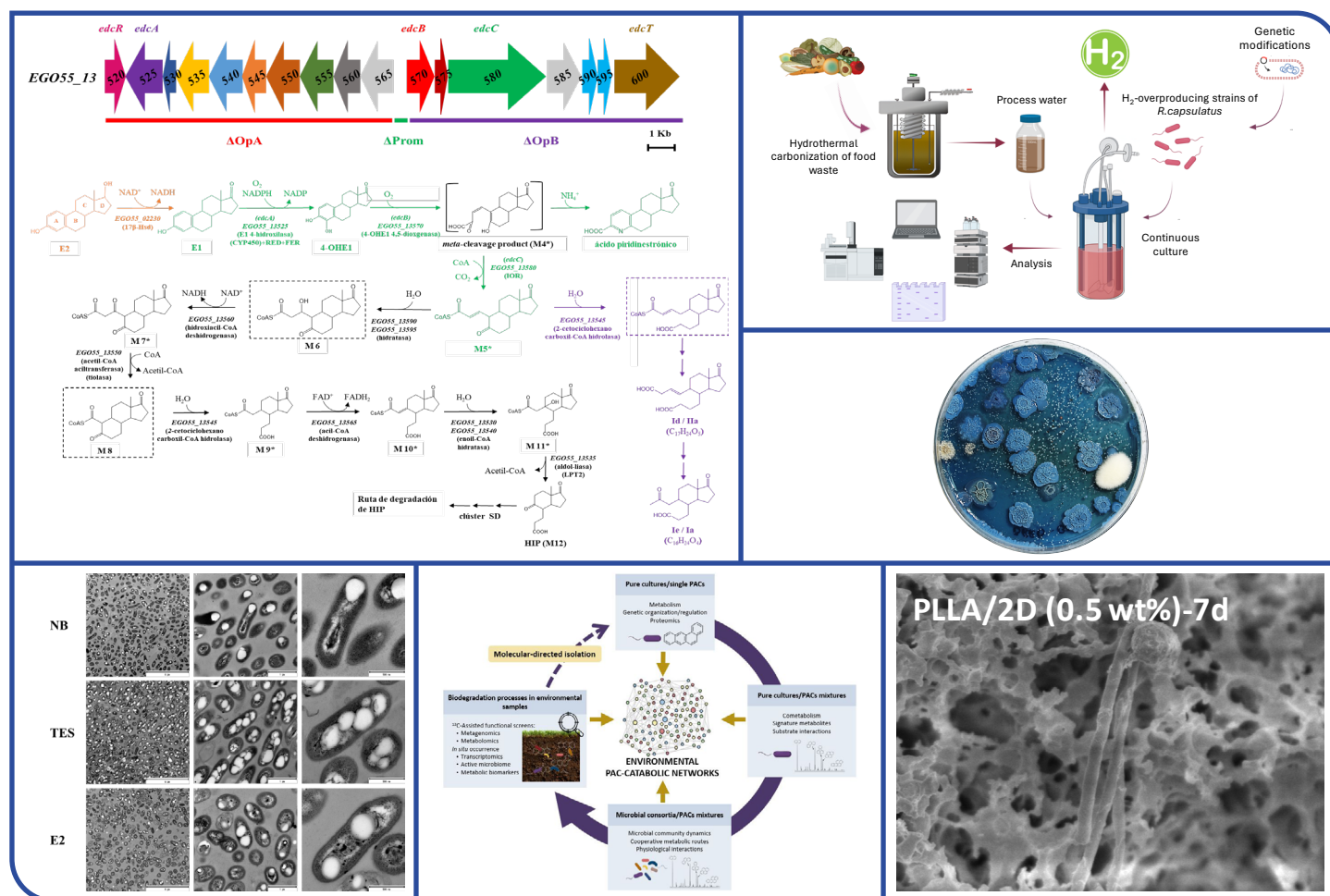


SEM@foro

Revista de la Sociedad Española de Microbiología



ESPECIAL BIODETERIORO, BIODEGRADACIÓN Y BIORREMEDIACIÓN



Iniciativa Internacional para la Alfabetización en Microbiología (IMiLI)

Junta Directiva de la Sociedad Española de Microbiología

Presidente

RAFAEL GIRALDO SUÁREZ
 Centro Nacional de Biotecnología.
 CSIC. C/Darwin, 3. 28049 Madrid.
rgirald@cnb.csic.es

Vicepresidenta

INMACULADA LLAMAS COMPANY
 Departamento de Microbiología.
 Facultad de Farmacia.
 Campus de Cartuja. 18071 Granada.
illamas@ugr.es

Secretaria

ALICIA PRIETO ORZANCO
 Centro de Investigaciones Biológicas.
 CSIC. C/Ramiro de Maeztu, 9.
 28040 Madrid.
aliprieto@cib.csic.es

Tesorero

VÍCTOR JIMÉNEZ CID
 Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia.
 Universidad Complutense de Madrid.
 28040 Madrid.
vicjid@ucm.es

Editores de publicaciones

International Microbiology

JUAN MIGUEL GONZÁLEZ GRAU
 Instituto de Recursos Naturales
 y Agrobiología de Sevilla.
 CSIC. Avda. Reina Mercedes, 10.
 41012 Sevilla.
jmgrau@irnase.csic.es

SEM@foro

MAGDALENA MARTÍNEZ CAÑAMERO
 Departamento de Ciencias de la Salud.
 Facultad de Ciencias Experimentales.
 Paraje de las Lagunillas, s/n.
 Universidad de Jaén. 23071 Jaén.
canamero@ujaen.es

NoticiaSEM

JÉSSICA GIL SERNA
 Departamento de Genética, Fisiología y
 Microbiología.
 Facultad de Ciencias Biológicas.
 Universidad Complutense de Madrid.
 28040 Madrid.
jgilsern@ucm.es

Directora de la Colección Española de Cultivos Tipo

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

Responsable Cursos de Formación Continua online

DIEGO A. MORENO
 Departamento de Ingeniería y Ciencia
 de los Materiales.
 ETS Ingenieros Industriales.
 Universidad Politécnica de Madrid.
 José Gutiérrez Abascal, 2. 28006 Madrid.
diego.moreno@upm.es

