (2012).** Complete genome sequence of the naphthalene-degrading bacterium *Pseudomonas stutzeri* AN10 (CCUG 29243). *J Bacteriol* 194: 6642-6643.
- Christie-Oleza JA, Fernandez B, Nogales B, Bosch R, Armengaud J (2012).** Proteomic insights into the lifestyle of an environmentally relevant marine bacterium. *ISME J* 6: 124-135.
- Gomila M, Ramirez A, Lalucat J (2007).** Diversity of environmental *Mycobacterium* isolates from hemodialysis water as shown by a multigene sequencing approach. *Appl Environ Microbiol* 73: 3787-3797.
- Lalucat J, Bennasar A, Bosch R, García-Valdés E, Palleroni NJ (2006).** Biology of *Pseudomonas stutzeri*. *Microbiol Mol Biol Rev* 70: 510-547.
- Mulet M, David Z, Nogales B, Bosch R, Lalucat J, García-Valdés E (2011).** *Pseudomonas* diversity in crude-oil-contaminated intertidal sand samples obtained after the Prestige oil spill. *Appl Environ Microbiol* 77: 1076-1085.
- Mulet M, Lalucat J, García-Valdés E (2010).** DNA sequence-based analysis of the *Pseudomonas* species. *Environ Microbiol* 12: 1513-1530.
- Nogales B, Lanfranconi MP, Piña-Villalonga JM, Bosch R (2011).** Anthropogenic perturbations in marine microbial communities. *FEMS Microbiol Rev* 35: 275-298.
- Richter M, Rosselló-Móra R (2009).** Shifting the genomic gold standard for the prokaryotic species definition. *Proc Natl Acad Sci USA* 106: 19126-19131.
- Rosselló-Móra R, Lucio M, Peña A, Brito-Echeverría J, López-López A, Valens-Vadell M, Frommberger M, Antón J, Schmitt-Kopplin P (2008).** Metabolic evidence for biogeographic isolation of the extremophilic bacterium *Salinibacter ruber*. *ISME J* 2: 242-253.
- Rosselló-Móra R (2012).** Towards a taxonomy of Bacteria and Archaea based on interactive and cumulative data repositories. *Environ Microbiol* 14: 318-334.
- Suárez-Suárez A, López-López A, Tovar-Sánchez A, Yarla P, Orfila A, Terrados J, Arnds J, Marqués S, Niemann H, Schmitt-Kopplin P, Amman R, Rosselló-Móra R (2011).** Response of sulfate-reducing bacteria to an artificial oil-spill in a coastal marine sediment. *Environ Microbiol* 13: 1488-1499.
- Tamames J y Rosselló-Móra R (2012).** On the fitness of microbial taxonomy. *Trends Microbiol*. 20: 514-516.
- Yarla P, Ludwig W, Euzéby J, Amann R, Schleifer K-H, Glöckner FO, Rosselló-Móra R. (2010).** Update of the All-Species Living-Tree Project based on 16S and 23S rRNA sequence analyses. *System Appl Microbiol* 33: 291-299.

Metagenómica del microbioma intestinal humano

Ana Elena Pérez-Cobas, María José Gosalbes, Amparo Latorre y Andrés Moya.
Unidad Mixta de Investigación en Genómica y Salud-Centro Superior Investigación en Salud Pública (Generalitat Valenciana)/Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva (Universitat de València), Valencia, España



Algunos miembros del grupo de Metagenómica del microbioma intestinal humano. De izquierda a derecha: Andrés Moya, María José Gosalbes, María Pilar Francino, Yvonne Vallès, Vicente Pérez Brocal, Amparo Latorre, Ana Elena Pérez Cobas, Marc García, Giuseppe D'Auria y Maria Dzunková.

A lo largo de la evolución los mamíferos han establecido simbiosis con microorganismos que han colonizado diferentes regiones del cuerpo humano tales como la piel, las mucosas, el tracto gastrointestinal, etc. Al conjunto de ellos se le denomina «microbiota». La mayor densidad de microorganismos se concentra en el tracto gastrointestinal, constituyendo de hecho uno de los ecosistemas más complejos de toda la biosfera. La microbiota gastrointestinal participa en una serie de funciones esenciales para el hospedador, como la digestión de polisacáridos de la dieta, el metabolismo de las grasas, la síntesis de vitaminas esenciales, la renovación del epitelio intestinal, el desarrollo del sistema inmune y la protección contra patógenos. Debido a su importancia, alteraciones en la microbiota tienen una gran repercusión en la salud humana, estando relacionados con enfermedades de gran impacto, como la obesidad, la colitis o el cáncer, por citar algunas. La metagenómica estudia los genomas de los microorganismos de un determinado hábitat sin necesidad de aislarlos y cultivarlos. El uso de esta técnica combinada con las nuevas tecnologías de secuenciación masiva ha permitido un gran avance en el estudio de la ecología y la diversidad de las comunidades microbianas de prácticamente cualquier ambiente.

Nuestro grupo de investigación tiene por finalidad estudiar el microbioma intestinal humano, caracterizando su diversidad y función en determinadas condiciones de salud y enfermedad así como a lo largo del desarrollo. Pretendemos, en última instancia, aportar explicaciones sobre la naturaleza de los complejos procesos implicados en la interacción entre la microbiota y el hospedador humano.

El grupo pertenece al Área de Genómica y Salud del Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP) de Valencia. Las cuatro principales líneas de investigación son: el microbioma gastrointestinal de individuos sanos y de pacientes con diversas patologías, el desarrollo del microbioma intestinal en la infancia, la caracterización del metagenoma viral (o viroma) y el análisis de fracciones específicas del microbioma por citometría y «single-cell genomics». (<http://centros.csisp.gva.es/web/metagenomics>).

EL MICROBIOMA GASTROINTESTINAL EN SALUD Y ENFERMEDAD

La comparación de la microbiota en salud con la que encontramos bajo diferentes enfermedades es clave para entender los procesos que afectan la ecología del conjunto microbiota-hospedador y sirve como guía para una posible restauración. Nuestro grupo ha determinado en un estudio metatranscriptómico el perfil global de expresión de los genes de la microbiota intestinal de un conjunto de individuos sanos (Gosalbes *et al.*, 2011). También hemos realizado un seguimiento diario (basado en el gen 16S rRNA) de las variaciones temporales de la microbiota en un grupo de individuos sanos, mostrando que la composición es relativamente estable a lo largo del tiempo y que existe un patrón específico de interacciones de los microorganismos en cada individuo (Durbán *et al.*, 2012a). Además, se ha realizado un seguimiento de individuos con síndrome del intestino irritable para caracterizar su microbiota, encontrándose una diversidad más baja en estos pacientes. (Durbán *et al.*, 2012b).

Otro campo de trabajo de gran relevancia es el del efecto de los antibióticos sobre la microbiota intestinal. El uso de antibióticos altera el equilibrio del ecosistema, lo que repercute en las interacciones microbiota-hospedador y, consecuentemente, en la salud humana. Además, los antibióticos

promueven la expansión de cepas resistentes en la microbiota, creando un reservorio de genes de resistencia, lo que constituye un grave problema en salud pública. Actualmente estamos investigando el efecto de los antibióticos en las funciones y diversidad de la microbiota intestinal y su relación con la infección por patógenos oportunistas como *Clostridium difficile* (Pérez-Cobas *et al.*, en revisión).

DESARROLLO DEL MICROBIOMA GASTROINTESTINAL INFANTIL

La colonización y establecimiento de la microbiota intestinal a partir del nacimiento es un proceso complejo y altamente variable. En nuestro grupo estamos estudiando el desarrollo del microbioma gastrointestinal durante la infancia. Uno de los objetivos es analizar la composición taxonómica, funciones potenciales y patrones de expresión de genes en distintos momentos desde el nacimiento hasta el primer año de edad. En un seguimiento metagenómico de la microbiota intestinal de una cohorte de madres y bebés hemos encontrado, entre otros resultados, que la composición taxonómica de la microbiota de los bebés cambia fuertemente durante los primeros meses de vida diferenciándose también de la materna (Vallès *et al.*, 2012). El uso de antibióticos en la niñez se ha asociado con enfermedades crónicas como el asma y enfermedades atópicas que se han ido haciendo más frecuentes en poblaciones humanas. Estamos investigando el repertorio de resistencias a antibióticos en la microbiota intestinal de infantes (de Vries *et al.*, 2011), así como la influencia de la microbiota en el desarrollo del sistema inmune y su posible asociación con el desarrollo de enfermedades atópicas.

ESTUDIO DEL VIROMA GASTROINTESTINAL EN HUMANOS

La mayor parte de los estudios de la microbiota intestinal se han concentrado en procariontes, principalmente bacterias. Poco se sabe de los virus y el papel que ellos juegan en el complejo ecosistema de la microbiota intestinal. Nuestro grupo está caracterizando el viroma de individuos sanos y afectados por la enfermedad de Crohn. Este proyecto constituye un gran reto a nivel metodológico, ya que para estudiar la diversidad vírica no se pueden emplear las estrategias generales usadas en bacterias y arqueas que se basan en la presencia de genes universales, como el 16S rRNA (Pérez-Brocá *et al.*, enviado).

CITOMETRÍA DE FLUJO Y «SINGLE-CELL GENOMICS»

La citometría de flujo acoplada a la hibridación con fluorescencia permite la separación de poblaciones microbianas de interés de un conjunto más complejo. Nuestro grupo ha puesto a punto esta técnica para caracterizar a nivel taxonómico fracciones que corresponden a los grupos minoritarios de la microbiota intestinal. Con las fracciones enriquecidas estamos realizando análisis metagenómicos y metatranscriptómicos para

caracterizar la diversidad y las funciones y fomentar la investigación basada en «single-cell genomics». Hemos empleado la citometría de flujo para caracterizar las bacterias que son funcionalmente «activas» dentro del microbioma intestinal en base al contenido del rRNA (Peris-Bondía *et al.*, 2011).

PUBLICACIONES RECIENTES

- Vaishampayan PA, Kuehl JV, Froula JL, Morgan JM, Ochman H, Francino MP (2010) Comparative metagenomics and population dynamics of the gut microbiota in mother and infant. *Genome Biol Evol* 2: 53-66.
- D'Auria G, Jiménez-Hernández N, Peris-Bondía F, Moya A, Latorre, A (2010). A pangenome reveals strain-specific virulence factors. *BMC Genomics* 11: 181.
- Mira A, Martín-Cuadrado AB, D'Auria G, Rodríguez-Valera F (2010). The bacterial pan-genome: a new paradigm in microbiology. *Int Microbiol* 13: 45-57.
- Durbán A, Abellán JJ, Jiménez-Hernández N, Ponce M, Ponce J, Sala T, D'Auria G, Latorre A, Moya A (2011). Assessing gut microbial diversity from feces and rectal mucosa. *Microb Ecol* 61: 123-33.
- Gosalbes M.J., Durbán A., Pignatelli M., Abellán J.J., Jiménez-Hernández N, Pérez-Cobas AE, Latorre A, Moya A (2011). Metatranscriptomic approach to analyze the functional human gut microbiota. *PLoS ONE* 6: e17447.
- de Vries LE, Vallès Y, Agersø Y, Vaishampayan PA, Kuehl JV, Christensen H, Barlow M, Francino, MP (2011). The gut as reservoir of antibiotic resistance: microbial diversity of tetracycline resistance in mother and infant. *PLoS ONE* 6: e21644.
- Peris-Bondía F, Latorre A, Artacho A, Moya A, D'Auria G (2011). The active human gut microbiota differs from the total microbiota. *PLoS ONE* 6(7): e22448.
- D'Auria G, Galán JC, Rodríguez-Alcayna M, Moya A, Baquero F, Latorre A (2011). Complete genome Sequence of *Acidaminococcus intestini* RYC-MR95, a Gram-negative bacterium from the Phylum Firmicutes. *J Bacteriol* 193: 7008-7009.
- Durbán A, Abellán JJ, Jiménez-Hernández N, Latorre A, Moya A (2012). Daily follow-up of bacterial communities in the human gut reveals stable composition and host-specific patterns of interaction. *FEMS Microbiol Ecol* 81: 427-437.
- Gosalbes MJ, Abellán JJ, Durbán A, Pérez-Cobas AE, Latorre A, Moya A (2012). Metagenomics of human microbiome: beyond 16S rDNA. *Clin Microbiol Infect* 18 Suppl 4: 47-49.
- Vallès Y, Gosalbes MJ, de Vries LE, Abellán JJ, Francino MP (2012). Metagenomics and development of the gut microbiota in infants *Clin Microbiol Infect* 18 Suppl 4: 21-26.
- Durbán A, Abellán JJ, Jiménez-Hernández N, Salgado P, Ponce M, Ponce J, Garrigues V, Latorre A, Moya A. (2012). Structural alterations of faecal and mucosa-associated bacterial communities in irritable bowel syndrome. *Environ Microbiol Reports* 4: 242-247.
- Collado MC, D'Auria G, Mira A, Francino MP (2012). Human microbiome and diseases: a metagenomic approach. In *Bioactive Food as Dietary Interventions for Liver and Gastrointestinal Disease*. Watson, R. R. (Ed.) Elsevier, Oxford, UK.
- García-López R, Pérez-Brocá V, Díez-Domingo J, Moya A (2012). Gut microbiota in children vaccinated with rotavirus vaccine. *Pediatr Infect Dis J*. 31: 1300-1302.
- Džunková M, D'Auria G, Pérez-Villarroya D, Moya A (2012). Hybrid sequencing approach applied to human faecal metagenomic clone libraries revealed clones with potential biotechnological applications. *PLoS ONE* (en prensa).

Bacterias halófilas: biodiversidad, quorum sensing y aplicaciones biotecnológicas

Emilia Quesada, Victoria Béjar, Ana del Moral, Fernando Martínez-Checa y Inmaculada Llamas.
Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Campus de Cartuja s/n 18171 Granada
Instituto de Biotecnología. Universidad de Granada. equesada@ugr.es.



(1) Inmaculada Llamas Company (Profesora Titular), (2) M.ª Dolores Ramos Barbero (contratada predoctoral), (3) Ana del Moral García (Catedrática), (4) Ali Tahrioui (becario postdoctoral), (5) Rocío Luque Aznar (becaria postdoctoral) (6) Fernando Martínez-Checa Barrero (Profesor Titular), (7) Victoria Béjar Luque (Catedrática), (8) Emilia Quesada Arroquia (Catedrática y responsable del grupo), (9) Nahid Overiaghli (contratada predoctoral), (10) Hakima Amjres (contratada postdoctoral), (11) Carmen M.ª González Domenech (contratada postdoctoral), y (12) Marta Torres Béjar (Becaria predoctoral), junto con otros estudiantes y colaboradores.

Nuestro grupo de investigación «Exopolisacáridos Microbianos» (BIO 188; Consejería de Economía, Innovación, Ciencia y Empleo de la Junta de Andalucía) está compuesto por doce investigadores, nueve de los cuales son doctores. En nuestra página web se puede hallar más

información sobre sus componentes y actividades (www.ugr.es/~eps/es/index.html).

La línea de investigación de nuestro grupo es el estudio de bacterias halófilas, incluyendo sus potenciales aplicaciones en biotecnología y medicina, los estudios de quorum

sensing, quorum quenching y el análisis de la biodiversidad de ambientes hipersalinos.

Actualmente nuestra investigación se subvenciona gracias a cuatro proyectos de investigación, dos del Plan Nacional de I+D (AGL2009-07656 y CGL2011-25748) y dos proyectos de Excelencia de la Junta de Andalucía (P10-CTS-5859 y P10-CVI 06226). Asimismo tenemos diversos contratos de transferencia de resultados con empresas del sector biotecnológico interesados en la aplicación de los exopolisacáridos producidos por nuestras cepas halófilas.

Trabajamos en colaboración con equipos de investigación de las siguientes entidades: Centro de Investigación Biomédica de la Universidad de Granada (Dr. I. Molina), Fundación Centro de Excelencia en Investigación de Medicamentos Innovadores de Andalucía (Fundación MEDINA) (Dr. G. Bills), Universidad de Sevilla (Dr. A. Ventosa), Universidad de Santiago de Compostela (Dr. J.L. Barja y Dra. A. Otero), Universidad de Texas en Dallas, USA (Dr. J.E. González), Universidad de Florencia, Italia (Dr. C. Vitti), Centro Internacional de Investigación ICGEB en Trieste, Italia (Dr. V. Venturi) y Universidad de Nottingham, U.K. (Dr. M. Cámara y Dr. S. Heeb). Nuestro grupo pertenece a la Red Nacional de Microorganismos Extremófilos desde su fundación a principios de los noventa. La red engloba actualmente una veintena de grupos de investigación distribuidos por universidades y centros del CSIC de todo el país.

Nuestros principales logros investigadores pueden resumirse en lo siguiente:

- Puesta a punto de la metodología necesaria para el aislamiento, identificación y estudio fisiológico de bacterias halófilas moderadas, en lo que nuestro equipo fue pionero a nivel internacional.
- Descubrimiento de una veintena de especies y de varios géneros de bacterias halófilas aisladas del medio ambiente, entre las que destacamos *Halomonas maura* y *Halomonas stenophila* que tienen interés biotecnológico debido a las propiedades funcionales y biológicas de sus exopolisacáridos.
- Estudios de biología molecular en bacterias del género *Halomonas*. Caracterización de los genes *carAB* implicados en la síntesis del exopolisacárido producido por *Halomonas eurihalina*, y del operón *epsABCJ* responsable de la síntesis del exopolisacárido en *Halomonas maura*.
- Estudios de sistemas quorum sensing y de regulación global en bacterias halófilas. En nuestros estudios hemos identificado por primera vez la producción de moléculas señal del tipo *N*-acilhomoserín lactonas en distintas especies del género *Halomonas* y caracterizado el sistema *hanR/hanI* y el sistema de dos componentes *gacS/gacA* en *Halomonas anticariensis* FP35^T.
- Descripción de la biodiversidad de hábitats hipersalinos utilizando técnicas de ecología molecular y técnicas clásicas de cultivo. El ambiente que con mayor

profundidad hemos investigado en los últimos cinco años ha sido Rambla Salada (Murcia) encontrando que *Halomonas* es el microorganismo más frecuentemente aislado y que, sin embargo, aguas y suelos salinos contienen una plétora de bacterias y arqueas no cultivadas hasta el presente, pertenecientes a los phyla *Euryarchaeota*, *Crenarchaeota*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* y *Firmicutes*.

- Aislamiento, aplicando nuevas técnicas, de procariotas halófilas que no habían podido ser cultivados por métodos convencionales. Con dichas técnicas estamos hallando e identificando nuevos microorganismos pertenecientes a phyla donde antes no se habían descrito microorganismos halófilos cultivables.

PRINCIPALES PUBLICACIONES DE LOS ÚLTIMOS CINCO AÑOS

- Queriaghli N, Béjar V, Quesada E, Martínez-Checa, F. (2012).** Molecular-ecology techniques reveal both spatial and temporal variations in the diversity of archaeal communities in Rambla Salada, Spain. *Microbial Ecol* (en prensa).
- Torres M, Romero M, Prado S, Dubert J, Tahrioui A, Otero A, Llamas I. (2012).** *N*-acylhomoserine lactone-degrading bacteria isolated from hatchery bivalve cultures. *Microbiol Res* (en prensa).
- Tahrioui A, Quesada E, Llamas E. (2012).** Genetic and analysis of the *GacS/GacA* system in *Halomonas anticariensis*, a moderately halophilic bacterium. *Microbiology SGM* (en prensa).
- Luque R, Béjar V, Quesada E, Martínez-Checa F, Llamas I. (2012).** *Halomonas ramblicola* sp. nov., a moderately halophilic bacterium from Rambla Salada, a mediterranean hypersaline rambla in south-east Spain. *Int J Syst Evol Microbiol*. 62: 2903-2909.
- Llamas I, Amjres H, Mata JA, Quesada E, Béjar V. (2012).** The potential biotechnological applications of the exopolysaccharide produced by the halophilic bacterium *Halomonas almeriensis*. *Molecules* 17: 7103-7120.
- Luque R, González-Domenech CM, Llamas I, Quesada E, Béjar V. (2012).** Diversity of culturable halophilic archaea isolated from Rambla Salada, Murcia, Spain. *Extremophiles* 16: 205-213.
- Tahrioui A, Quesada E, Llamas I. (2011).** The *HanR/HanI* quorum-sensing system of *Halomonas anticariensis*, a moderately halophilic bacterium. *Microbiology* 157: 3378-3387.
- Amjres H, Béjar V, Quesada E, Abrini J, Llamas I. (2011).** *Halomonas rifensis* sp. nov., an exopolysaccharide-producing, halophilic bacterium isolated from a solar saltern. *Int J Syst Evol Microbiol* 61: 2600-2605.
- Llamas I, Béjar V, Martínez-Checa F, Martínez-Cánovas MJ, Molina I, Quesada E. (2011).** *Halomonas stenophila* sp. nov., a halophilic bacterium that produces sulphate exopolysaccharides with biological activity. *Int J Syst Evol Microbiol* 61: 2508-2514.
- Ruiz-Ruiz C, Srivastava GK, Carranza D, Mata JA, Llamas I, Santamaria M, Quesada E, Molina IJ. (2011).** An exopolysaccharide produced by the novel halophilic bacterium *Halomonas stenophila* strain B100 selectively induces apoptosis in human T Leukaemia cells. *Appl Microbiol Biotechnol* 89: 345-355.
- Gonzalez-Domenech CM, Martínez-Checa F, Béjar V, Quesada E. (2010).** Denitrification as an important taxonomic marker within the genus *Halomonas*. *Syst Appl Microbiol* 33: 85-93.

- Llamas I, Mata IJ, Tallón R, Bressollier P, Urdaci MC, Quesada E, Bejar V. (2010). Characterization of the exopolysaccharide produced by *Salipiger mucosus* A3, a halophilic species belonging to the alphaproteobacteria, isolated on the Spanish Mediterranean seaboard. *Mar Drugs* 8: 2240-2251.
- Gonzalez-Domenech CM, Martínez-Checa F, Quesada E, Béjar V. (2009). *Halomonas fontilapidosi* sp. nov., a moderately halophilic, denitrifying bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol* 59: 1290-1296.
- Mata JA, Béjar V, Bressollier P, Tallón R, Urdaci MC, Quesada E, Llamas I. (2008). Characterization of exopolysaccharides produced by three moderately halophilic bacteria belonging to the family *Alteromonadaceae*. *J Appl Microbiol* 105: 521-528.
- Gonzalez-Domenech CM, Béjar V, Martínez-Checa F, Quesada E. (2008) *Halomonas nitroreducens* sp. nov., a new nitrate and nitrite reducing species. *Int J Syst Evol Microbiol* 58: 872-876.
- Gonzalez-Domenech CM, Martínez-Checa F, Quesada E, Bejar V. (2008) *Halomonas cerina* sp. nov., a moderately halophilic denitrifying exopolysaccharide-producing bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol* 58: 803-809.
- Martínez-Checa F, Toledo FL, El Mabrouki K, Quesada E, Calvo C. (2007) Characteristics of bioemulsifier V2-7 synthesized in culture media added of hydrocarbons: chemical composition, emulsifying activity and rheological properties. *Bioresour Technol* 98: 3130-3135.
- Arahal DR, Vreeland RH, Litchfield CD, Mormile MR, Tindall BJ, Oren A, Béjar V, Quesada E, Ventosa A. (2007) Recommended minimal standards for describing new taxa of the family *Halomonadaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 57: 2436-2446.

Taxonomía de microorganismos de moluscos y peces

Jesús López Romalde.

Departamento de Microbiología y Parasitología. CIBUS-Facultad de Biología Universidad de Santiago de Compostela

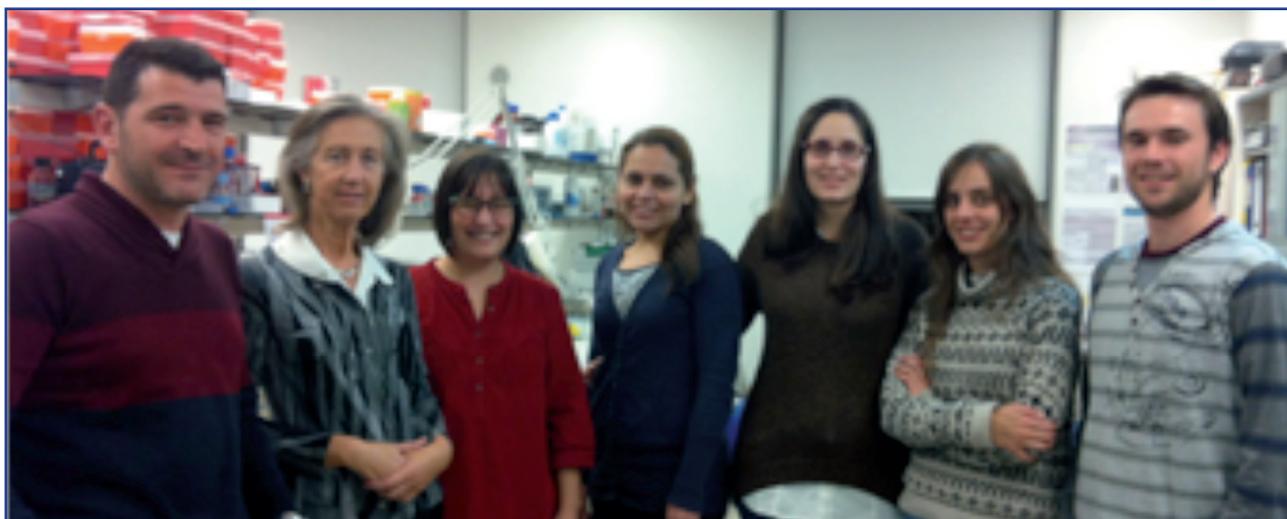
El equipo de la Universidad de Santiago comenzó sus trabajos de patología de peces y moluscos en la década de los 80, con el análisis de vibrios patógenos para ostra y rodaballo. Desde entonces y gracias a la obtención de diferentes proyectos del Plan Nacional, Europeos y Autonómicos hemos avanzado en el estudio de la microbiota de peces y moluscos bivalvos, aplicando aproximaciones polifásicas que correlacionen fenotipo y genotipo de patógenos potenciales, así como la evaluación de factores de virulencia.

Con respecto al estudio de la microbiota de moluscos bivalvos, la caracterización polifásica, incluyendo métodos fenotípicos, genético-moleculares (AFLP, secuenciación, hibridación DNA-DNA) y quimiotaxonómicos permitió la descripción, como integrantes de la microbiota de almeja cultivada (*Venerupis philippinarum* y *Venerupis decussata*), de siete nuevas especies dentro del género *Vibrio*: *V. breoganii*, *V. gallaecicus*, *V. artabrorum*, *V. atlanticus*, *V. celticus*, *V. toranzoniae* y *V. cortegadensis*, y una nueva especie dentro del género *Aliivibrio*: *A. finisterrensis*. Además, el estudio poblacional de *Vibrio tapetis* permitió la descripción de una nueva subespecie *V. tapetis* subsp. *britanniensis*, compuesta por cepas

aisladas de las Islas Británicas. Por otro lado, de la microbiota asociada a vieira (*Pecten maximus*) cultivada en Noruega, se describió dentro de la familia *Oceanospirillaceae* un nuevo género, *Kamskjellia norvegica* gen. nov. sp. nov., de bacterias aerobias Gram negativas, con una pigmentación marrón suave y una similitud menor del 93% con *Amphritea japonica*, la especie más cercana filogenéticamente. En la actualidad estamos terminando la caracterización de cepas que constituirán probablemente nuevas especies dentro de los géneros *Pseudoalteromonas* y *Alteromonas*, asociadas a la microbiota de varias especies de bivalvos.

Durante el último año, hemos comenzado el estudio de la microbiota asociada a estas especies de moluscos mediante técnicas de (electroforesis en geles con gradiente desnaturalizante (DGGE), con el fin de comparar las poblaciones cultivables y no cultivables (Fig. 1), cuyos resultados nos darán información valiosa sobre la importancia real de las diferentes poblaciones sobre el estado sanitario de los moluscos.

En cuanto a los estudios con microorganismos patógenos para peces, nos hemos centrado en las bacterias *Yersinia ruckeri*, agente causal de la enfermedad de la boca



Miembros del Grupo. De izquierda a derecha: Jesús L. Romalde (Catedrático), Alicia E. Toranzo (Catedrático), Sabela Balboa (Becaria Postdoctoral), Asmine Bastardo (Becaria FONACYT), Noemí Buján (Becaria FPI), Ana L. Diéguez (investigadora contratada), Aide Lasa (Becario FPI).

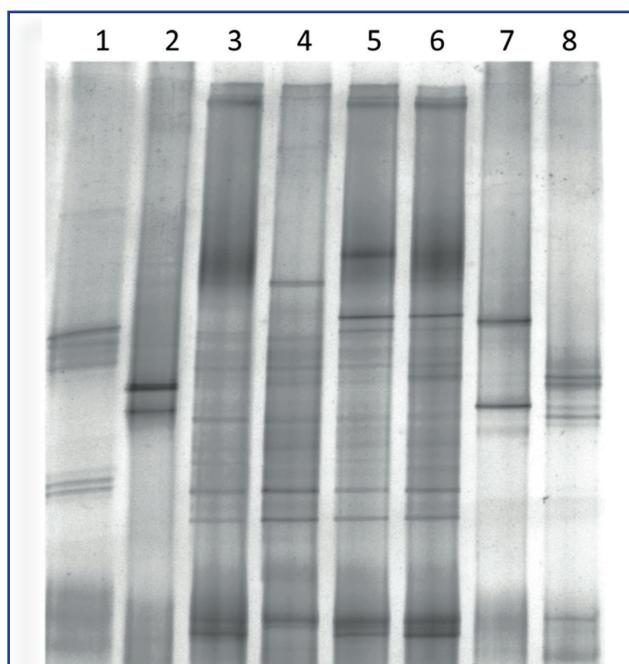


Fig. 1. Análisis de DGGE de las poblaciones microbianas asociadas a reproductores de vieira antes y después de la puesta. Líneas: 1, 2, 7 y 8, controles de peso molecular; 3 y 4, perfiles obtenidos para gónada femenina antes y después de la puesta respectivamente; 5 y 6, perfiles obtenidos para gónada masculina antes y después de la puesta respectivamente.

roja (ERM), una de las patologías más importantes que afecta a peces salmónidos, y *Edwardsiella tarda*, causante de la edwardsielosis en diferentes especies de peces y de gran importancia como factor limitante en el cultivo de rodaballo en Europa.