Webmaster de la SEM

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

Vocales

SUSANA CAMPOY SÁNCHEZ
 Facultad de Biociencias.
 Dpto. Genética y de Microbiología.
 Torre C3 - 4ª planta.
 Universidad Autónoma de Barcelona.
 08193 Bellaterra - Barcelona.
susana.campoy@uab.cat

MARGARITA GOMILA RIBAS
 Facultad Biología - Área de Microbiología.
 Universidad de las Islas Baleares.
 Ctra. Valldemossa, km. 7,5.
 07122 Palma de Mallorca.
marga.gomila@uib.es

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

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

Presidentes de Grupos

Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación

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

Hongos Filamentosos y Levaduras (Micología)

Mª ÁNGELES DE LA TORRE RUIZ
 Departamento Ciencias Médicas Básicas.
 Facultad de Medicina.
 Institut de Recerca Biomèdica (IRBLLeida).
 Biomedicina 1. Universidad de Lleida.
 Alcalde Rovira Roure nº 80. 25198 Lleida.
mariaangeles.delatorre@udl.cat

Biología de Microorganismos Patógenos

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

Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

ANTONIO GERARDO PISABARRO DE LUCAS
 Universidad Pública de Navarra.
 Campus de Arrosadía - 31006 Pamplona.
gpisabarro@unavarra.es

Microbiología de los Alimentos

PABLO SALVADOR FERNÁNDEZ ESCÁMEZ
 Escuela Técnica Superior de Ingeniería
 Agronómica.
 Paseo Alfonso XIII, 48. 30203. Cartagena.
pablo.fernandez@upct.es

Microbiología Molecular

ALICIA MURO PASTOR
 Instituto Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis
 CSIC-Universidad de Sevilla.
 Avda. Américo Vespucio, 49.
 41092 Sevilla.
alicia@ibvf.csic.es

Microbiología del Medio Acuático

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

Microbiología de Plantas

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

Taxonomía, Filogenia y Diversidad

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

Docencia y Difusión de la Microbiología

VÍCTOR JIMÉNEZ CID
 Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia.
 Universidad Complutense de Madrid.
 28040 Madrid.
vicjid@ucm.es

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

Directora: Magdalena Martínez Cañamero
 E-mail: canamero@ujaen.es

Co-editora de la sección Biodeterioro,
 Biodegradación y Biorremediación:
 Ana M.ª García Ruiz

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

ISSN: 2254-4399
 Depósito Legal: M-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

<https://www.semicrobiologia.org/revista-semaforo>

Sumario



"Collage realizado a partir de las figuras proporcionadas por los miembros del Grupo de Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación para el especial de este número."

Visite la página web de la Sociedad Española de Microbiología:

www.semicrobiologia.org

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

Socios protectores de la SEM:

Fundación Medina



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

📍 CIB-CSIC. C/Ramiro de Maetzu, 9.
28040-Madrid

☎ Tel.: 683 71 65 08

✉ secretaria.sem@semicrobiologia.org

NOTA DEL PRESIDENTE

Rafael Giraldo 2

NUESTROS GRUPOS

Informe de los grupos especializados 4

ARTÍCULOS

Innovación educativa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias: FAGO@VAL 7

Bacteriófagos, Objetivos de Desarrollo Sostenible y Salud Global 9

Variabilidad microbiana y vida útil de los alimentos II. Cálculo de la fase de latencia de microorganismos individualizados 13

Introducción a la Iniciativa Internacional para la Alfabetización en Microbiología (IMiLI) 18

¿Cuál es el enfoque One-Health para afrontar la resistencia antifúngica de hongos termotolerantes en medio del cambio climático? 21

CONGRESOS Y REUNIONES

VI Reunión Grupo de Docencia y Difusión. Sociedad Española de Microbiología 27

12th European Workshop on the Biology of Cyanobacteria-EWBC 2024 30

Éxito del Congreso Internacional "XX TAXON: XX Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad" en Salamanca 32

XIV Reunión del Grupo Especializado de Microbiología Molecular 35

SEM@foro: IX Congreso Nacional de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'24) 37

XXIII Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos 40

ESPECIAL BIODETERIORO, BIODEGRADACIÓN Y BIORREMEDIACIÓN

Grupo Especializado de Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación 43

Grupo de Investigación en Bioingeniería y Materiales (BIO-MAT) 45

Microbiología y Tecnología Ambiental 48

Grupo de Ecología Microbiana de la Universidad Autónoma de Barcelona 51

Grupo BIO175: La Vida Secreta de los Residuos como Herramienta de Biorremediación 54

Descifrando las redes metabólicas microbianas implicadas en la restauración funcional de suelos y aguas contaminados 56

Biorremediación y procesos de economía circular empleando haloarqueas 59

Degradación de disruptores endocrinos 62

Grupo de Microbiología Ambiental y Sostenibilidad del IRTA 66

Estudio de la diversidad y función de comunidades microbianas marinas 69

Microbiología y cambio global 71

MICROBIAM: Desde la biodegradación de hidrocarburos hasta el futuro de los plásticos sostenibles 74

NUESTRA CIENCIA

Estudio de los mecanismos de coagregación bacteriana en biopelículas de conducciones de agua potable mediante un enfoque proteómico 77

Auxin-mediated regulation of susceptibility to toxic metabolites, c-di-GMP levels, and phage infection in the rhizobacterium *Serratia plymuthica* 79

Las purinas como señales que regulan diversos procesos bacterianos 81

Regulación cruzada de los promotores *aps* de *Lactiseibacillus paracasei* por el regulador de respuesta PsdR en respuesta a lantibióticos 83

Los microbios patógenos van al cine 85

TESIS

Resúmenes de tesis doctorales 86



Nota del Presidente

RAFAEL GIRALDO

Presidente de la Sociedad Española de Microbiología

Querido/a socio/a de la SEM:

El último SEM@foro de este año 2024 nos llega, de la mano de su directora **Magdalena Martínez Cañamero**, cargado de contenido. Arranca con los informes de los presidentes de tres Grupos Especializados de entre los diez que constituyen la columna vertebral de la SEM: Hongos Filamentosos y Levaduras, Docencia y Difusión de la Microbiología y Microbiología del Medio Acuático. En dichos informes se da cuenta del resultado de los procesos electorales de los dos primeros Grupos mencionados, además de las reuniones y otras actividades realizadas. Continúa nuestra revista desgranando cinco artículos contribuidos por nuestros socios en los que se repasa la actualidad de la búsqueda, en el marco de la docencia y la ciencia colaborativas, de bacteriófagos en entornos naturales y su empleo en aplicaciones en el marco de “Una Sola Salud”, en consonancia con los Objetivos de Desarrollo Sostenible. Por otra parte, recibimos la segunda entrega (ver SEM@foro nº 77) de las diversas aproximaciones para el estudio de la variabilidad microbiana y su impacto sobre la vida útil de los alimentos, que se centra en esta ocasión sobre la caracterización matemática de la fase de latencia de los microorganismos en estudio. Se exponen por último las líneas generales de la Iniciativa Internacional para la Alfabetización en Microbiología (IMiLI), a la que contribuyen significativamente investigadores de la SEM siguiendo el impulso fundacional de **Kenneth Timmis**, buen conocedor de nuestra Microbiología y maestro de muchos microbiólogos españoles. IMiLI es uno de los campos destacados de actuación de los miembros de nuestro Grupo Especializado de Docencia y Difusión de la Microbiología.

Ese último Grupo, junto con los de Taxonomía, Filogenia y Diversidad, el de Microbiología Molecular, el de Microbiología Industrial y el de Microbiología de los Alimentos, nos dan noticia de sus Reuniones de Grupo (incluyendo el carácter de Congreso Internacional, en el caso de Taxonomía), celebradas respectivamente en Valencia, Salamanca, Santander, Madrid y Cartagena. En el ámbito internacional, se repasa la 12ª Reunión Europea sobre Biología de las Cianobacterias, celebrada en Sevilla. La lectura de las memorias de esas reuniones nos habla de la extraordinaria diversidad del mundo microbiano, de su presencia en todos los entornos naturales y facetas de la actividad humana, de la fuerza y calidad de nuestros investigadores, los más jóvenes en especial, y de la presencia de la SEM en toda nuestra geografía nacional. *Microbiology rules!*

El eje central de este número del SEM@foro lo constituye la presentación de la Ciencia de once grupos de investigación pertenecientes al Grupo Especializado de Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación (nuestras “tres Bs”). En el prólogo de este bloque temático, la presidenta de BBB, **Ana María García**, hace un repaso de la historia y trayectoria del Grupo, así como una presentación clara y concisa de los contenidos de esta muy interesante sección. La acción de los microorganismos en el biodeterioro, la biodegradación y la biorremediación, además de ser determinante en la conservación del patrimonio e infraestructuras, constituye una contribución relevante a la solución de los retos del Cambio Global desde una perspectiva de desarrollo sostenible. Enhorabuena a nuestros compañeros y todo el apoyo de la SEM al espléndido trabajo que realizan.

En la sección “Nuestra Ciencia” podemos degustar los breves resúmenes de cinco trabajos publicados por los socios de la SEM, desde extraordinarias contribuciones a la comprensión a nivel molecular de la detección, señalización y respuesta de las bacterias a diversos ligandos, antibióticos incluidos, pasando por la aplicación de tecnologías proteómicas al estudio de las biopelículas formadas en conducciones de agua, hasta un artículo sobre cómo se contemplan en el cine los microorganismos patógenos. En el bloque final del presente número, tres de nuestros socios presentan las fichas que resumen sus respectivos trabajos de Tesis Doctoral. Desde la SEM les damos nuestra enhorabuena a estos jóvenes colegas que inician ahora una nueva etapa de su carrera científica, en la que les deseamos suerte y una larga y fecunda relación con los microorganismos. Es un placer el comprobar cómo se revitalizan estas dos secciones del SEM@foro. ¡Animaos a contribuir a ellas!

No podemos terminar este comentario sobre los contenidos del SEM@foro sin dar la bienvenida a nuestros nuevos 49 socios, cuyos nombres se incluyen en este número, y sin enfocar nuestros microscopios en los simpáticos protagonistas de “el noveno arte”, habitantes de los nichos del Coliloto y del Comic Bacterias, que pueblan, número a número, la diversa y divertida microbiota de esta revista.

Cuando este número del SEM@foro llegue hasta ti estaremos en pleno proceso electoral, según estipulan nuestros Estatutos, para la renovación de cargos en la Junta Directiva de la SEM. En concreto, los de presidente (electo, que comenzará su mandato en enero de 2027), tesorero y dos vocales. Es una oportunidad de expresar vuestras

preferencias como socios y de contribuir así a proyectar el futuro de la SEM durante los próximos años. Estoy seguro de que los candidatos que se presentan están dispuestos a dar lo mejor de sí mismos en esta apasionante empresa colectiva que es la SEM. Os animo pues a participar en las votaciones *on line* siguiendo el procedimiento que pronto os harán llegar nuestra secretaria científica, **Alicia Prieto**, y nuestro *webmaster*, **Manuel Sánchez**.

El acontecimiento estelar para la SEM en 2025 será indudablemente nuestro **XXX Congreso**, que se celebrará entre los días **16 y 19 de junio** en la ciudad de **Jaén** (ver contraportada), embarcada entonces en celebrar los 1200 años de su capitalidad. La SEM manifiesta su satisfacción por poder contribuir a esa efeméride con un evento científico de la magnitud de nuestro Congreso. **Magdalena Martínez Cañamero**, directora de esta revista e investigadora del Departamento de Ciencias de la Salud de la Universidad de Jaén, es la presidenta del Comité Organizador. El programa, que en el momento en que escribo estas líneas está ya muy perfilado, gira en torno al lema “Crisol de Culturas, Crisol de Cultivos”, aunando así la historia de una ciudad en la encrucijada y el papel central que los consorcios microbianos ocupan en la Microbiología actual. El XXX Congreso de la SEM prestará atención preferente a la participación de nuestros investigadores más jóvenes e invitará a los jienenses a conocer más sobre la Microbiología participando en actividades de Ciencia Ciudadana. ¡Os esperamos a todos! Pero hay más: destinada a acoger a veinte jóvenes pre y posgraduados, la **XXVIII Edición del Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología (CINIM) “Profesor J.R. Villanueva”** se celebrará a caballo entre la vecina ciudad de Baeza, Patrimonio de la

Humanidad, y el Parque Nacional de Cazorla, Patrimonio de la Biosfera, en la semana inmediatamente anterior al Congreso. A todos los que sois docentes universitarios os pedimos desde la Junta Directiva de la SEM que deis a conocer el CINIM entre vuestros alumnos y que éstos se animen a enviar su solicitud de admisión. Estamos seguros de que para los seleccionados será una experiencia fundante en sus futuras carreras científicas como microbiólogos. Como no hay dos sin tres, también aprovecho esta ocasión para pedir que marquéis en vuestras agendas la celebración del congreso de la Federación Europea de Sociedades de Microbiología, **FEMS-2025**, en la ciudad italiana de **Milán (14-17 de julio)**. Será una oportunidad excelente para dar a conocer internacionalmente la Ciencia que los socios de la SEM habremos debatido en Jaén. El ecuador del año estará pues bien servido de eventos de nuestro máximo interés.