Se desarrollaron esquemas de tipado de secuencias multilócicas (MLST) para *Y. ruckeri* y *E. tarda* en base a las secuencias de fragmentos internos de entre seis y diez genes esenciales (housekeeping). Las secuencias obtenidas a partir de estos trabajos se depositaron en una base de datos pública (<http://publmst.org/yruckeri/>) y son de libre acceso. Los estudios poblacionales indicaron que *Y. ruckeri* ha experimentado cambios en la población, inducidos por fuerzas biogeográficas en el pasado y, más recientemente, por procesos de adaptación forzada por la expansión de la acuicultura. Por otra parte, los estudios evolutivos permitieron determinar una tasa evolutiva promedio en *Y. ruckeri* de 2.5×10^{-5} sustituciones por nucleótido/sitio/año, sugiriendo que este patógeno puede evolucionar más rápido de lo comúnmente observado en otras bacterias. Además, la fuerte estructuración de diferentes linajes de *Y. ruckeri* en diferentes áreas geográficas observada en este estudio, sugiere que el mantenimiento enzoótico (evolución *in situ*) de *Y. ruckeri* puede ser otra vía alternativa, importante en el mantenimiento de la ERM en el mundo propiciada también por la acuicultura. Desde este punto de vista, podemos teorizar que la rápida diversificación de *Y. ruckeri*, así como la emergencia y aumento de los nuevos casos de ERM en peces vacunados en todo el mundo, es una consecuencia de diferentes factores relacionados con la acuicultura intensiva (Fig. 2).

Destacar que el grupo investigador mantiene colaboraciones con otros grupos relevantes en taxonomía microbiana tanto españoles como extranjeros, gracias a las cuales se han descrito varias especies bacterianas como *Arcobacter bivalviorum* y *Arcobacter venerupis*, en colaboración con el grupo de la Dra. Figueras en la Universidad Rovira i Virgili, *Photobacterium swingsii* con el grupo del Dr. Gómez-Gil de la Unidad Mazatlán en Acuicultura y Manejo Ambiental del Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (México), responsable a su vez de la Colección de Microorganismos de Importancia Acuática, el grupo del Dr. J. León Laboratorio de Ecología Microbiana de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos de Lima (Perú), o el grupo del Dr. Lleó de la Universidad de Verona (Italia).

ÚLTIMAS PUBLICACIONES DEL GRUPO INVESTIGADOR

- Bastardo A, Bohle H, Ravelo C, Toranzo AE, Romalde JL. (2011).** Serological and molecular heterogeneity among *Yersinia ruckeri* strains isolated from farmed Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in Chile. *Dis Aquat Org* 93: 207-214.
- Bastardo A, Sierralta V, León J, Ravelo C, Romalde JL. (2011).** Phenotypical and genetic characterization of *Yersinia ruckeri* strains isolated from outbreaks in farmed rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum) in Peru. *Aquaculture* 317: 229-232.
- Caburlotto G, Lleó MM, Gennari M, Balboa S, Romalde JL. (2011).** The use of multiple typing methods allows a more accurate molecular characterization of *Vibrio parahaemolyticus* strains isolated from the Italian Adriatic Sea. *FEMS Microbiol Ecol* 77: 611-622.
- Diéguez AL, Beaz-Hidalgo R, Cleenwerck I, Balboa S, de Vos P, Romalde JL. (2011).** *Vibrio atlanticus* sp. nov. and *Vibrio artabrorum* sp. nov. isolated from clams *Ruditapes philippinarum* and *R. decussatus*. *Int J Syst Evol Microbiol* 61: 2406-2411.
- Balboa S, Bermúdez-Crespo J, Gianzo C, Romalde JL. (2011).** Variability of *Vibrio tapetis* on the basis of MLSA and two-dimensional polyacrylamide gele electrophoresis. *FEMS Microbiol Lett* 324: 80-87.
- Soto-Rodríguez S, Gómez-Gil B, Lozano R, del Río Rodríguez R, Diéguez AL, Romalde JL. (2012).** Virulence of *Vibrio harveyi* responsible for the «bright-red» syndrome in the Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei*. *J Invertebr Pathol* 109: 307-317.
- Levican A, Collado L, Aguilar C, Yustes C, Diéguez AL, Romalde JL, Figueras MJ. (2012).** *Arcobacter bivalviorum* sp. nov. and *Arcobacter venerupis* sp. nov., new species isolated from shellfish. *System Appl Microbiol* 35:133-138.
- López JR, Diéguez AL, Doce A, De la Roca E, De la Herran R, Navas JI, Toranzo AE, Romalde JL. (2012).** *Pseudomonas baetica* sp. nov., a novel fish pathogen isolated from diseased cultured Wedge sole, *Dicologlossa cuneata* (Moreau). *Int J Syst Evol Microbiol* 62: 874-882.
- Bastardo A, Ravelo C, Romalde JL. (2012).** Molecular phylogeny and population structure of *Yersinia ruckeri* by multilocus sequence typing (MLST). *Environ Microbiol* 14: 1888-1897.
- Beaz-Hidalgo R, Romalde JL, Prado S. (2012).** Identificación de bacterias del género *Vibrio* asociadas al cultivo de la almeja. Caracterización y Patogénesis. *AquaTIC*, 36: 1-2.
- Bastardo A, Ravelo C, Romalde JL. (2012).** A polyphasic approach to study the intraspecific diversity of *Yersinia ruckeri* strains isolated from recent outbreaks in salmonid culture. *Vet Microbiol* 160: 176-182.

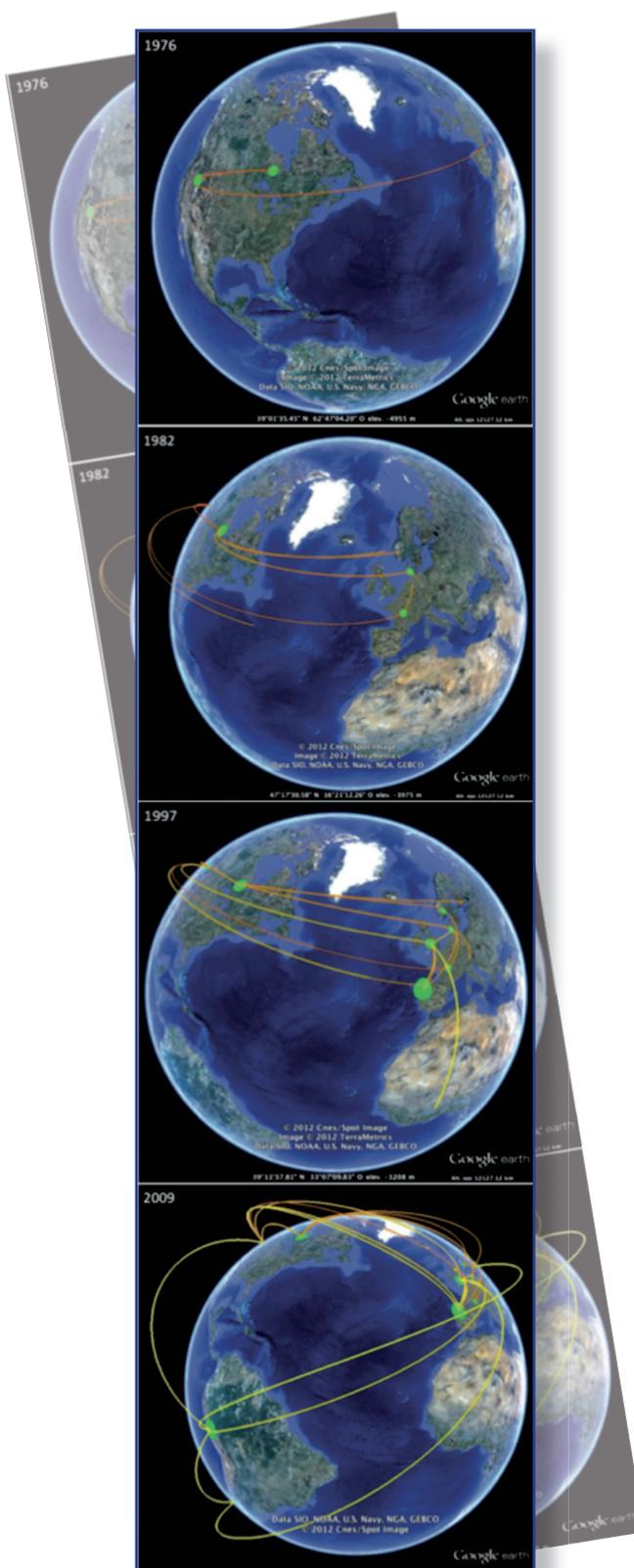


Fig. 2. Dinámica temporal de la diseminación espacial de *Y. ruckeri* estimada tras análisis bayesiano de la población.

Metagenómica y biodiversidad de ambientes extremos

Antonio Ventosa, Cristina Sánchez-Porro y Rafael R. de la Haba.

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Sevilla



Integrantes del grupo de investigación en la actualidad (de izquierda a derecha): Antonio Ventosa, Ana B. Fernández, Paulina Corral, Carmen Infante, Clara López Hermoso, M.ª José León, Cristina Sánchez-Porro y Rafael R. de la Haba.

Nuestro grupo inició sus estudios, hace tres décadas, en el Departamento de Microbiología y Parasitología de la Universidad de Sevilla, relacionados con la diversidad y taxonomía de bacterias y arqueas halófilas, que posteriormente se extendieron a otros aspectos, como la fisiología, la genética o las aplicaciones biotecnológicas de éstos y otros microorganismos extremófilos. Durante estos años son muchos los investigadores que han participado o se han formado en este campo en nuestro Departamento. En la actualidad nuestro grupo posee financiación a través de programas nacionales (proyecto del Ministerio de Ciencia e Innovación «Biodiversidad microbiana de ambientes hipersalinos basada en estudios metagenómicos»), internacionales (proyecto financiado por la NSF-National Science Foundation «Toward comprehending prokaryotic species using *Halorubrum* sp. as a model», en colaboración con el Dr. Thane Papke, de la Universidad de Connecticut en Storrs, USA) y autonómicos (proyecto de excelencia de la Junta de Andalucía «Biodiversidad microbiana de suelos salinos: una aproximación molecular y metagenómica», en

colaboración con el grupo de la Dra. Emilia Quesada, de la Universidad de Granada). Nuestras investigaciones actuales se centran en tres aspectos fundamentales que describimos a continuación.

METAGENÓMICA DE AMBIENTES HIPERSALINOS

Los ambientes hipersalinos son ejemplos típicos de medios ambientes extremos, caracterizados por su elevada concentración salina, si bien otros factores ambientales, tales como la temperatura, el pH o la irradiación solar también pueden contribuir a limitar la microbiota de los mismos. Entre ellos, los lagos hipersalinos y las salinas son ejemplos de hábitats que han sido objeto de numerosos estudios microbiológicos. Nuestro grupo ha realizado importantes aportaciones en el estudio de estos ambientes, fundamentalmente en salinas, tan abundantes en nuestro país, que constituyen excelentes modelos de estudio de

adaptación de las comunidades microbianas a diferentes salinidades, desde una concentración salina correspondiente a la del agua de mar hasta la saturación de sales, que ocurre en los estanques de las salinas denominados cristalizadores, en los cuales la microbiota presente está limitada a unos cuantos tipos de microorganismos (arqueas y bacterias) que se encuentran perfectamente adaptados a estas condiciones extremas.

Son muchos los estudios realizados en estos hábitats hipersalinos durante las últimas décadas, utilizando las metodologías disponibles en cada momento. La mayoría de estos estudios se han basado en el aislamiento y cultivo de los microorganismos presentes en estos ambientes mediante técnicas tradicionales, limitadas al cultivo de una proporción muy pequeña del total de la microbiota de estos hábitats y posiblemente no representativa de los mismos y más recientemente, mediante técnicas moleculares independientes de cultivo, que han permitido conocer en mayor detalle la microbiota de dichos ambientes hipersalinos.

La metagenómica permite la secuenciación directa de una muestra de ADN sin necesidad de aislar y cultivar los microorganismos, mediante técnicas de secuenciación de nueva generación (Next Generation Sequencing, NGS). Recientemente hemos iniciado estudios metagenómicos de varios estanques de la salina de estanque múltiple «Bras del Port», localizada en Santa Pola, Alicante, que posiblemente constituye el ambiente hipersalino mejor conocido y que ha sido objeto de numerosos estudios en los últimos 30 años por diversos grupos tanto españoles como de otros países. De hecho, a partir de esta salina se han descrito varios géneros (*Haloferox*, *Haloarcula* y *Haloquadratum*) y especies de haloarqueas (*Haloferox mediterranei*, *Haloferox gibbonsii*, *Haloferox lucentense* o *Haloarcula hispanica*), así como numerosas especies de bacterias halófilas (*Salinibacter ruber*, *Salinicoccus roseus*, *Chromohalobacter marismortui* o *Salinivibrio costicola*, entre otras).

Los estudios metagenómicos que estamos realizando en la actualidad, en colaboración con el grupo del Dr. Francisco Rodríguez Valera, de la Universidad Miguel Hernández de Alicante, nos han permitido conocer en mayor profundidad tanto la diversidad filogenómica como metabólica de cuatro estanques de la salina «Bras del Port», con salinidades del 13%, 19%, 33% y 37%, respectivamente. El análisis de los metagenomas obtenidos a partir de muestras de agua de dichos estanques que cubren un amplio rango salino de estos sistemas de salinas ha permitido confirmar la presencia o abundancia de grupos microbianos ya conocidos y descritos previamente, como es el caso de la haloarquea cuadrada *Haloquadratum walsbyi* o la bacteria halófila extrema *Salinibacter ruber*. Asimismo, hemos determinado que los microorganismos que se aíslan habitualmente utilizando los medios de cultivo convencionales, tales como las haloarqueas del género *Halorubrum* o las bacterias pertenecientes a los géneros *Halomonas* o *Salinivibrio*, no constituyen la proporción mayoritaria de los estanques de dicha salina. Por otro lado, hemos observado la presencia de nuevos grupos, no detectados anteriormente, que constituyen una proporción importante de la microbiota de los mismos, entre ellos dos representantes del phylum *Euryarchaeota*,

uno de bajo y otro de alto contenido en G+C, así como una bacteria perteneciente a la clase *Gammaproteobacteria*.

Por otro lado, recientemente hemos iniciado estudios microbiológicos de suelos salinos, en colaboración con los grupos de la Dra. Emilia Quesada y del Dr. Francisco Rodríguez Valera, combinando técnicas metagenómicas con técnicas moleculares así como tradicionales de cultivo.

ANÁLISIS POR SECUENCIACIÓN MULTILÓCICA (MLSA) DE ARQUEAS Y BACTERIAS HALÓFILAS

En colaboración con el Dr. Thane Papke estamos realizando un análisis por secuenciación multilócica (MLSA, «Multi-locus Sequence Analysis») de haloarqueas que contribuya a establecer una mejor clasificación de los géneros y especies de la familia *Halobacteriaceae*. Debemos tener en cuenta que en algunas especies de haloarqueas se ha observado la presencia de diferentes operones ribosómicos y en el caso del gen ARNr 16S pueden existir diferencias entre las distintas copias que pueden llegar a ser superiores al 5%. Por otro lado, la hibridación ADN-ADN (tradicionalmente utilizada para definir especies en procariotas) es una técnica muy laboriosa y que no permite almacenar la información en bases de datos, que puedan ser comparadas en estudios posteriores. Nuestro objetivo en este proyecto consiste en establecer un esquema de clasificación de las haloarqueas basado en un análisis MLSA, del que se pueda disponer mediante un acceso libre por parte de los investigadores. Pretendemos completar estos estudios mediante la comparación de estos datos con los de hibridación ADN-ADN, el análisis de los lípidos polares mediante técnicas de espectrometría de masas (MALDI-TOF) y la caracterización fenotípica mediante las técnicas convencionales de caracterización.

Por otro lado, nuestro grupo está realizando estudios de MLSA en otros grupos de bacterias halófilas, que permitan establecer una correcta clasificación de las mismas basada en las relaciones filogenéticas de los diferentes taxones, tales como en las especies de la familia *Halomonadaceae* y más recientemente en el género *Salinivibrio*.