Concluyo estas líneas con dos notas sombrías. El día 21 de octubre falleció **Manuel Espinosa Padrón**, Profesor de Investigación del CSIC que, junto con **Ramón Díaz Orejas** (felizmente entre nosotros), es uno de los padres fundadores de la Biología Molecular de plásmidos en nuestro país, subrayando las contribuciones del CIB-CSIC al desarrollo de la Microbiología en la España de la segunda mitad del s. XX. Dichas contribuciones quizás habrían de figurar en un futuro volumen a añadir a los tres editados hasta ahora sobre el tema por **Alfonso V. Carrascosa** bajo los auspicios de la SEM y de la Fundación Ramón Areces (ver NoticiaSEM, nº 189). Manolo, como le llamábamos cuantos le conocíamos y queríamos, era un investigador extraordinario, padre, pareja y maestro de microbiólogos, y con un don de gentes poco habitual, enraizado sin duda en su

tierra canaria de origen. Tales cualidades le granjearon el aprecio y el afecto de colegas dentro y fuera de nuestras fronteras, quienes nos han hecho llegar su más hondo pesar. Descansa en Paz, Manolo. Apenas una semana después, el cielo se desplomó en forma de **DANA** sobre nuestros hermanos albaceteños y valencianos provocando **el mayor desastre natural de la España reciente**. En medio del dolor por las muchas vidas perdidas, por las viviendas, enseres y medios de subsistencia destruidos, la respuesta solidaria ciudadana ha sido masiva y conmovedora. La SEM, de manera modesta (NoticiaSEM, nº 190), se ha unido a ella económicamente y, sobre el terreno, algunos de nuestros socios han aportado sus capacidades para dar a conocer medidas para la prevención de posibles brotes epidémicos, tanto entre los afectados como entre los miles de voluntarios que han acudido durante estas semanas para participar en labores de limpieza y reconstrucción. Descansen también en Paz los fallecidos y que los que permanecen reciban la ayuda de todos, sin restricciones y de manera urgente.

Sin otro particular, os deseo salud y buenos experimentos durante el Año Nuevo 2025. Recibid un afectuoso saludo,

Rafael Giraldo

*Departamento de Biotecnología Microbiana
Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC)
Campus de Cantoblanco, Madrid
rgiraldo@cnb.csic.es*

.....

Nuestros Grupos

N.º 78 DICIEMBRE 2024

Hongos Filamentosos y Levaduras



MARÍA ÁNGELES DE LA TORRE

Presidenta del Grupo

De acuerdo a los Estatutos de la SEM, este año 2024 correspondía la renovación de la Junta Directiva del Grupo Especializado de Hongos Filamentosos y Levaduras de la SEM.

En su última reunión, celebrada el **11 de Marzo** de 2024 la actual JD del Grupo acordó poner en marcha el proceso electoral para su renovación según el proceso y calendario que indica nuestra sociedad.

El calendario electoral fue el siguiente:

- Presentación de candidaturas: Del 1 al 15 de Junio
- Comunicación de las candidaturas a los socios: Del 20 al 25 de Junio
- Votaciones: Del 1 al 15 de Julio
- Comunicación de los resultados: Del 20 al 24 de Julio
- Constitución de la nueva Junta Directiva: Entre el 1 y el 20 de Septiembre

Cargos elegidos tras votación online fueron:

- Presidenta: Maria Angeles de la Torre (F. de Medicina, U. de Lleida)
- Vicepresidente/secretario: Javier Jiménez (U. Internacional de Cataluña)
- Tesorero: Humberto Martin (F. de Farmacia, U. Complutense de Madrid)
- Vocal 1: Eduardo Espeso (CIB, Margarita Salas, C.S.I.C. Madrid)
- Vocal 2: Maria Isabel Madrid (F. de Biología, U. de Murcia)

El grupo especializado HFL está participando activamente en la puesta en marcha y organización científica del XVI Congreso Nacional de Micología cuya organización en esta edición corre a cargo de la AEM (Asociación Española de Micología). La SEM y AEM coorganizan los congresos bianuales de Micología de manera alterna. Esta última edición se desarrollará en Zaragoza, el presidente del comité organizador es el Dr Antonio Rezusta López, jefe del servi-

cio de Microbiología del hospital Miguel Servet de Zaragoza. Este congreso estaba inicialmente programado para el mes de septiembre de 2024 pero tuvo que posponerse al 20-22 de marzo de 2025 por problemas de la organización.

BUENAS NOTICIAS:

¡YA ESTÁ ABIERTO EL PLAZO PARA REALIZAR LA INSCRIPCIÓN Y ENVÍO DE RESUMENES! SE CERRARÁ EL 31 DE DICIEMBRE DE ESTE AÑO

<https://neo.emma.events/aem2025/bienvenida>

La página web se está completando, tratamos de dar cabida a la participación de investigadores jóvenes mediante charlas cortas que serán incluidas en las sesiones organizadas por la SEM (que veréis en el programa que próximamente se va a mostrar en la página web).

Docencia y Difusión de la Microbiología



VÍCTOR JIMÉNEZ CID

Presidente del Grupo

Nuestro grupo ha celebrado elecciones este año, renovando cuatro puestos en su Junta Directiva. Los miembros salientes son Ignacio López Goñi (Presidente), Dolors Vidal Roig (Secretaria), Santiago Vega y Guillermo Quindós (vocales). ¡Gracias por vuestra dedicación! En su lugar, entramos con mucha ilusión Víctor Jiménez Cid (Presidente), Cristina Sánchez-Porro (Secretaria), Ainhoa Lucía y Susana Campoy (vocales). Tras una etapa tan productiva bajo la presidencia de Nacho, la nueva Junta puede aspirar a poco más que mantener la vertiginosa inercia de trabajo bien hecho que lleva desarrollando el Grupo en los últimos años.