NUEVOS GRUPOS DE PROCARIOTAS DE AMBIENTES HIPERSALINOS

Los estudios metagenómicos descritos anteriormente indican que algunos microorganismos que son abundantes y constituyen una proporción significativa de los ambientes hipersalinos no han sido todavía aislados, ni se conoce su papel ecológico ni sus potencialidades metabólicas en estos hábitats. Por ello, hemos iniciado un proyecto encaminado al aislamiento y caracterización de estos microorganismos, utilizando la información obtenida mediante el análisis metagenómico (fundamentalmente de los genes relacionados con el metabolismo) que nos permita obtener en cultivo puro estos nuevos grupos de microorganismos extremófilos. Muy recién-

temente hemos aislado algunas cepas que están relacionadas con la bacteria perteneciente a la clase *Gammaproteobacteria* anteriormente citada, y en la actualidad estamos procediendo a la secuenciación y análisis de su genoma, que nos permitirá comparar en detalle el mismo con las bases de datos metagenómicas y confirmar que se trata de uno de los microorganismos abundantes en estos sistema hipersalinos, fundamentalmente en estanques con salinidades intermedias y conocer sus habilidades metabólicas. Asimismo, hemos aislado otros grupos de bacterias y arqueas que están siendo caracterizados taxonómicamente y que posiblemente constituyan nuevos taxones no descritos previamente.

Por otro lado, desde hace algunos años venimos realizando estudios en colaboración con el Dr. Mohammad Ali Amoozegar, de la Universidad de Teherán, relacionados con la diversidad de lagos hipersalinos en Irán y las aplicaciones biotecnológicas de los microorganismos aislados de dichos ambientes y con el grupo de la Dra. Meral Birbir, de la Universidad Marmara, en Estambul (Turquía), estudiando los microorganismos halófilos relacionados con el proceso de tratamiento de las pieles y las alteraciones que originan, ya que la industria peletera es muy importante en ese país y el conocimiento de la microbiota presente en las mismas y sus alteraciones puede resultar de enorme interés para su tratamiento.

Por último, debemos reseñar que venimos manteniendo una estrecha colaboración con otros grupos de investigadores nacionales y extranjeros, muy especialmente con el grupo de la Facultad de Veterinaria de la Universidad Complutense (Dres. A. Vela, J.F. Fernández-Garayzábal, L. Domínguez y la Lcda. L. Zamora), acerca de estudios de caracterización taxonómica de nuevas especies de los géneros *Chryseobacterium* y *Flavobacterium* relacionados con patologías de peces.

PUBLICACIONES RECIENTES SELECCIONADAS

Libro

Ventosa A, Oren A, Ma Y. (eds.) (2011). Halophiles and Hypersaline Environments. Current Research and Future Trends. Springer, Heidelberg.

Capítulos de libro

de la Haba RR, Sánchez-Porro C, Márquez MC, Ventosa A. (2011). Taxonomy of Halophiles. En: Extremophiles Handbook. K. Horikoshi (ed.). pp. 255-308. Springer, Tokyo.

de la Haba RR, Sánchez-Porro C, Ventosa A. (2011). Taxonomy, phylogeny, and biotechnological interest of the family *Halomonadaceae*. En: Halophiles and Hypersaline Environments. Current Research and Future Trends. A. Ventosa, A. Oren and Y. Ma (eds.). Springer, Heidelberg.

Artículos en revistas

de la Haba RR, Arahál DR, Márquez MC, Ventosa A. (2010). Phylogenetic relationships within the family *Halomonadaceae* based on 23S and 16S rRNA gene sequence analysis. Int J Syst Evol Microbiol 60: 737-748.

de la Haba RR, Sánchez-Porro C, Márquez MC, Ventosa A. (2010). Taxonomic study of the genus *Salinicola*: transfer of *Halomonas salaria* and *Chromohalobacter salarius* to the genus *Salinicola* as *Salinicola salarius* comb. nov. and *Salinicola halophilus* nom. nov., respectively. Int J Syst Evol Microbiol 60: 963-971.

Sánchez-Porro C, Amoozegar MA, Fernandez AB, Babavalian Fard H, Ramezani M, Ventosa A. (2010). *Lentibacillus persicus* sp. nov., a moderately halophilic species isolated from a saline lake. Int J Syst Evol Microbiol 60: 1407-1412.

Sánchez-Porro C, Kaur B, Mann H, Ventosa A. (2010). *Halomonas titanicae* sp. nov., a halophilic bacterium isolated from the RMS *Titanic*. Int J Syst Evol Microbiol 60: 2768-2774.

Sánchez-Porro C, Yilmaz P, de la Haba RR, Birbir M, Ventosa A. (2011). *Thalassobacillus pellis* sp. nov., a moderately halophilic, Gram-positive bacterium isolated from salted hides. Int J Syst Evol Microbiol 61: 1206-1210.

Márquez MC, Carrasco IJ, de la Haba RR, Jones BE, Grant WD, Ventosa A. (2011). *Bacillus locisalis* sp. nov., a new haloalkaliphilic species from hypersaline and alkaline lakes of China, Kenya and Tanzania. Syst Appl Microbiol 34: 424-428.

de la Haba RR, Yilmaz P, Sánchez-Porro C, Birbir M, Ventosa A. (2011). *Salimicrobium salexigens* sp. nov., a moderately halophilic bacterium from salted hides. Syst Appl Microbiol 34: 435-439.

Ghai R, Pasic L, Fernández AB, Martín-Cuadrado A-B, Mizuno CM, McMahon KD, Papke RT, Stepanauskas R, Rodríguez-Brito B, Rohwer F, Sánchez-Porro C, Ventosa A, Rodríguez-Valera F. (2011). New abundant microbial groups in aquatic hypersaline environments. Scientific Reports 1: 135.

Papke RT, White E, Reddy P, Weigel G, Kamekura M, Minegishi H, Usami R, Ventosa A. (2011). A multilocus sequence analysis (MLSA) approach to *Halobacteriales* phylogeny and taxonomy. Int J Syst Evol Microbiol 61: 2984-2995.

Zamora L, Fernández-Garayzábal JF, Palacios MA, Sánchez-Porro C, Svensson-Stadler LA, Domínguez L, Moore ERB, Ventosa A, Vela AI. (2012). *Chryseobacterium oncorhynchi* sp. nov., isolated from rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Syst Appl Microbiol 35: 24-29.

de la Haba RR, Márquez MC, Papke RT, Ventosa A. (2012). Multilocus sequence analysis of the family *Halomonadaceae*. Int J Syst Evol Microbiol 62: 520-538.

Angelini R, Corral P, Lopalco P, Ventosa A, Corcelli A. (2012). Novel ether lipid cardiolipins in archaeal membranes of extreme haloalkaliphiles. Biochim Biophys Acta (BBA Biomembranes) 1818: 1365-1375.

Bagueri M, Didari M, Amoozegar MA, Schumann P, Sánchez-Porro C, Mehrsad M, Ventosa A. (2012). *Bacillus iranensis* sp. nov., a moderate halophile from a hypersaline lake. Int J Syst Evol Microbiol 62: 811-816.

Makhdomi-Kakhki A, Amoozegar MA, Ventosa A. (2012). *Salinibacter iranicus* sp. nov. and *Salinibacter luteus* sp. nov., isolated from a salt lake, and emended descriptions of the genus *Salinibacter* and *Salinibacter ruber*. Int J Syst Evol Microbiol 62: 1521-1527.

Pagalíng E, Grant WD, Cowan DA, Jones BE, Ma Y, Ventosa A, Heaphy S. (2012). Bacterial and archaeal diversity in two hot spring microbial mats from the geothermal region of Tengchong, China. Extremophiles 16: 607-618.

Zamora L, Vela AI, Palacios MA, Sánchez-Porro C, Moore ERB, Domínguez L, Ventosa A, Fernández-Garayzábal JF. (2012). *Chryseobacterium tractae* sp. nov., isolated from rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Syst Appl Microbiol 35: 315-319.

Amoozegar MA, Makhdomi-Kakhki A, Shahzede Fazeli SA, Azarbaijani R, Ventosa A. (2012). *Halopenitus persicus* gen. nov., sp. nov., an archaeon from an inland salt lake. Int J Syst Evol Microbiol 62: 1932-1936.

MICROBIOLOGÍA MOLECULAR

¿QUÉ LES PASA A LAS LEVADURAS CUÁNDO LES FALTA EL POTASIO?

Informa: Ignacio López-Goñi.

El potasio en uno de los cationes intracelulares más importantes para las células. La levadura *Saccharomyces cerevisiae* tiene en su membrana unos transportadores específicos para el potasio y, en condiciones normales, su concentración intracelular es de unos 200-300 mM. Aunque ya se sabe que el potasio es necesario para varias funciones celulares como la síntesis de proteínas y la activación de algunos enzimas, todavía no se han identificado todas las funciones que pueden estar relacionadas con este catión. El grupo de **biología molecular de levaduras de la Universidad Autónoma de Barcelona**, que dirige Joaquín Ariño, acaba de publicar en *Environmental Microbiology* un artículo en el que estudian la respuesta de *Saccharomyces cerevisiae* a la carencia de potasio. Para ello, han empleado un medio de cultivo que contiene solo trazas de potasio y han comparado la expresión de los genes de la levadura mediante tecnología DNA microarray en condiciones con y sin potasio a distintos tiempos. Los resultados demuestran que la carencia de potasio altera el perfil transcripcional de más de 1.700 genes (más del 25% del genoma completo de la levadura) cuya expresión es inducida o aumentada en algún momento de la investigación.

La falta de potasio alteró drásticamente el metabolismo del azufre (disminuyendo la síntesis de los aminoácidos metionina y cisteína) y disparó una respuesta del tipo estrés oxidativo. Además, se interrumpió la expresión de los genes necesarios para la biogénesis del ribosoma y la traducción, y hubo una disminución en la expresión de diversos componentes necesarios para el control del ciclo celular (como algunas ciclinas y proteínas del tipo quinasas) y un bloqueo en el ensamblaje de las septinas. Este trabajo demuestra que ante la escasez de potasio, las levaduras responden alterando la expresión de varios de los genes que cubre diferentes aspectos de su biología, algunos de estos hasta ahora no explorados y que revelan nuevas funciones celulares de este catión.

Barreto L, Canadell D, Valverde-Saubí D, Casamayor A, Ariño J. 2012.

The short-term response of yeast to potassium starvation. *Environ Microbiol.* 14 3026-3042.

CONTROL DE MICROORGANISMOS

LOS BACTERIÓFAGOS, UNA HERRAMIENTA DE CONTROL DE SALMONELLA EN PRODUCCIÓN AVIAR

Informa: Montserrat Llagostera.

Salmonella sigue siendo la principal causa de enfermedades transmitidas por alimentos en todo el mundo, siendo las aves el principal reservorio de esta bacteria zoonótica. La Unión Europea ha centrado sus esfuerzos en la reducción de la prevalencia de *Salmonella* en las granjas de producción aviar para contribuir a disminuir su incidencia a través de la cadena alimentaria (*from farm to fork*). En este sentido, el uso de los bacteriófagos presenta muchas ventajas. Investigadores del grupo de Microbiología Molecular de la Universitat Autònoma (UAB) de Barcelona han obtenido resultados destacables en la reducción de la colonización del tracto intestinal de pollos de engorde por *Salmonella*.

En el trabajo, se presenta la caracterización tres bacteriófagos virulentos específicos de *Salmonella* (UAB_Phi20, UAB_Phi78, y UAB_Phi87), y el estudio de su capacidad para reducir la concentración de *Salmonella* en dos modelos animales, utilizando diferentes pautas de tratamiento. El genoma de los tres bacteriófagos, que pertenecen al orden *Caudovirales*, no presentó homología con ningún gen conocido implicado en virulencia bacteriana. Los resultados *in vitro* obtenidos con un cóctel integrado por los tres bacteriófagos muestran su eficacia en la disminución de la concentración de una gran variedad de cepas de las serovariedades de *Salmonella enterica* Typhimurium y Enteritidis, las más preocupantes en cuanto a seguridad alimentaria. Además, los tres bacteriófagos fueron relativamente estables a pH 2, resultado que sugiere que deben ser capaces de resistir en gran medida el tránsito a través del estómago hasta llegar al intestino de los animales.

En el modelo de ratón, la administración del cóctel de bacteriófagos comportó una supervivencia del 50% de los animales infectados experimentalmente con *Salmonella*. Asimismo, en el modelo de pollos White Leghorn, libres de patógenos específicos (SPF), la mayor disminución de *Salmonella* en el intestino de los animales a lo largo del tiempo se obtuvo al administrar el cóctel un día antes (o justo después de la infección por *Salmonella*) y sucesivas readministraciones en días posteriores.

Los resultados obtenidos son los primeros en los que se muestra la eficacia de un cóctel de bacteriófagos en la reducción de *Salmonella* en pollos de hasta 25 días y también que se requiere un tratamiento frecuente de los animales, siendo crítica la administración de bacteriófagos antes de la infección por *Salmonella*, para lograr una reducción efectiva de esta bacteria a lo largo del tiempo.

Bardina, C., Spricigo, D.A., Cortés, M.P., Llagostera, M. Significance of the bacteriophage treatment schedule in reducing *Salmonella* in poultry. *Applied and Environmental Microbiology* (2012) 78: 6600-6607.

MICROBIOLOGÍA MOLECULAR

LA TOXINA Y SU ANTÍDOTO EN STREPTOMYCES

Informa: Ignacio López-Goñi.

Los sistemas toxina-antitoxina de bacterias suelen estar compuestos por un par de genes contiguos que actúan de manera conjunta: uno de ellos codifica para una proteína con un efecto tóxico mientras que el otro gen codifica para la correspondiente proteína antídoto que bloquea la acción de la toxina. Estos sistemas se clasifican en tres tipos según cómo la antitoxina neutraliza la toxina. Los más frecuentes son los denominados de tipo II, en los que la toxina es inactivada al unirse con la antitoxina. Las toxinas suelen ser muy resistentes a las proteasas, mientras que las antitoxinas tienen una vida media mucho más corta por ser mucho más sensibles. Su función no está muy clara, aunque se han relacionado con la protección contra ADN extraño, la respuesta al estrés o la muerte celular programada. Han sido muy estudiados en bacterias Gram negativas como *Escherichia coli* en la que se han identificado al menos 33 sistemas toxina-antitoxina. Suelen estar presentes en plásmidos, por lo que se transmiten entre la población bacteriana con facilidad.

Ahora, el Instituto de Biología Funcional y Genómica de la Universidad de Salamanca, acaba de publicar en PLoS ONE la primera demostración experimental de uno de estos sistemas toxina-antitoxina funcional en dos especies de *Streptomyces*. El sistema, similar a uno de *E. coli*, está compuesto por una proteína YefM que actúa como antitoxina inestable, y por YoeB, que es la toxina estable. La sobreexpresión del sistema YefM/YoeB es letal tanto para *E. coli* como para *Streptomyces*, lo que demuestra que el sistema es funcional. Además, el complejo proteico YefM/YoeB purificado interacciona y se une específicamente a determinadas secuencias promotoras, inhibiendo el inicio de la traducción.

Recientemente, mediante análisis bioinformáticos de genomas completos se han detectado hasta 24 sistemas toxina-antitoxina en *Streptomyces*, aunque su funcionalidad no ha sido demostrada hasta ahora.

Sevillano L, Díaz M, Yamaguchi Y, Inouye M, Santamaría RI (2012) Identification of the First Functional Toxin-Antitoxin System in *Streptomyces*. *PLoS ONE* 7(3): e32977.