Nuestra Reunión bienal y Asamblea se celebraron en Valencia, organizadas por Sergi Maicas, Belén Fouz y su equipo, con enorme éxito. Como testimonio, la asistencia de 175 personas y los 60 pósteres que se presentaron. Podéis consultar una reseña en el NoticiaSEM del pasado mes de julio. En paralelo, del 8 al 11 de julio se celebró el Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología Julio Rodrí-

guez Villanueva, en el que 20 estudiantes seleccionados de 106 candidaturas disfrutaron de conferencias y actividades de la mano de nuestros mejores investigadores. Gracias, Sergi *et al.*, por vuestro buen hacer en la organización de ambos eventos y vuestra hospitalidad. Y gracias a JISEM, con Ignacio Belda y Samuel García Huete a la cabeza, por gestionar la convocatoria del CIIM-JRV con tanta eficacia.

Nuestra JISEM también gestionó las ayudas de movilidad César Nombela: de las 28 solicitudes se concedieron 14 ayudas de distintas cuantías en función de la duración de la estancia, lo que supone un incremento considerable respecto al año anterior gracias al aumento de la inversión de la SEM en este capítulo.

En esta nueva etapa esperamos dinamizar algunos de nuestros proyectos y colaborar con la Junta Directiva SEM en la captación de "socios adheridos", una nueva figura de socio no numerario ni estudiante, dirigida a personas cuya profesión no se basa directamente en la investiga-

ción en microbiología, pero que sí desean colaborar con la SEM para divulgar nuestra ciencia. Es un perfil diseñado para profesionales de la enseñanza o la comunicación (profesores de instituto, periodistas...) que deseen colaborar con los investigadores en hacer más visible y rigurosa nuestra ciencia en la sociedad.

Gracias a Jessica Gil Serna y Malema Martínez Cañamero por ser nuestra voz en las revistas de la SEM, y a nuestro incansable webmáster y crítico cinematográfico Manuel Sánchez Angulo por su excelente trabajo.

¿Te gusta divulgar y/o enseñar tu ciencia? ¿Aún no eres socio del Grupo D+D? ¡Inscríbete! Nos vemos en nuestra cita en Jaén el próximo mes de junio.

Microbiología del Medio Acuático



ALICIA ESTÉVEZ TORANZO

Presidenta del Grupo

Durante los días 12 y 13 de septiembre de 2024 se celebró en la Universidad de Alicante la XIV reunión del Grupo de Microbiología del Medio Acuático de la SEM organizado por Miembros del Grupo de Ecología Microbiana molecular de esa Universidad actuando como Presidente del Comité organizador Manuel Martínez García.

El Congreso se estructuró en tres bloques temáticos: “Microbiología de ambientes naturales”, “One Health I: Aguas urbanas, residuales y contaminación del medio acuático” y “One Health II: Patógenos y biotecnología del medio acuático”. A esta reunión asistieron un total de 87 investigadores y se presentaron 62 comunicaciones distribuidas entre charlas largas (15 min) y Flash talks (5 min). En esta edición se contó con el patrocinio de 3 empresas: LABAQUA, Thermofisher y Macrogen.

En esta Reunión se otorgaron 4 becas de asistencias para jóvenes menores de

30 años y durante el Acto de Clausura se han entregado los diferentes premios financiados por el Grupo: Premio a la mejor Tesis Doctoral defendida en el bienio 2022-2023, Premio a la Mejor Publicación realizada por un doctorando en el 2023 y 3 Premios a las mejores comunicaciones presentadas durante la presente Reunión Científica del Grupo. Asimismo, se hizo entrega de un Premio patrocinado por la empresa LABAQUA a la mejor ponencia sobre métodos de detección de microorganismos en aguas.

Durante la Reunión, también hubo tiempo de desconectar y disfrutar de la cena de Gala en el Hotel Melia así como de la visita a algunos de los refugios antiaéreos de la Guerra Civil en Alicante.

Unos días después del congreso (el 23 de septiembre), tuvo lugar a través de TEAMS la Asamblea Anual del grupo, en la cual se acordó lanzar la Primera convocatoria de ayudas para estancias cortas de investi-

gación del Grupo de MMA para estudiantes de doctorado en centros nacionales. Asimismo se abrió un periodo para recibir propuestas para la celebración de la próxima XV reunión del Grupo a celebrar en el 2026.

Después del desastre de la DANA en Valencia, el comité organizador de la reunión del Grupo propuso donar el dinero sobrante a los afectados por la DANA a través de una cuenta habilitada por la Universidad de Alicante.



Innovación educativa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias: FAGO@VAL

ELENA G. BIOSCA, ROSA VÁZQUEZ, SERGI MAICAS, BELÉN FOUZ, HORTENSIA RICO, JESÚS ZUECO, ANA PÉREZ-SOLSONA, FÉLIX MORÁN, ISABEL SALAS, JOSÉ F. CATALÀ-SENENT Y BELÉN ÁLVAREZ

Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia.

✉ elena.biosca@uv.es

El Proyecto FAGO@VAL, del Departamento de Microbiología y Ecología de la Universitat de València, surge como una iniciativa de innovación educativa que busca abordar uno de los desafíos más graves y urgentes para la salud global, la creciente incidencia de las infecciones causadas por bacterias patógenas resistentes a múltiples antibióticos (superbacterias). Estos patógenos son cada vez más frecuentes y, por tanto, los antibióticos menos efectivos, en parte por su uso indiscriminado y excesivo. Este aumento de patógenos resistentes reduce la eficacia de los antibióticos y otros antimicrobianos químicos, haciendo que infecciones que antes eran tratables en humanos, animales y plantas sean cada vez más difíciles y, en algunos casos, imposibles de manejar (García *et al.*, 2023; WHO, 2024). A esto se une la dificultad de encontrar y/o diseñar nuevos antibióticos que puedan ser útiles en estos casos.