La sección «nuestra ciencia» publica reseñas de artículos científicos producidos por nuestros socios. La extensión máxima es de 250 palabras. Envía tus reseñas a la Dirección de las revistas o al grupo de divulgación D+D SEM.

ilgoni@unav.es
semaforo@semicrobiologia.org
noticiasem@semicrobiologia.org

MICROBIOLOGÍA DE PLANTAS

MICROBIÓLOGOS DE LA SEM CONTRIBUYEN A DOS IMPORTANTES REVISIONES EN ANNUAL REVIEW OF PHYTOPATHOLOGY

Informa: Ramón Peñalver.

La oportunidad de publicar un artículo en el *Annual Review of Phytopathology* no se presenta muchas veces en la carrera de un microbiólogo de plantas español. Sin embargo, este año el grupo especializado está de enhorabuena ya que nuestros colegas María Milagros López, del Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), y Emilia López Solanilla y Pablo Rodríguez Palenzuela, de la Universidad Politécnica de Madrid, han participado en dos interesantes revisiones.

Por un lado, María M. López, junto con el fitopatólogo canadiense Solke De Boer, revisa las distintas posibilidades actuales de análisis de virus, bacterias, hongos y nemátodos directamente en campo o en laboratorios mínimamente equipados. Además, se comentan nuevas técnicas serológicas y/o moleculares, que finalizan en protocolos o estuches de diagnóstico de fácil utilización, buscando en todos los casos una elevada especificidad y la mayor sensibilidad posible. El diagnóstico fitopatológico sigue los pasos del clínico, desarrollando nuevas estrategias de «on-site diagnosis», que proporcionan en poco tiempo la información necesaria para que los agricultores, viveristas, técnicos, importadores, exportadores, aduaneros, etc., puedan tomar las medidas más adecuadas basadas en análisis rápidos de la máxima precisión.

En el mismo volumen, pero aguas abajo, E. López y P. Rodríguez, junto con otros investigadores de diversos países, estudian en los genomas de las enterobacterias fitopatógenas *Pectobacterium* y *Dickeya*, los genes que codifican los seis sistemas de secreción conocidos en bacterias gram negativas. Asimismo, muestran que estas bacterias son capaces de producir y detectar compuestos de bajo peso molecular, que coordinan la patogénesis, dirigen la modificación del microambiente de la planta, inhiben el crecimiento de otros microorganismos y (posiblemente) atraen a insectos vectores. En esta revisión se integra la información reciente acerca del papel de la secreción de proteínas y la detección y producción de compuestos de bajo peso molecular en la patogénesis de la podredumbre blanda.

La contribución de estos tres científicos españoles en dos publicaciones del *Annual Review* anima a seguir avanzando en el estudio de la microbiología de plantas.

De Boer SH, López MM. New grower-friendly methods for plant pathogen monitoring. *Annu. Rev. Phytopathol.* 2012:197-218.

Charkowski A, Blanco C, (...) López Solanilla E, (...) Rodríguez Palenzuela P, et al. The role of secretion systems and small molecules in soft-rot *Enterobacteriaceae* pathogenicity. *Annu. Rev. Phytopathol.* 2012:425-449.

TRIPANOSOMOSIS EN CAMELLOS Y OTROS RUMIANTES INSULARES

Informa: M.^a Teresa Tejedor Junco.

La Tripanosomosis animal por *Trypanosoma evansi* es endémica en algunas áreas de Gran Canaria. Esta especie de *Trypanosoma* es la que presenta una distribución más amplia entre los tripanosomas africanos que afectan a animales. En Canarias se describió por primera vez en 1997, en un dromedario importado desde Mauritania y se extendió por los rebaños de camellos de varias islas e incluso a la España peninsular y a otros países europeos que habían importado camellos desde Canarias. Mientras que en Canarias la enfermedad se ha limitado a los camellos, en la España peninsular y en Europa, la enfermedad se transmitió a otras especies animales diferentes de los camellos.

Nuestro grupo de investigación trabaja en el estudio de la enzootiología de esta enfermedad, intentando diseñar un plan para su control y erradicación. En el momento actual, la enfermedad se ha erradicado en casi todas las islas y se encuentra limitada a dos granjas de camellos situadas en el sur de la isla de Gran Canaria. Todos los animales de estas granjas han sido tratados en dos ocasiones con Cymelarsan[®], pero ha sido imposible erradicarla.

Para mejorar este plan y evaluar la existencia de reservorios, hemos analizado la situación del ganado vacuno, ovino y caprino en relación con esta enfermedad, ya que estas especies animales son susceptibles de padecerla y además el ganado caprino se cría en muchos casos en zonas muy próximas a los camellos. Se estudiaron 1228 ruminantes mediante técnicas parasitológicas, serológicas y moleculares (PCR). De ellos, 61 animales (7 vacas, 21 cabras, 33 ovejas) fueron positivos por serología, pero no se pudo visualizar el parásito en ninguno de ellos. Todas las PCR fueron negativas. Sin embargo, partiendo de los datos de prevalencia descritos por otros autores, se comprueba que una muestra serológicamente positiva es 20,75 veces más probable que venga de un animal enfermo que de uno sano.

Utilizamos el programa Free Calc para analizar los datos obtenidos, estableciendo los parámetros en función de las prevalencias mínimas esperadas para cada tipo de animal y comparando las zonas próximas y alejadas de las granjas de camellos. De los resultados obtenidos se deduce que el ganado vacuno y caprino de Gran Canaria puede considerarse libre de esta enfermedad con niveles de confianza del 99,8% y 100% respectivamente. Sin embargo, los resultados obtenidos para el ganado ovino no permiten considerar que esté libre de esta enfermedad. Por ello, sería necesario establecer controles que permitan un seguimiento de la situación en estos animales para evitar la extensión de la tripanosomosis.

Rodríguez NF, Tejedor-Junco MT, González-Martín M, Santana del Pino A, Gutiérrez C. (2012). Cross-sectional study on prevalence of *Trypanosoma evansi* infection in domestic ruminants in an endemic area of the Canary Islands (Spain). *Prev Vet Med.* 105: 144-148.

ENZIBIÓTICOS Y FAGOS: ALTERNATIVAS SEGURAS A LOS ANTIBIÓTICOS EN EL CONTROL Y SEGURIDAD ALIMENTARIA

Informa: Manuel Sánchez.

Recientemente la famosa FDA (*Food and Drug Administration*) ha prohibido el uso del antibiótico cefalosporina para el engorde de ganado o de aves de granja. Con esta medida se pretende frenar el incremento de cepas resistentes a los antibióticos, uno de los principales problemas emergentes en el campo de la salud pública ya que la panoplia de antimicrobianos efectivos en el tratamiento de las infecciones está disminuyendo. Son muchos los grupos de investigación que buscan alternativas para tratar a esos patógenos tan peligrosos. En un reciente artículo en *Microbiology Today* (www.sgm.ac.uk/pubs/micro_today) Patricia Veiga-Crespo y Tomas Villa resumen las iniciativas que se están llevando a cabo en el campo de la fagoterapia. Los primeros trabajos han sido realizados en acuicultura, biocontrol agrícola y medicina veterinaria. Así se han obtenido éxitos en el tratamiento de septicemias aviarias y meningitis en terneros. La FDA ha permitido el uso de fagos en la producción de queso y vino, y también su uso en colirios y dentífricos. Otra estrategia es la de utilizar enzibioticos: enzimas líticas provenientes de fagos utilizadas como agentes antibacterianos. En este caso se está intentando mejorar su estabilidad y vida media así como comprobar que su posible actividad inmunogénica sea débil.

Veiga-Crespo P, Villa TG. (2012). Enzybiotics and phages: safe alternatives to antibiotics in the control of food safety. *Microbiology Today* 39:212-215.

Publicación de resúmenes de Tesis Doctorales

SEM@foro publica resúmenes de Tesis Doctorales realizadas por miembros de la SEM. Deben enviarse a la Secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o al Director Editorial (vicjcid@farm.ucm.es) por correo electrónico, siguiendo el formato: Título, Autor, Director(es), Centro de realización, Centro de presentación (si es distinto) y Resumen (máximo, unas 200 palabras).

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.

CONTROL BIOLÓGICO DE OÍDIO DE CUCURBITÁCEAS MEDIANTE BACTERIAS INDUCTORAS DE RESISTENCIA SISTÉMICA. RUTAS DE SEÑALIZACIÓN INDUCIDAS EN LA PLANTA Y DETERMINANTES BACTERIANOS IMPLICADOS

Autor: Laura García Gutiérrez.

Director: Alejandro Pérez García.

Centro: Departamento de Microbiología. Universidad de Málaga.

La principal enfermedad de origen fúngico que afecta al cultivo de cucurbitáceas es el oídio causado por *Podosphaera fusca*. El 70% de las hectáreas de cultivo dedicadas a melón en España se desarrollan al aire libre, lo que representa una seria limitación para muchos de los agentes de control biológico actualmente diseñados frente a esta enfermedad. Para superar este inconveniente, en este trabajo nos hemos planteado la selección de bacterias que aplicadas a las raíces de plantas de melón sean capaces de promover su crecimiento (PGPR) y proporcionar un control de la enfermedad mediante la activación de los mecanismos de defensa de la planta asociados a la resistencia sistémica inducida (ISR).

Para realizar este estudio partimos de una colección de cepas de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp. y evaluamos su potencial como bacterias PGPR mediante el análisis de distintas características fenotípicas asociadas a estas bacterias. Este análisis nos permitió seleccionar dos cepas de *Bacillus subtilis*, UMAF6639 y UMAF6614, una de *Bacillus cereus*, UMAF8564, y dos cepas de *Pseudomonas fluorescens*, UMAF6031 y UMAF6033. Estas cepas seleccionadas resultaron ser promotoras de crecimiento en melón, incrementando el peso fresco en un 30%, e inductoras de resistencia sistémica frente a oídio de cucurbitáceas, proporcionando reducciones de severidad de hasta el 50%. La aplicación conjunta de *B. subtilis* UMAF6639 y *B. cereus* UMAF8564 proporcionó reducciones de enfermedad mayores a las obtenidas por cada cepa de forma independiente. Además, las cepas de *B. subtilis* UMAF6639 y *B. cereus* UMAF8564 eran capaces de inducir resistencia sistémica en melón frente a *Pseudomonas syringae* pv. *lachrymans* sin embargo, las cepas de *P. fluorescens* UMAF6031 y UMAF6033 no provocaron ningún efecto en las defensas de las plantas de melón frente a este patógeno.

El estudio de la expresión de varios genes marcadores de defensa como *LOX2* (lipoxigenasa), *PR-1* y *PR-9* (peroxidasa) mediante RT-qPCR nos indicó que la inducción de defensas activadas por las cepas de *Bacillus subtilis* UMAF6639 y *Bacillus cereus* UMAF8564 en melón eran dependientes de JA, ya que las plantas bacterizadas con estas cepas presentaban una mayor expresión de *LOX2* respecto a las plantas control. Además *B. subtilis* UMAF6639 y *B. cereus* UMAF8564 activaban la expresión de *PR9* y *PR1*, indicando que el SA también estaba implicado en la activación de las defensas frente a esta enfermedad. Sin embargo, la activación de las defensas en plantas de melón bacterizadas con *P. fluorescens* UMAF6031 frente a *P. fusca* no eran dependientes de JA y SA.

A partir de este momento seleccionamos la cepa de *B. subtilis* UMAF6639 para profundizar en el estudio de las rutas de señalización inducidas y los determinantes bacterianos implicados en la activación de la ISR. Para ello, se realizaron ensayos de ISR en mutantes de *Arabidopsis thaliana* defectivos en la biosíntesis y percepción de las hormonas JA, ET y SA. Estos ensayos nos indicaron que *B. subtilis* UMAF6639 activaba defensas en *A. thaliana* frente a oídio dependientes de ET y SA, pero a diferencia de melón no eran dependientes de JA. Además, las hojas de plantas tratadas con *B. subtilis* UMAF6639 presentaban una mayor producción de especies reactivas de oxígeno y de reforzamientos de paredes

celulares (depósitos de calosa y lignina) respecto a plantas no inducidas. En este trabajo, estudiamos también la implicación de los lipopéptidos como determinantes bacterianos implicados en la inducción de defensas en melón. Para ello, utilizamos mutantes defectivos en la producción de los tres lipopéptidos producidos por *B. subtilis* UMAF6639, fengicina, iturina y surfactina. Estos ensayos nos indicaron que la surfactina está implicada en la inducción de resistencia en melón frente a oídio.

ANÁLISIS MICROBIOLÓGICO DE UN SUELO AGRÍCOLA MEDITERRÁNEO TRAS LA APLICACIÓN DE LODOS DE DEPURADORA URBANA

Autor: Clarissa Gondim Porto.

Director: Federico Navarro García.

Centro: Dpto. Microbiología II, Facultad de Farmacia, Univ. Complutense de Madrid.

Los lodos de depuradora son los residuos sólidos obtenidos del tratamiento de las aguas residuales. Para el reciclaje de estos productos, el II Plan Nacional Integrado de Residuos (PNIR 2007-2015) exige que se lleve a cabo un tratamiento previo para concentrar la fase sólida y eliminar posibles agentes patógenos. En España, el 65% del total de estos lodos es utilizado como enmienda agrícola, aunque su uso puede entrañar posibles riesgos para el ser humano y el medio ambiente que no han sido suficientemente evaluados. Por esa razón, hemos analizado su efecto en la microbiología de un suelo agrícola mediterráneo utilizando distintas dosis (40, 80 y 160 t ha⁻¹) y tipos (anaerobio y aerobio) mediante técnicas dependientes de cultivo y moleculares. Desde el punto de vista sanitario, nuestros resultados muestran que las dosis bajas e intermedias producen un incremento transitorio del número de bacterias patógenas y de resistentes a ampicilina que disminuye hasta niveles similares a los del suelo control o desaparecen al cabo de dos años. Por el contrario, las dosis altas provocan que los valores de esos microorganismos sean superiores a los del suelo control hasta el final del experimento. Desde el punto de vista ambiental, se produce un fenómeno peculiar en el que a pesar de que el número de microorganismos copiotróficos y heterotróficos aumenta en los suelos enmendados con las dosis más altas de lodos, su respiración y biomasa disminuye. En cambio, los suelos enmendados con dosis bajas e intermedias presentan mayores tasas de respiración con el consiguiente incremento en la emisión de CO₂, gas que produce el efecto invernadero e influye en el llamado cambio climático. Por otro lado, se produce una gran modificación de las poblaciones bacterianas que componen el suelo agrícola tras la adición de lodos que ha podido ser medida mediante técnicas moleculares. Así, los filos bacterianos más afectados corresponden a *Acidobacteria* y *Proteobacteria*, que junto a *Actinobacteria* son los más abundantes en el suelo control. El incremento de bacterias de la clase *Gammaproteobacteria* junto con la disminución de la proporción de las de la clase *Gp6* del filo *Acidobacteria*, constituyen los principales marcadores de la alteración del suelo por la adición de lodos de depuradora a largo plazo. A corto plazo se ha encontrado un incremento de la presencia de diversas bacterias del filo *Firmicutes* (*Bacilli*) que puede ser utilizado como indicador de una contaminación reciente. En las muestras tratadas con dosis bajas e intermedias las principales modificaciones se detectan en los primeros muestreos y van desapareciendo gradualmente hasta asemejarse a la del suelo control dos años después de la aplicación, fenómeno que no sucede en las parcelas con mayores dosis (sobre todo ANAE160). Podemos

concluir, por tanto, que la aplicación de lodos de depuradora en suelos agrícolas precisa todavía de ser evaluada en profundidad puesto que se producen importantes alteraciones sanitarias y ambientales que pueden influir negativamente en la salud del ser humano e influir en el cambio climático.

UNRAVELING THE BIOLOGY AND CONTROL OF BACTERIAL APICAL NECROSIS (BAN) OF MANGO

Autor: José Antonio Gutiérrez Barranquero.

Directores: Antonio de Vicente Moreno y Francisco Manuel Cazorla López.

Centro: Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga.

Pseudomonas syringae es una especie bacteriana que causa enfermedades en gran número de plantas, tanto herbáceas como leñosas, siendo muchas de ellas, importantes desde el punto de vista ornamental y agrícola, y por lo tanto, económico. La principal enfermedad que afecta al cultivo del mango en el área mediterránea (España, Portugal, Italia e Israel y también presente en otros países como Australia y Estados Unidos) es la necrosis apical del mango (NAM) producida por la bacteria fitopatógena *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*. Con el fin de aportar nuevos datos que ayuden a mejorar la situación del cultivo del mango en el área mediterránea, esta Tesis Doctoral se ha centrado en descifrar la biología y el control de la necrosis apical del mango, así como la descripción de etiologías alternativas. En primer lugar se llevó a cabo el estudio de tratamientos experimentales alternativos al caldo bordelés (compuesto cúprico y principal tratamiento frente a la NAM) compatibles con la agricultura ecológica y con un modo de acción similar para comprobar su eficacia frente a la necrosis apical del mango. Los resultados presentados en este trabajo indicaron que el gel de silicio es un tratamiento eficaz y respetuoso con el medio ambiente para el control de la NAM en cultivos de mango, y que es equivalente en eficacia al caldo bordelés. En segundo lugar, se llevó a cabo un estudio epidemiológico (basado en técnicas diversidad genética y fenotípica) de cepas de *P. syringae* pv. *syringae* aisladas de mango de las principales zonas productoras a nivel mundial, pero principalmente del sur de España. Los resultados obtenidos mostraron que la diversidad de las poblaciones de *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* patógenas de mango constituían un grupo único y que a su vez eran dependientes del lugar de aislamiento. El análisis filogenético usando genes de housekeeping, reveló un filotipo diferenciado patovar *syringae* caracterizado principalmente por la producción de mangotoxina y la asociación al hospedador. En tercer lugar, la secuenciación de plásmidos nativos de cepas de *Pseudomonas syringae*, reveló la presencia de un plásmido nativo conservado de 61,6 Kb en 2 cepas patógenas de *P. syringae* pv. *syringae* aisladas de diferentes hospedadores y en diferentes continentes. Este plásmido se caracteriza por la presencia de una novedosa estructura, donde el gen *copG* y los genes *czcCBA* se encuentran insertados en el operón *copABCD*, involucrado en la resistencia a cobre. El análisis de la secuencia de los genes *czc* del plásmido (pCzc) ha revelado que estos genes eran diferentes en homología e identidad a los genes *czc* cromosómicos (crCzc) anotados en los genomas de otras cepas *P. syringae* pv. *syringae* previamente secuenciadas. El análisis filogenético llevado a cabo usando los genes de housekeeping (*gyrB* y *rpoD*) y usando los genes *czc* (crCzc y pCzc) reveló una distribución filogenética diferente de los genes pCzc en comparación con la historia evolutiva natural de *P. syringae* pv. *syringae*. Mediante el análisis de la concentración

mínima inhibitoria, ensayos de transformación y qRT-PCR, se confirmó el papel de los genes *copG* y *czcCBA* en el incremento de la resistencia a cobre. Por último, se ha descrito una nueva etiología de la necrosis apical del mango producida por cepas patógenas de *Pantoea agglomerans* en las Islas Canarias. El análisis genético llevado a cabo sobre estas cepas de *P. agglomerans* reveló que las mismas formaban un grupo filogenéticamente relacionado que aparecía diferenciado de otras cepas de *P. agglomerans* patógenas descritas en otros hospedadores.

USO DE LEVADURAS SELECCIONADAS OSMOTOLERANTES, LIBRES Y COINMOVILIZADAS, PARA LA PRODUCCIÓN DE VINOS DULCES

Autor: María Teresa García Martínez.

Directores: Juan Carlos García Mauricio y Rafael Peinado Amores.

Centro: Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias. Universidad de Córdoba.

Algunos vinos dulces se obtienen por fermentación parcial de mostos con elevada concentración de azúcar. Esta elevada concentración de azúcar causa numerosos problemas: difícil arranque de fermentación, paradas prematuras, elevado riesgo de contaminación microbiana. En Andalucía, la mayoría de los vinos dulces se elaboran añadiendo alcohol vínico al mosto, sin fermentación. Estos vinos poseen aromas de pasificación pero carecen de aromas fermentativos. Este trabajo plantea la utilización de levaduras osmotolerantes y la aplicación de un nuevo sistema de inmovilización celular efectivo con estas levaduras. Esta técnica de inmovilización consiste en inducir una co-inmovilización espontánea entre un hongo filamentoso GRAS, *Penicillium chrysogenum* H3 y una cepa de levadura *Saccharomyces cerevisiae*. Bajo condiciones especiales, se favorece una simbiosis obteniéndose unas esferas que hemos denominado «biocápsulas de levaduras». Se han aislado y seleccionado cepas de *S. cerevisiae* osmoetanoltolerantes y se han realizado estudios microscópicos, proteómicos y metabólicos con levaduras libres y coinmovilizadas. Los resultados obtenidos revelan que los vinos dulces parcialmente fermentados mediante la aplicación de biocápsulas de levadura presentan una relación de compuestos volátiles cualitativa y cuantitativamente mayor con respecto a los vinos elaborados de forma tradicional, ello influye positivamente en las características organolépticas y supondría una mejora tecnológica innovadora en procesos fermentativos frente a la utilización de levaduras en forma libre.

ORGANIC AMENDMENTS IN AVOCADO CROP: INFLUENCE ON SOIL MICROBIOTA AND IMPLICATIONS FOR THE SUPPRESSION OF ROSELLINIA NECATRIX

Autor: Nuria Bonilla Ruiz.

Directores: Antonio de Vicente Moreno y Francisco M. Cazorla López.

Centro: Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM, UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga.

La aplicación de enmiendas orgánicas es una práctica agrícola muy extendida en el cultivo ecológico del aguacate. En esta tesis doctoral se ha estudiado el efecto de diversas enmiendas

orgánicas sobre la microbiota del suelo de cultivo de aguacate y cómo estas enmiendas pueden modificar el crecimiento y el estado fitosanitario de este cultivo. El estudio de diversas fincas de aguacate indicó que el tipo de suelo o la historia de cada finca es un factor determinante de la composición de la microbiota del suelo. La utilización de fincas experimentales reveló además un efecto directo de las enmiendas en el suelo. Los métodos dependientes de cultivo permitieron identificar a las enmiendas con efectos más evidentes, principalmente el compost comercial de origen animal. Sin embargo la técnica independiente de cultivo PCR-DGGE fue la más resolutoria ya que permitió determinar que todas las enmiendas incluidas en el estudio afectan a la composición de la microbiota en la capa superficial del suelo.

Se realizaron ensayos de invernadero con inoculaciones artificiales del hongo *Rosellinia necatrix*, causante de la podredumbre blanca radicular del aguacate. Todas las enmiendas orgánicas redujeron los síntomas de podredumbre blanca. La cáscara de almendra y los restos de jardinería, previamente compostados, mostraron el efecto más evidente. Además algunas enmiendas favorecieron el crecimiento de las plantas de aguacate. Los suelos modificados se analizaron y compararon en base a sus características físico-químicas, microbiológicas y enzimáticas. Varios de los tratamientos mostraron mayores niveles poblacionales que el control, en suelo y rizosfera, de bacterias heterótrofas, pseudomonas, bacterias aerobias esporuladas y actinomicetes, especialmente en los que contenían gallinaza o restos de jardinería compostados. Los perfiles de PCR-DGGE mostraron variaciones tanto en la complejidad como en la composición de las comunidades bacterianas de suelo y rizosfera dependiendo del tratamiento. Sin embargo, cambios más pronunciados en los niveles poblacionales, la diversidad o la composición de la microbiota no se relacionaron directamente con un mayor efecto supresivo. Los cambios fisiológicos revelados mediante Biolog Ecoplates™ fueron evidentes incluso para los tratamientos que mostraron mínimas diferencias con el control en el análisis estructural realizado por PCR-DGGE. Las enmiendas orgánicas produjeron además una estimulación general de la actividad hidrolítica en los suelos. Algunas de las enzimas afectadas están relacionadas con la degradación de quitina y por lo tanto podrían estar particularmente implicadas en la capacidad de estos suelos para controlar al hongo *R. necatrix*.

Los resultados obtenidos en esta tesis sugieren que el efecto supresivo de las enmiendas no está relacionado con cambios masivos en las comunidades microbianas de los suelos, y que es más probable que el efecto se deba a cambios puntuales en poblaciones microbianas clave o bien en las actividades enzimáticas llevadas a cabo por la comunidad microbiana.

líquidos (biorreactores), condiciones en las cuales no hay esporulación y se asumía que no había diferenciación. En esta tesis hemos analizado el desarrollo de esta bacteria en cultivos líquidos demostrando la existencia de un proceso de diferenciación en el que un micelio joven completamente compartimentalizado (MI) sufre procesos de muerte celular programada y se diferencia a un micelio multinucleado (MII), que es el productor de metabolitos secundarios. También hemos demostrado la aplicación biotecnológica de este ciclo de desarrollo en cuanto a la monitorización y optimización los procesos de producción de antibióticos.

Mediante biología de sistemas (proteómica y transcriptómica), hemos caracterizado las fases de MI, MII, demostrando que los proteomas y transcriptomas de estas fases en cultivos líquidos son comparables a los de cultivos sólidos. También hemos analizado la fase de MCP, demostrando que se trata de un proceso de competencia esencial para la diferenciación de la fase reproductiva productora de antibióticos y esporas (MII).

BIODIVERSIDAD BACTERIANA MARINA: NUEVOS TAXONES CULTIVABLES

Autor: Teresa Lucena Reyes.

Directores: David R. Arahal, María J. Pujalte y M. Carmen Macián.

Centros: Colección Española de Cultivos Tipo (CECT). Facultad de Ciencias Biológicas. Departamento de Microbiología y Ecología. Universidad de Valencia.

En esta Tesis Doctoral se presenta un estudio sobre la diversidad cultivable del ambiente marino empleando técnicas de cultivo tradicionales e identificación mediante secuencia parcial (aproximadamente 1000 bases) del gen ribosomal de la subunidad menor de aislados bacterianos quimioheterótrofos obtenidos a partir de agua del Mar Mediterráneo y ostra cultivada.

Dado el enfoque taxonómico del estudio, las cepas consideradas de interés han sido aquellas cuya secuencia del gen 16S rRNA presentaban una semejanza menor del 98,0% con las de las cepas tipo de las especies más cercanas. Las bacterias marinas seleccionadas por su novedad taxonómica se han sometido a una caracterización polifásica para su descripción y propuesta como nuevos taxones (géneros y especies). La caracterización fenotípica se ha realizado mediante determinación del perfil de actividades enzimáticas y metabólicas, caracteres fisiológicos (rangos de temperatura y salinidad, requerimientos iónicos específicos, relaciones con el oxígeno), caracteres nutricionales (fuentes de carbono, nitrógeno y energía, requerimiento de factores de crecimiento), caracteres morfológicos celulares y coloniales, movilidad (mediante microscopía óptica y electrónica), pigmentos, etc. Se ha complementado mediante sistemas multiprueba (galerías API y Biolog) y con el análisis de proteínas por espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) con el fin de permitir una rápida diferenciación de los taxones. Además, se ha realizado la caracterización quimiotaxonómica, que incluye el perfil de ácidos grasos celulares (determinación por cromatografía de gases mediante el sistema MIDI), la composición de lípidos polares mayoritarios mediante cromatografía en capa fina (TLC) y el contenido en quinonas isoprenoides por cromatografía líquida de alta presión (HPLC). La caracterización genotípica ha incluido la determinación del contenido en bases guanina y citosina (G+C) del DNA. Además, se ha completado la secuencia del gen 16S rRNA (>1400 nucleótidos). Con las secuencias obtenidas se han elaborado los estudios filogenéticos basados en la comparación con las secuencias génicas de las especies tipo y representativas de los géneros más

CARACTERIZACIÓN MEDIANTE BIOLOGÍA DE SISTEMAS DEL CICLO DE DESARROLLO DE STREPTOMYCES Y SUS APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS

Autor: Paula Yagüe Menéndez.

Directores: Prof. Jesús Sánchez Martín y Dr. Ángel Manteca Fernández

Centro: Dpto. Biología Funcional, Área de Microbiología, Universidad de Oviedo

Streptomyces es una bacteria micelial que produce aproximadamente dos tercios de los antibióticos de interés en biomedicina. Tiene un ciclo de desarrollo complejo, que en cultivos sólidos incluye procesos de muerte celular programada (MCP) y esporulación. La mayoría de las fermentaciones industriales se realizan en cultivos

cercanos, permitiendo la reconstrucción filogenética empleando los algoritmos NJ, MP y ML disponibles en el paquete informático ARB. En algunos casos y con el fin de profundizar y resolver mejor las relaciones filogenéticas, se han analizado otros genes esenciales o «housekeeping» (*gyrB*, *recA*, *pyrH*, etc...) tanto de forma individual como concatenados. Cuando la secuencia del gen 16S rRNA no bastaba para delimitar especies, se ha determinado el valor ANI (identidad nucleotídica media). Esta es una técnica de reciente aplicación en taxonomía bacteriana para la comparación de parejas de genomas, y que da la identidad de secuencia promedio que muestran todos los genes ortólogos compartidos.

Este estudio ha permitido identificar a las proteobacterias como las bacterias quimioheterótrofas cultivables más abundantes en el agua de mar del Mediterráneo y confirmar la dominancia del género *Vibrio*, mientras que las bacterias pertenecientes a otros filos son de más difícil recuperación. La selección de las cepas de interés taxonómico y la caracterización taxonómica de éstas ha permitido reconocer siete nuevos taxones dentro de la clase Alphaproteobacteria y la descripción formal de dos nuevos géneros (*Actibacterium* y *Phaeomarinomonas*) y cinco nuevas especies (*Actibacterium mucosum*, *Phaeomarinomonas mediterranea*, *Phaeomarinomonas litorea*, *Roseovarius litoralis* y *Tropicibacter multivorans*). Del mismo modo, se han reconocido y descrito cuatro nuevas especies dentro de la clase Gammaproteobacteria, *Haliea mediterranea*, *Photobacterium aphoticum*, *Vibrio aestivus* y *Vibrio quintilis*. Además, se ha descrito un nuevo género y dos nuevas especies pertenecientes al filo Bacteroidetes, *Euzebyella saccharophila*, género nuevo con una sola especie, y *Marinifilum flexuosus*. El análisis comparativo genómico, utilizando parámetros no dependientes de anotación (ANIb, ANIm y TETRA) sobre datos de secuenciación masiva al azar, ha permitido delimitar especies de acuerdo con los umbrales propuestos, de modo satisfactorio.

Este estudio ha puesto de manifiesto la existencia de taxones no descritos entre las poblaciones bacterianas fácilmente cultivables y procedentes de nuestro entorno inmediato.

ANÁLISIS GENÉTICO Y FUNCIONAL DE GENES ESPECÍFICOS PARA PRODUCCIÓN DE MANGOTOXINA

Autor: Víctor José Carrión Bravo.