Esta crisis global de salud subraya la necesidad urgente de nuevas estrategias para combatir la resistencia antimicrobiana. Frente a esta problemática, el proyecto FAGO@VAL busca combinar la innovación educativa con la divulgación y la investigación en terapias alternativas o complementarias, como la fagoterapia, o el uso de virus bacterianos como agentes terapéuticos.

Los virus de las bacterias, denominados bacteriófagos o fagos, son las entidades biológicas más abundantes del planeta. Son capaces de infectar y destruir selectivamente a su bacteria diana, por lo que pueden ser una alternativa prometedora o complementaria frente a la resistencia bacteriana a los antimicrobianos. A diferencia de los virus que afectan a los seres humanos, los animales o las plantas, los fagos son virus beneficiosos, ya que solo infectan bacterias específicas y son inocuos para otros



Algunos miembros de FAGO@VAL en Expociencia 2024.

seres vivos. Los fagos líticos o virulentos son antimicrobianos naturales con actividad bactericida. Una vez que infectan a su bacteria diana, se replican en su interior y la destruyen. Además, a diferencia de los antibióticos u otros antimicrobianos químicos, que pueden afectar a un amplio rango de microorganismos, los fagos pueden ser muy específicos para su bacteria diana. Esta especificidad los hace idóneos no solo para el tratamiento de infecciones bacterianas en seres humanos, sino también en animales y plantas, por lo que reducen el impacto de los antibióticos y otros antimicrobianos sobre la microbiota beneficiosa, el medio ambiente y la salud global (Álvarez *et al.*, 2019; García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024; Biosca *et al.*, 2024). Por tanto, la fagoterapia puede contribuir a la estrategia europea «Una sola salud» (Comisión Euro-

pea, 2017), que tiene en cuenta la salud humana, animal y medioambiental, y a la consecución de varios de los Objetivos de Desarrollo Sostenible de las Naciones Unidas para combatir la resistencia a los antimicrobianos de forma natural, segura y sostenible (Mohsin y Amin, 2023; Álvarez y Biosca, 2024).

La fagoterapia es un tratamiento biológico desconocido para la mayoría de la sociedad, que considera que los virus son perjudiciales para el ser humano, los animales y las plantas. Por ello, son necesarias tanto acciones divulgativas para concienciar a la sociedad sobre el problema de salud pública que supone la resistencia a los antimicrobianos, como actividades educativas sobre los beneficios de la terapia fágica (McCammon *et al.*, 2023) como alternativa

eficaz o complementaria a los antibióticos y otros antimicrobianos. Asimismo, es importante implicar a la sociedad en la búsqueda colaborativa de nuevos fagos activos frente a las superbacterias a través de proyectos de ciencia ciudadana.

El proyecto FAGO@VAL, basado en una metodología de Aprendizaje-Servicio, surge para contribuir a sensibilizar a la sociedad valenciana sobre la gran amenaza que supone la resistencia a los antibióticos para la salud global, divulgar el uso potencial de los fagos para curar infecciones causadas por bacterias multirresistentes e incentivar al alumnado preuniversitario a cursar carreras de los Grados en Ciencias básicas y de la Salud. Además, proporciona formación científica y herramientas de divulgación al alumnado.

FAGO@VAL se implementó, como proyecto piloto, con profesorado y otros miembros del Departamento de Microbiología y Ecología de la Universitat de València, con experiencia en propuestas educativas de Aprendizaje-Servicio sobre resistencia antimicrobiana (Maicas *et al.*, 2020), alumnado de Grado y Máster de asignaturas del área de Microbiología de esta universidad y estudiantes de bachillerato de un centro de Educación Secundaria Obligatoria (ESO) de Valencia. Además de introducir el problema de la resistencia antimicrobiana y los virus bacteriófagos y su uso en fagoterapia, en el proyecto se enseña al alumnado a aislar fagos de muestras ambientales frente a una bacteria testigo segura, mediante el cultivo de enriquecimiento y posterior siembra de diluciones seriadas, bajo condiciones adecuadas de bioseguridad (Byrd *et al.*, 2019). Además, se utilizan distintas bacterias seguras para demostrar la especificidad de los fagos aislados y facilitar así la comprensión de su potencial aplicación en terapia fágica en seres humanos, animales o plantas. Posteriormente, para atender a diferentes niveles educativos, los contenidos del proyecto se han adaptado al alumnado de 4º curso de ESO. Así, se explica cómo aislar tanto bacterias como fagos de muestras ambientales para demostrar su diversidad en ambientes naturales, al tiempo que se destaca el papel de los fagos en la infección y destrucción de bacterias, incluyendo también ensayos de especificidad de fagos. Además, se anima al alumnado a realizar actividades divulgativas para concienciar a la sociedad no solo sobre la amenaza de la resistencia antimicrobiana, sino también sobre el

uso beneficioso de los fagos como herramientas biológicas médicas, veterinarias o agrícolas para curar infecciones bacterianas de forma natural, segura y sostenible. El grado de aprendizaje y satisfacción del alumnado participante en FAGO@VAL se evalúa mediante pruebas *ad hoc*. Por último, el proyecto se complementa con actividades divulgativas e informativas, así como ensayos sencillos diseñados para el público familiar que acude a Expociencia, jornada científica de puertas abiertas que organiza anualmente el Parque Científico de la Universitat de València.

En resumen, FAGO@VAL ofrece al alumnado universitario y preuniversitario la oportunidad de acercarse a la investigación biomédica, biológica y ambiental, contribuir en la búsqueda activa y cooperativa de posibles soluciones naturales a una amenaza de salud global real y enfrentarse a un reto pedagógico y de divulgación científica sobre resistencia antimicrobiana, fagos y fagoterapia, salud global y sostenibilidad. Además, involucra al alumnado en las diferentes etapas del proceso de investigación, desde la toma de muestras hasta el aislamiento y la caracterización inicial de los fagos, enseñando y motivando. Este proyecto no solo promueve la educación y el interés por la ciencia del alumnado participante, sino que también amplía el alcance de la investigación al realizar una búsqueda colaborativa de fagos. Además, persigue fomentar la aceptación de los fagos como una herramienta viable para el manejo de infecciones bacterianas resistentes a los antimicrobianos químicos.

Financiación y agradecimientos

Proyectos de Innovación Docente UV-SFPIE_PID-2079790 y UV-SFPIE_PIEE-2736253 de la Universitat de València, proyecto AICO/2021/261 de la Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital de la Generalitat Valenciana y proyecto I+D+i PID2021-123600OR-C44, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa, FEDER/UE. Los autores agradecen a la profesora Margarita Ortigosa del IES Vicent Andrés Estellés (Burjassot, Valencia) y los profesores José Torres y Manuel Cardeñoso del IES L'Elia (Valencia), y sus estudiantes, por su participación. Y también a Thais Castellón, Lidia Jorcano y María Miralles por su ayuda.

Bibliografía

- **Álvarez B, Biosca EG** (2024). Potential of the bacteriophage-based therapy for a more eco-sustainable agriculture. *J Biol Nat Sci* (ISSN 2764-1813) 4(6):1-9.
- **Álvarez B, López MM, Biosca EG** (2019). Biocontrol of the major plant pathogen *Ralstonia solanacearum* in irrigation water and host plants by novel waterborne lytic bacteriophages. *Front Microbiol* 10:2813.
- **Biosca EG, Delgado-Santander R, Morán F, Figàs-Segura À, Vázquez R, Català-Senent JF, Álvarez B** (2024). First European *Erwinia amylovora* lytic bacteriophage cocktails effective in the host: characterization and prospects for fire blight biocontrol. *Biology* 13:176.
- **Byrd JJ, Emmert E, Maxwell R, Townsend H** (2019). ASM Task Committee on the Revision of the 2012 Laboratory Biosafety Guidelines. Guidelines for Biosafety in Teaching Laboratories Version 2.0: A Revised and Updated Manual for 2019. *J Microbiol Biol Educ* 20(3):20.3.57.
- **Comisión Europea** (2017). Plan de Acción europeo «Una sola salud» para luchar contra la resistencia a los antimicrobianos. (<https://eur-lex.europa.eu/ES/legal-content/summary/a-european-one-health-action-plan-against-antimicrobial-resistance.html>).
- **García P, Tabla R, Anany H, Bastias R, Brøndsted L, Casado S, Cifuentes P, Deaton J, Denes TG, Islam MA, Lavigne R, Moreno-Switt AI, Nakayama N, Muñoz Madero C, Sulakvelidze A, Svircev AM, Wagemans J, Biosca EG, Rivera D** (2023). ECOPHAGE: Combating antimicrobial resistance using bacteriophages for eco-sustainable agriculture and Food Systems. *Viruses* 15:222.
- **Maicas S, Fouz B, Figàs-Segura À, Zueco J, Rico H, Navarro A, Carbó E, Segura-García J, Biosca EG** (2020). Implementation of antibiotic discovery by student crowdsourcing in the Valencian Community through a Service Learning strategy. *Front Microbiol* 11:564030.
- **McCammon S, Makarovs K, Banducci S, Gold V** (2023). Phage therapy and the public: Increasing awareness essential to widespread use. *PLoS ONE* 18:e0285824.
- **Mohsin S, Amin MN** (2023). Superbugs: a constraint to achieving the sustainable development goals. *Bull Natl Res Cent* 47:63.
- **WHO** (2024). Building evidence for the use of bacteriophages against antimicrobial resistance. <https://www.who.int/europe/news/item/25-06-2024-building-evidence-for-the-use-of-bacteriophages-against-antimicrobial-resistance>.

Bacteriófagos, Objetivos de Desarrollo Sostenible y Salud Global

ELENA G. BIOSCA¹ Y BELÉN ÁLVAREZ^{1,2}

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

² Área de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA), Madrid.

✉ elena.biosca@uv.es

El camino hacia un futuro más sostenible requiere aprovechar de la mejor manera todos los recursos naturales posibles, incluidos aquellos que proporcionan los microorganismos presentes en los ecosistemas, entre los que se encuentran los virus bacteriófagos (fagos), que son extraordinariamente abundantes y disponen de una actividad biológica muy valiosa en muchos aspectos. Los fagos son los virus que infectan y se replican solo en las bacterias, sin dañar al resto de los seres vivos para los que son inoocuos. Se descubrieron en 1915 por Frederick Twort y Félix d'Hérelle, y desde entonces se han estudiado por su potencial en el tratamiento de infecciones bacterianas, así como por sus otras muchas aplicaciones biotecnológicas. Se consideran antimicrobianos naturales eficaces, lo que los hace idóneos para tratar infecciones bacterianas en seres humanos, animales y plantas de forma sostenible y segura. De hecho, se consideran una alternativa o complemento al uso de antibióticos y otros antimicrobianos químicos (García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024), lo cual está en consonancia tanto con los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) establecidos por las Naciones Unidas como parte de la Agenda 2030 de Desarrollo Sostenible, que representan un esfuerzo global para abordar desafíos sociales, económicos y ambientales, como con el plan de acción europeo «Una sola salud» para combatir la resistencia a los antimicrobianos en los seres humanos y animales (2017/2254/INI) y, más recientemente, también en plantas de interés agronómico.

En general, los bacteriófagos se pueden clasificar en función de su ciclo de vida en líticos o lisogénicos. Los líticos son antimicrobianos naturales con efecto bacteri-



Los bacteriófagos (fagos), virus que infectan y destruyen bacterias, son bactericidas naturales que pueden contribuir de forma directa a la consecución de los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) de las Naciones Unidas, en materia de salud y bienestar, producción de alimentos y seguridad alimentaria, así como en la protección del medio ambiente y mitigación del cambio climático, contribuyendo de esta manera al éxito de la estrategia europea "Una sola salud" para combatir la resistencia a los antimicrobianos en los seres humanos, animales y plantas.

da ya que, tras infectar su bacteria diana, dirigen su maquinaria metabólica para replicarse y destruirla por lisis cuando se liberan los nuevos viriones. Por el contrario, los lisogénicos, tras introducir su geno-

ma en el de la bacteria diana, se replican con él, pero sin lisar la célula bacteriana. Por lo tanto, los fagos de mayor interés para el control o tratamiento de las bacterias patógenas son los líticos.