Directores: Antonio de Vicente Moreno, Francisco Manuel Cazorla López y Eva María Arrebola Díez.

Centro: Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea «La Mayora» (IHSM-UMA-CSIC), Universidad de Málaga.

Pseudomonas syringae es una bacteria fitopatógena capaz de producir diferentes factores de virulencia, entre los que podemos destacar las fitotoxinas. Este trabajo se centra en el estudio de una toxina antimetabolito descrita por nuestro grupo de investigación y a la cual denominamos mangotoxina. Dicha toxina es producida principalmente por cepas de *P. syringae* pv. *syringae*, aisladas de mango. Estudios previos han mostrado que la mangotoxina es un pequeño oligopéptido que inhibe a la enzima ornitina N-acetil transferasa, paso clave en la ruta de biosíntesis de ornitina y arginina.

Con el objetivo de identificar los genes implicados en la producción de mangotoxina, en trabajos anteriores de nuestro grupo, se realizó una mutagénesis al azar usando el transposón *miniTn5*, obteniéndose una serie de mutantes defectivos en la producción de mangotoxina. El análisis de los genes interrumpidos puso de manifiesto la participación de un grupo de genes, posteriormente denominado operón *mgo*, y que incluye, entre otros genes, el gen *mgoA* que codifica una posible NRPS. El operón *mgo*, y concretamente el gen *mgoA*, participan en la producción de man-

gotoxina y contribuyen a la virulencia de las cepas productoras, tal y como ya ha sido descrito por nuestro grupo. El estudio de otros mutantes defectivos en la producción de mangotoxina nos permitió la identificación de los genes implicados en la biosíntesis de mangotoxina en nuestra cepa modelo UMAF0158. Estos genes se encuentran en una región cromosómica que no está presente en cepas de *P. syringae* secuenciadas y caracterizadas como no productoras de mangotoxina. Mediante un análisis más detallado de esta región, se determinó que presentaba una organización en forma de operón formado por seis genes, y denominado «*mbo*» procedente de las siglas de *mangotoxin biosynthetic operon*. Para determinar la funcionalidad del operón *mbo*, éste fue clonado incluyendo los seis genes, el promotor y el terminador, y posteriormente transformado en varias cepas del género *Pseudomonas* no productoras de mangotoxina. El resultado fue que todas ellas ganaron la capacidad de producir mangotoxina, confirmando la funcionalidad de este operón y que contiene toda la información genética específica necesaria para la biosíntesis de mangotoxina. Por lo tanto, esta región cromosómica ha sido descrita en este trabajo como directamente implicada en la biosíntesis de mangotoxina de forma específica y esencial.

Debido al carácter específico y esencial de este operón para la producción de mangotoxina, se ha desarrollado un sistema de detección del operón *mbo* basado en técnicas moleculares de PCR, el cual se ha contrastado con el análisis fenotípico de la producción de mangotoxina en un grupo de 93 cepas pertenecientes a *P. syringae*. Los cebadores seleccionados amplificaban 692 pb del operón *mbo* en las cepas productoras de mangotoxina. Esta técnica nos ha permitido desarrollar un método fácil y rápido de detección del operón *mbo* y por tanto, cepas productoras o potencialmente productoras de mangotoxina. Por otro lado, en este trabajo se han realizado análisis filogenéticos basados en las secuencias de genes *housekeeping*, para intentar resolver la historia evolutiva del operón *mbo* y precisar la relación filogenética entre las cepas usadas en este estudio. El resultado de este análisis sugiere que el operón *mbo* ha sido adquirido una sola vez a lo largo de la evolución por un ancestro común de los patovares *aptata*, *avellanae*, *japonica*, *pisi* y *syringae* pertenecientes a la genomoespecies 1.

Finalmente, con el fin de profundizar en los aspectos genéticos de la producción de mangotoxina, se realizó un estudio de la regulación de la producción de dicha toxina. Para ello, se llevó a cabo un análisis transcripcional de la cepa silvestre y de los mutantes en *gacA* y *mgoA*, mediante PCR cuantitativa en tiempo real (q-PCR). Se realizó una cuantificación de la expresión relativa de genes de los operones *mbo* y *mgo*, *gacS/gacA*. Ambos mutantes, tanto en *gacA* como en *mgoA*, mostraron una disminución de los niveles de expresión relativa, o lo que es lo mismo, una disminución de la transcripción de los genes *mbo*. Además, se detectó una menor expresión relativa de los genes *mgo* en el mutante en *gacA*. Posteriormente se llevaron a cabo experimentos de sobreexpresión de los operones *mgo* y *mbo* en los diferentes mutantes del sistema *gacS/gacA* y en la cepa silvestre. Los resultados mostraron que la sobreexpresión del operón *mgo* en los mutantes *gacS/gacA* no restauró la producción de mangotoxina. Este resultado indica que la ruta de regulación no es lineal, sino que existen ramificaciones con intermediarios entre ambos sistemas reguladores. Para intentar determinar el papel del operón *mgo* en la producción de mangotoxina y si presenta alguna acción directa en el operón *mbo*, se llevaron a cabo experimentos de expresión de β -galactosidasa usando una construcción del promotor del operón *mbo* en el mutante en *mgoA*. Los resultados mostraron que el promotor del operón *mbo* no fue capaz de alcanzar los niveles de actividad β -galactosidasa de la cepa silvestre en el mutante en *mgoA*, por lo tanto estos resultados parecen indicar que alguno de sus productos ejerce una función activadora del operón *mbo*. El análisis en conjunto de todos los resultados obtenidos, nos

ha permitido establecer un modelo simplificado y provisional de la ruta de regulación durante la producción de mangotoxina, el cual se basa en que el sistema de dos componentes GacS/GacA regula a nivel transcripcional los operones *mbo* y *mgo*, permitiendo la traducción de ambos, y además los productos del operón *mgo* parecen actuar potenciando la transcripción del operón *mbo*.

MECANISMOS DE ACCIÓN Y DETERMINANTES BACTERIANOS IMPLICADOS EN LA ACTIVIDAD DE BIOCONTROL DE *BACILLUS*

Autor: Houda Zeriuoh.

Directores: Alejandro Pérez García, Antonio de Vicente Moreno y Diego Romero Hinojosa.

Centro: Departamento de Microbiología, Universidad de Málaga.

El control biológico de plagas y enfermedades vegetales es, en principio, una estrategia de control respetuosa con el medio ambiente, por lo que se ha convertido en un interesante método de control: En este sentido, la popularidad creciente de los programas de manejo integrado de plagas y enfermedades, ha contribuido al incremento del uso de estos agentes de biocontrol. El control integrado tiene como principal objetivo, la racionalización del empleo de pesticidas, haciendo énfasis en la contribución que otros métodos de control tales como el biocontrol puedan aportar al manejo de las enfermedades. Por tanto, el conocimiento amplio de los mecanismos de acción de un agente de biocontrol es un requerimiento clave para su posterior desarrollo como producto de control biológico. Diversas especies del género *Bacillus* se encuentran entre los biopesticidas de mayor éxito en el control de diferentes enfermedades de plantas debido, entre otras propiedades, a su capacidad de producir diferentes compuestos antimicrobianos. Los antibióticos lipopéptidicos han recibido especial atención por su amplio espectro de acción, frente a hongos y bacterias patógenas responsables de enfermedades en raíces, partes aéreas de la planta y en condiciones de postcosecha; y que además pueden contribuir al control de las enfermedades mediante diferentes mecanismos de acción. En nuestro laboratorio se seleccionaron dos cepas de *B. subtilis* por su capacidad antagonista frente a un amplio rango de patógenos fúngicos, demostrándose que estas dos cepas de *B. subtilis* producían las tres principales familias de lipopéptidos (fengicinas, iturinas y surfactinas). Se confirmó la implicación de fengicinas e iturinas en la capacidad de control de la enfermedad fúngica más importante de cucurbitáceas, el oídio. Dado que la actividad antifúngica de estas cepas estuvo principalmente asociada a la producción de lipopéptidos, se planteó como primer objetivo evaluar el espectro de acción de estas cepas de *B. subtilis* frente a otros patógenos aéreos de origen bacteriano y analizar el papel de los lipopéptidos en la posible actividad supresora. Se llevaron a cabo ensayos de biocontrol que revelaron que dos enfermedades bacterianas, la mancha bacteriana y la podredumbre blanda causadas por *Xanthomonas campestris* pv. *cucurbitae* y por *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* respectivamente, eran eficazmente controladas por estas cepas de *B. subtilis*. En los ensayos de biocontrol utilizando una colección de mutantes simples incapaces de producir iturina, bacilomicina o fengicina, y en los estudios microscópicos confirmamos el papel esencial de los lipopéptidos de la familia de las iturinas en la actividad de biocontrol de estas cepas de *B. subtilis* (Zeriuoh, H., Romero, D., García-Gutiérrez, L., Cazorla, F.M., de Vicente, A., Pérez-García, A. (2011) The iturin-like lipopeptides are essential



Xanthomonas sin tratar (izquierda) y en presencia de lipopéptidos de *Bacillus subtilis* (derecha). Imagen de la tesis de Houda Zeriuoh.

components in the biological control weaponry of *Bacillus subtilis* against bacterial diseases of cucurbits. Mol. Plant-Microbe Interact 24: 1540–1552). Además, evaluamos el papel de las surfactinas en la colonización del filoplano de melón. Los estudios de colonización que se llevaron a cabo con las cepas de *B. subtilis* y un mutante defectivo en la producción de surfactina, demostraron que las surfactinas estaban implicadas en la formación de biopelícula sobre las hojas de melón, ya que en los mutantes defectivos en surfactina se observó la desaparición de la formación de matriz extracelular y una disminución en la capacidad de colonización y en la capacidad de control biológico con respecto a las cepas silvestres de *B. subtilis*. Estos resultados resaltan que las surfactinas son esenciales para la formación de biopelículas sobre hojas de melón y la colonización eficaz del filoplano, ambas características indispensables en un agente de biocontrol eficaz. Por otro lado, demostramos que el fenómeno *quorum quenching* no está implicado en la capacidad de biocontrol de *B. subtilis* frente a bacterias fitopatógenas.

PREDICTIVE MYCOLOGY AND USE OF NATURAL ANTIFUNGALS TO PREVENT THE MYCOTOXIN FOOD HAZARD

Autor: Daiana García.

Directores: Dr. Antonio J. Ramos Girona y Dra. Sonia Marín Sillué.

Centro: Unidad de Micología Aplicada del Departamento de Tecnología de Alimentos de la Universidad de Lleida.

Los hongos filamentosos pueden causar deterioro en las materias primas, piensos y alimentos varios pero, además, algunos sintetizan toxinas llamadas micotoxinas las cuales son un riesgo para la salud humana y animal. Desde el punto de vista de la seguridad alimentaria, en la relación moho-toxina-alimento sólo las micotoxinas, como peligro químico, son relevantes. Sin embargo, pese a la ausencia de una relación directa entre el crecimiento fúngico y la producción de micotoxinas, la prevención del crecimiento de mohos en los alimentos conduce a la prevención de la presencia de micotoxinas.

Debido a que los hongos filamentosos pueden contaminar los alimentos desde las materias primas hasta su producto final, se deberían emplear diferentes estrategias de prevención en los distintos pasos de la cadena alimentaria. Las estrategias de pre-cosecha incluyen el uso de variedades de resistencia, rotación del cultivo, la preparación del suelo, una irrigación óptima, el uso de fertilizantes, herbicidas, insecticidas y la aplicación de agentes químicos y biológicos. Por otro lado, las estrategias de postco-

secha incluyen el mejoramiento de las condiciones de secado y almacenamiento junto con el uso de agentes químicos y naturales. Conjuntamente, los modelos predictivos podrían utilizarse como una estrategia para la predicción y prevención del crecimiento de mohos y la acumulación de micotoxinas.

Esta tesis se centra en dos principales estrategias de control del desarrollo fúngico:

- a) El uso de antifúngicos de origen natural para la prevención de mohos y micotoxinas.
Dos extractos vegetales, de *Equisetum arvense* y *Stevia rebaudiana*, fueron estudiados como posibles agentes inhibidores del crecimiento de mohos toxigénicos y sus correspondientes micotoxinas. Las cepas estudiadas de *Aspergillus* y *Fusarium* fueron completamente inhibidas *in vitro* por un extracto de *E. arvense* al 3%. Sin embargo, este efecto se vio disminuido en el estudio *in vivo* en semillas de maíz, donde *E. arvense* fue efectivo en la inhibición del crecimiento de *Aspergillus* sección *Flavi* y *Fusarium* sección *Liseola* a los mayores niveles de actividad de agua ensayados y para los mayores niveles de infección. A pesar de esto, los niveles de micotoxinas no se vieron significativamente afectados.
- b) La evaluación de la utilidad de los modelos predictivos para el manejo del problema de las micotoxinas.
En un trabajo inicial fueron identificados cuatro puntos específicos que merecen un estudio en profundidad para evaluar la viabilidad de la microbiología predictiva en el campo de los mohos, y en concreto en el almacenamiento de materias primas y alimentos: 1) los modelos predictivos deberían ser útiles para predecir durante largos períodos de tiempo; 2) los alimentos y las materias primas propensos a la contaminación por micotoxinas generalmente están almacenadas bajo condiciones marginales para el crecimiento fúngico; de esta forma el desarrollo de los modelos debería probarse bajo dichas condiciones; 3) el impacto del tamaño del inóculo debería de tenerse en cuenta en el desarrollo de los modelos; y 4) el impacto de la potencial variabilidad intraespecífica en las predicciones entre aislados de una misma especie.

La predicción del tiempo hasta el inicio del crecimiento mediante modelos cinéticos se ve claramente influida por el tamaño del inóculo. Por otro lado, los modelos de predicción se vieron comprometidos bajo las condiciones marginales estudiadas para el crecimiento fúngico; la gran variabilidad de los resultados bajo dichas condiciones trae como consecuencia la necesidad de la utilización de un gran número de repeticiones, especialmente para los modelos cinéticos. Por último, se demostró una gran variabilidad intraespecífica en el crecimiento y los niveles de micotoxinas para las cepas estudiadas: *A. carbonarius* y *P. expansum*. Por este motivo, debería incluirse un gran número de cepas para el desarrollo de modelos tanto para el crecimiento fúngico como para la producción de micotoxinas; el aumento del número de cepas en un experimento aumenta la variabilidad explicada mucho más que incluir más repeticiones.

Finalmente, se hizo un primer intento de modelización para la producción de aflatoxinas en función de los parámetros de crecimiento y el tiempo. En dicho experimento se demostró que la acumulación de aflatoxinas se correlacionaba mejor con el área de la colonia que con el diámetro de la colonia o la biomasa. Para el modelo de la producción de aflatoxinas se utilizó el modelo de

Luedeking-Piret, obteniéndose razonables porcentajes de variabilidad explicada.

Para concluir, los modelos de probabilidad aplicados en esta tesis, ya sea para el crecimiento fúngico o para la producción de micotoxinas, pueden ser una herramienta valiosa en la gestión de la seguridad alimentaria a través de la cadena alimentaria.

MICOTOXINAS EN ALIMENTO PARA TILAPIA: EVALUACIÓN DEL NIVEL DE CONTAMINACIÓN Y EFECTO SOBRE PARÁMETROS DE DAÑO OXIDATIVO EN CÉLULAS Y TEJIDOS LINFOIDES DE TILAPIA NILÓTICA (*Oreochromis niloticus*)

Autor: Carlos Humberto Rodríguez Cervantes.

Directores: Dr. Antonio J. Ramos Girona y Dr. Manuel Iván Girón Pérez.

Centro: Unidad de Micología Aplicada del Departamento de Tecnología de Alimentos de la Universidad de Lleida y Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicas y Farmacéuticas de la Universidad Autónoma de Nayarit (México).

El cultivo de tilapia (*Oreochromis* spp.), el pez dulceacuícola más importante de México por su captura, se realiza principalmente en ambientes subtropicales. Estas condiciones ambientales, por un lado, favorecen el cultivo comercial de este pez y, por otro, son propicias para la contaminación del alimento empleado en acuicultura por hongos como *Aspergillus* y *Fusarium* spp., productores de aflatoxinas (AFs) y fumonisinas (FBs), respectivamente. En este estudio, se recolectaron muestras de alimento para tilapias utilizado en 10 granjas del estado de Nayarit, México, durante tres temporadas estacionales (primavera, verano e invierno) entre 2009-2010. En cada muestra se determinó la actividad de agua (a_w) y concentración de AFs y FBs por ELISA y HPLC. Los resultados no mostraron contaminación por AFs; respecto a las FBs, se detectaron 19 muestras positivas (60%) por ELISA y 14 muestras positivas (46%) por HPLC, con niveles de 0.148 a 2.587 mg/kg, los cuales se encuentran por debajo de los límites permisibles en la Recomendación 2006/576 de la Unión Europea. En base a la concentración de FBs encontrada, se utilizaron dos concentraciones (1.0 y 2.5 ppm) de FBs (FB₁+FB₂ ratio 3:1) para evaluar el daño oxidativo (concentración de proteína oxidada e hidroperóxidos lipídicos) y actividad de las enzimas antioxidantes glutatión-S-transferasa (GST), catalasa (CAT) y superóxido dismutasa (SOD). Para las exposiciones *in vitro* se expusieron células mononucleares de sangre periférica (CMSP) durante 24, 48 y 96 h, mientras que para las exposiciones *in vivo* se expusieron CMSP, células de bazo y tejido hepático durante 4, 14 y 21 días. Los resultados de las exposiciones *in vitro* e *in vivo* demostraron que FBs afecta negativamente la actividad de CAT en las células y tejidos expuestos. Por otro lado, la actividad de SOD solamente se ve afectada en CMSP y bazo expuestos *in vivo* a FBs. En cuanto al daño oxidativo, FBs provoca aumento en la concentración de proteínas oxidadas en las células y tejidos expuestos, mientras que la concentración de hidroperóxidos lipídicos aumentó solo en CMSP. Estos resultados sugieren que la exposición aguda a FBs produce modificaciones en los parámetros de estrés oxidativo de las células y tejidos expuestos, lo cual pudiera afectar la fisiología de este organismo e influir posteriormente en el crecimiento y producción de este pez.

Gemma Reguera

Michigan State University. East Lansing, MI 48824, EE. UU
reguera@msu.edu



Querido Presidente,

Permíteme comenzar esta carta agradeciéndote tu invitación e iniciativa para contar la historia de los científicos españoles que, como yo, hemos tomado la decisión de realizar nuestra carrera investigadora en el extranjero. Mi historia, al menos como yo la recuerdo, es similar a la de otros compañeros que sintieron esa inquietud rara de que nos estábamos perdiendo algo muy importante quedándonos en España. Quizás inusual es el hecho de que yo me vine a Estados Unidos recién acabada mi licenciatura en Biología para hacer primero un máster y después el doctorado en microbiología. En contra de lo que muchos creen al leer esto, no vengo de una familia adinerada que me pagó los estudios. Soy el producto de la escuela y la universidad pública española, de principio a fin. Llegué a la Universidad de Massachusetts en Amherst con una beca de intercambio de la Universidad de Oviedo. Esto me permitió trabajar dando clases de español para ganarme el sueldo y recibir matrícula gratuita, la cual usé para cursar mis estudios de microbiología. Fueron años de mucho esfuerzo pero de gran enriquecimiento personal y profesional para mí. Comparto mis experiencias en esta carta para animar a aquellos jóvenes españoles que se identifiquen con esta mismas inquietudes a seguir adelante y, por qué no, a probar la experiencia en el extranjero.

El antes y el después de la beca que me trajo a Estados Unidos son los puntos referentes de mi vida profesional. Mi decisión de dejar mis estudios graduados en España para venirme a Estados Unidos no fue casualidad. Fue algo planeado, elaborado y muy meditado. Es irónico que fueron mis estudios de inglés en la escuela oficial de idiomas de Oviedo los que me sirvieron para competir por una beca de intercambio que normalmente sacaban filólogos. Como microbióloga no encontré ninguna opción financiera satisfactoria ni para quedarme en España a hacer el doctorado, ni para irme al extranjero. Eso no hizo más que acrecentar la sensación de asfixia y alienación intelectual que ya venía sintiendo en lo que siempre consideré un sistema educativo y científico rígido y de masas. Peor aún fue lo que en mi opinión era un sistema científico endogámico que perpetuaba una jerarquía basada en la cantidad de servicio y no siempre en su calidad. Me cuesta decirlo así, sin tapujos, porque no quiero que estas impresiones negativas salpiquen la labor docente y científica tan excepcional de un gran número de mentores y compañeros que dejé atrás y que me han inspirado y apoyado en todo momento. La formación educativa y científica que recibí

de ellos, que no del sistema, sentó las bases intelectuales y morales de mi profesión. A ellos les debo lo mucho o poco que he logrado profesionalmente.

Cuando pienso en mi llegada a la Universidad de Massachusetts sólo se me viene a la cabeza la palabra «liberación». Las clases para estudiantes graduados no se basaban en la memorización sino en el razonamiento científico. Discutíamos los experimentos que condujeron a los descubrimientos y descubríamos la lógica científica en el plan experimental. La mayoría de las materias se complementaban con laboratorios diseñados perfectamente para aprender a través de la experimentación. Aprendí por primera vez a razonar mientras estudiaba y dejé de aburrirme en las clases. Eso, unido a la formación teórica que traía de España, me ayudó a avanzar rápidamente y a sobresalir académicamente. Otra gran sorpresa y alegría fue el sistema de calificaciones. Recibías la nota que te merecías, ni más ni menos. Al menos en mi época de estudiante en España, el número de matrículas que un profesor podía conceder era establecido en base al número de estudiantes matriculados. Recuerdo con gran tristeza mi clase de virología, que tanto disfruté por los profesores y compañeros que tuve, y en la que conseguí la segunda puntuación más alta de la clase (a menos de un décimo de la nota más alta, si no recuerdo mal). Sólo se podía conceder una matrícula, así que yo me quedé con un sobresaliente. Esto jamás pasó en mi experiencia académica en Estados Unidos. En el sistema americano también descubrí por vez primera lo que era «curvar» las notas, es decir, usar la estadística para normalizar las notas en base a las puntuaciones de todos los estudiantes del curso. Y así, los mejores consiguen la matrícula (o la «A» americana) y la puntuación deja de ser un número rígido y se convierte en un punto de referencia. En mi opinión, éste es el único sistema justo. El efecto fue inmediato. Pasé de estar totalmente desmotivada académicamente a disfrutar de mis clases y hasta me aventuré a tomar clases adicionales en otros departamentos, simplemente por las ganas de saber. Esa flexibilidad académica me ayudó a recibir una formación multidisciplinaria, la cual aún sigo cultivando y que trato de pasar a mis estudiantes y a la gente de mi grupo de investigación.

Si académicamente disfruté, en el laboratorio me sentí como en el paraíso. El contraste más grande fue la cantidad de recursos que tenía a mi disposición. Pasé de compartir una meseta pequeñita con una compañera y no tener escritorio a tener varias mesetas y mi propio escritorio. La instrumentación que tenía en mi grupo de investigación y mi departamento me permitía realizar todo tipo de

experimentos. Algo que aprendí de esta experiencia y que sigo manteniendo con pasión es que la investigación no puede ser limitada por la falta de capital. Ser científico requiere vocación y un gran esfuerzo personal pero también un buen sueldo. Y el trabajo científico no puede estar nunca limitado técnicamente porque no haya dinero para comprar los materiales o por la falta de acceso a equipo e instrumentación. Productividad y calidad de investigación requieren inversión monetaria. Los números no engañan. Sólo hace falta ver la cantidad del PIB que se invierte en investigación en España cada año y compararlo con el de Estados Unidos. Aún así, siempre me ha sorprendido lo mucho que hacíamos y se sigue haciendo en España con tan pocos recursos. Es cierto que querer es poder, pero sólo hasta un cierto punto. No dejo de pensar en cuánto, pero cuánto, podrían hacer todos los jóvenes científicos de España con tan sólo un pequeño aumento de los recursos y un mínimo apoyo financiero.

Ya han pasado casi doce años desde que recibí mi doctorado, años en los que hice dos estancias postdoctorales y me establecí como investigadora independiente en la Universidad Estatal de Michigan. Durante este tiempo seguí recibiendo el apoyo de un gran número de amigos y mentores españoles, algunos afincados en España, otros realizando su carrera profesional en el extranjero. Recibí, por ejemplo, una beca de postdoctorado del antiguo Ministerio de Educación y Ciencia. No me queda ninguna duda de que sin esa beca y el apoyo que recibí de mi gran amigo y mentor de la Universidad de Oviedo, Carlos López Otín, no hubiera llegado a donde estoy ahora. Me preguntan muchas veces si he pensado en volver a España. La respuesta, simple y llanamente, es no. Estoy aquí porque tengo oportunidades para hacer la ciencia que siempre quise hacer. Aquí conocí a mi marido y aquí nació mi hijo. No me he planteado nunca volver porque no se me ofrece la estabilidad y recursos que tengo aquí, tanto en lo personal como en lo profesional. Estoy en una universidad que valora mi trabajo, que promueve mis inquietudes científicas y que me permite mantener un balance positivo entre mi vida personal y profesional. Me considero muy afortunada.

No quiero dar la impresión de que todo ha sido de color de rosa, porque no ha sido así. Ser extranjero no es fácil y la nostalgia te viene en cuanto menos te la esperas. El sacrificio personal es enorme, alejada como he estado de mi familia, mi cultura y todo el ambiente que me ha arropado desde siempre. Pero esta experiencia ha sido y sigue siendo la aventura personal y profesional más enriquecedora de mi vida y me ha cambiado, y beneficiado, de muchas maneras. Como alguien me dijo una vez: «no es la carga lo que duele, sino cómo llesves la carga». He aprendido a vivir con la dicotomía de dos culturas y puedo decir con absoluta sinceridad y gran orgullo que me considero una ciudadana doble. Pero ésta ha sido mi decisión personal. He conocido a muchos españoles que prefirieron volver. Al final, lo importante es tener opciones. Me preocupa enormemente ver la falta de opciones que tienen muchos jóvenes científicos en España. A todos ellos les animo a seguir luchando y a buscar oportunidades incluso donde parece que no las haya. La suerte no es más que la oportunidad que llega a aquellos que están

preparados. También les animo a cruzar el charco y a probar a hacer ciencia en un ambiente intelectual y cultural tan distinto al de España. Merece la pena. A la Sociedad Española de Microbiología le agradezco los muchos esfuerzos que realiza para mejorar las condiciones de nuestros colegas, y la sigo animando a continuar sus actividades mediadoras con el gobierno para crear más opciones para las nuevas generaciones de microbiólogos.

Gracias de nuevo, Presidente, por la invitación y la oportunidad de reflexionar sobre este tema tan importante.

BREVE CV

Gemma Reguera es profesora asociada en el departamento de Microbiología y Genética Molecular de la Universidad Estatal de Michigan. Es licenciada en Biología por la Universidad de Oviedo y recibió su doctorado en Microbiología por la Universidad de Massachusetts en el 2001. Tras dos estancias postdoctorales, primero en la Escuela de Medicina de Harvard y después en la Universidad de Massachusetts, inició su labor docente y carrera investigadora independiente en la Universidad Estatal de Michigan en el 2006. Su trabajo de investigación se centra en el estudio de procesos microbianos de relevancia medioambiental y sus aplicaciones biotecnológicas. Entre los trabajos publicados por su laboratorio se encuentran estudios de bacterias productoras de nanocables eléctricos, su papel en la mineralización de metales y radionúcleos como el uranio, y su aplicación en el desarrollo de bioreactores electroquímicos y nanosistemas híbridos. Además de su labor académica y científica, está interesada en la difusión científica y contribuye de forma habitual como *blogger* y editora en el *blog* de la American Society for Microbiology (ASM) «Small Things Considered», de Moselio Schaechter.

CENTRO DE TRABAJO

La Universidad Estatal de Michigan (en inglés, Michigan State University o MSU) está situada en la ciudad de East Lansing, la cual colinda con Lansing, la capital del estado de Michigan. Fundada en 1855, fue la primera institución «land-grant» del país, siendo éste un modelo educativo surgido tras la revolución industrial que se centra en la enseñanza de agricultura, ciencia e ingeniería y sus aplicaciones para promover el avance social. MSU es, hoy en día, una de las mejores universidades de investigación de Estados Unidos, destacando por sus programas en agricultura y educación. Para más información, puede visitarse la página oficial de la universidad (www.msu.edu/).

Su departamento de Microbiología y Genética Molecular es uno de los mayores y más antiguos del país e incluye a más de 50 profesores. Sus laboratorios, clases y oficinas están en su mayoría en el edificio de ciencias biológicas y físicas (foto). El departamento es mundialmente reconocido por su investigación en ecología y evolución microbiana. Para más información sobre el departamento, sus profesores e investigación, puede accederse a su página web (www.mmg.msu.edu/).



OFERTA CURSOS SEM ON-LINE 2013

La SEM tiene entre sus objetivos estatutarios «Contribuir a la educación microbiológica, a nivel formativo, interprofesional y de educación continuada, prestando atención especial a la programación de cursos de especialización para postgraduados».

De los diversos modelos de Formación Continua, la formación a distancia, conocida también como formación *on-line* o *e-learning*, es quizás la que mejor se adapta a las disponibilidades de profesionales que demandan una actualización continua de conocimiento. La enseñanza *on-line* permite que el alumno autogestione su horario de manera compatible con su vida laboral y familiar. Sólo necesita un ordenador y una conexión a Internet. La documentación y demás recursos didácticos se encuentran alojados en un servidor al que se accede mediante contraseña individualizada.

El próximo año 2013 se celebran 4 Cursos de Formación on-line de la SEM:

TÍTULO DEL CURSO	PROFESORADO	FECHA DE CELEBRACIÓN
Biotechnología y Seguridad Microbiológica de los Alimentos	Mercedes Berlanga	Marzo-Mayo 2013
Microbiología y Conservación de Cosméticos	Pilar Orús Sonia Leranz	
Biodeterioro y Biodegradación de Materiales (Patrocinado por THOR Especialidades, S.A.)	Diego A. Moreno Ana M. García	Octubre-Diciembre 2013
Técnicas Independientes de Cultivo en Microbiología de los Alimentos	Baltasar Mayo	

- **El plazo de matriculación ya está abierto.**
- Precio para los socios de la SEM: 150 Euros.
- Se otorga un 10% de becas, consistentes en la devolución íntegra de la matrícula a aquellos alumnos que mejores resultados obtengan al finalizar el curso.
- Al final del curso se otorga un CERTIFICADO DE APTITUD en formato de DIPLOMA de la SEM.
- Como las plazas son limitadas, si estáis interesados debéis realizar la preinscripción cuanto antes. Para ello sólo tenéis que enviar un correo electrónico a uno de los coordinadores: **Ana M. García** (ana.garcia.ruiz@upm.es) o **Diego A. Moreno** (diego.moreno@upm.es)

MÁS INFORMACIÓN en www.semicrobiologia.org/sec/formacion.php.