Los principales usos de los bacteriófagos, o sus proteínas líticas como las endolisinas, se centran en el tratamiento de infecciones bacterianas resistentes a múltiples fármacos, pero también existen algunas aplicaciones de interés en la desintegración de biopelículas, que son estructuras que dificultan la erradicación de las infecciones bacterianas con antibióticos, incluso cuando dichas bacterias son sensibles a esos antimicrobianos. Los bacteriófagos también pueden aplicarse en la biodetección de patógenos basada en la detección de sus fagos, y otros usos están relacionados con la síntesis de sus proteínas líticas (Ranveer *et al.*, 2024). La biodetección basada en fagos se considera una aplicación muy útil para realizar el seguimiento y garantizar la seguridad de múltiples productos, incluidos alimentos y medicamentos, así como la presencia de patógenos en muestras ambientales.

De manera global, una de las ventajas de los bacteriófagos es que muchos de ellos son altamente específicos y generalmente infectan solo una única especie bacteriana patógena, sin afectar al microbioma natural beneficioso del huésped o la microbiota ambiental circundante, lo que los hace respetuosos con el medio ambiente. Se replican únicamente en la bacteria diana, no pueden infectar células animales ni de plantas, lo que los hace seguros. Otras ventajas consisten en que generalmente se requieren en dosis de baja concentración, debido a su replicación y posterior multiplicación en la zona de infección, lo que incrementa la probabilidad de contacto con la bacteria diana, y por ello se necesitan muy pocas dosis después de la administración inicial; también son ventajas la posibilidad de realizar combinaciones con otras estrategias de prevención y/o control tanto sostenibles como químicas; los costes de producción, que suelen ser relativamente bajos, y la posibilidad de utilizar diferentes vías de administración en función del modo de entrada de la bacteria patógena en su huésped, ya sea por vía oral, intravenosa, subcutánea o transcutánea u otras en pacientes humanos y animales, o por riego o pulverización en las plantas (Durbas y Machnik, 2022). No afectan a las características organolépticas de los alimentos y no suelen verse afectados por sus métodos de conservación.

Las limitaciones en el uso de bacteriófagos pueden ser debidas a su estrecho rango de huéspedes, lo que puede solventarse mediante el uso de cócteles de fagos,

que pueden emplearse tanto para combatir infecciones bacterianas mixtas como para superar la aparición de resistencias bacterianas (Durbas y Machnik, 2022; Ranveer *et al.*, 2024). En general, en base a estudios clínicos, los bacteriófagos se consideran seguros para el ser humano, minimizándose con ellos el riesgo de efectos secundarios adversos como los asociados a ciertos antibióticos ya que, aunque existe alguna referencia a posibles respuestas inmunitarias a los fagos, estas suelen ser leves y controlables.

Debido a la creciente presión regulatoria para que los gobiernos y las organizaciones alcancen los objetivos de sostenibilidad de la Agenda 2030, identificar marcos comunes para abordarlos es una prioridad urgente (Crowther *et al.*, 2024). Muchos países han adoptado la estrategia “Una sola salud” y los ODS como parte de sus políticas nacionales y, entre ellos, los países de la Unión Europea del Pacto Verde. El objetivo global es realizar una transición hacia una economía verde más ecológica, saludable y sostenible. No obstante, la resistencia antimicrobiana entre los patógenos bacterianos no deja de aumentar y los nuevos antibióticos para combatir estas bacterias resistentes no son suficientes (Mohsin y Amin, 2023). Esto supone una grave amenaza para la salud mundial y un obstáculo para la consecución de los ODS. De hecho, la resistencia antimicrobiana es una de las principales amenazas mundiales para la salud global, así como una preocupación para la economía mundial (Durbas y Machnik, 2022; Mohsin y Amin, 2023). En respuesta a esta creciente resistencia antimicrobiana, hay una mayor demanda de antimicrobianos novedosos e innovadores. Por ello, en años recientes se ha producido un aumento significativo de la investigación sobre los bacteriófagos, siendo uno de los principales objetivos explorar estrategias óptimas de diseño de cócteles de fagos para combatir eficazmente las infecciones bacterianas y desarrollar nuevas terapias basadas en su actividad que sean más sostenibles y respetuosas con el medio ambiente para el control de infecciones bacterianas en el ser humano, animales y plantas de interés agrícola, así como el control de patógenos en alimentos (García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024). La comercialización de bioproductos basados en fagos está avanzando en los campos de la microbiología y la biotecnología.

Con respecto a la consecución de los 17 ODS establecidos internacionalmente,

los bacteriófagos pueden contribuir, al menos, en los siguientes:

En relación con el **ODS 3 sobre “Salud y Bienestar”**, el uso de fagos para tratar infecciones bacterianas, denominado terapia fágica o fagoterapia, se considera una alternativa prometedora o complemento al tratamiento con antibióticos u otros antimicrobianos químicos, particularmente en el contexto actual de creciente aumento de las resistencias antimicrobianas entre importantes bacterias patógenas del ser humano, animales y plantas (García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024). Los fagos, al ser específicos frente a sus bacterias hospedadoras, pueden utilizarse para eliminar las bacterias patógenas sin afectar a la microbiota propia beneficiosa. Existen varios ejemplos en la literatura reciente de la aplicación con éxito de fagoterapia para el control de infecciones crónicas y difíciles de tratar en el ser humano, animales o plantas (García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024; Pirnay *et al.*, 2024). Además, la terapia fágica tiene ventajas adicionales, como contribuir a disminuir tanto el uso de antibióticos y productos químicos en medicina, veterinaria y agricultura, como la diseminación de bacterias multirresistentes, lo que es crucial para la salud global (Mohsin y Amin, 2023).

El ODS 3 está directamente relacionado con el **ODS 6 “Agua Limpia y Saneamiento”** y con los fagos, ya que estos pueden utilizarse para aumentar la disponibilidad de agua limpia al contribuir al saneamiento de aguas contaminadas con bacterias patógenas. Los fagos se pueden usar para tratar aguas residuales y así reducir o eliminar patógenos bacterianos presentes en el agua, pero también para el tratamiento de agua de riego contaminada con bacterias patógenas de plantas (Álvarez y Biosca, 2024). Esta aplicación mejora la calidad del agua y reduce el riesgo de transmisión de patógenos tanto del ser humano, como animales y plantas a través del agua, así como el riesgo de diseminación de resistencias bacterianas.

Los ODS 3 y 6, a su vez están muy relacionados con el **ODS 2 “Hambre Cero y Seguridad Alimentaria”**. Ello se debe a que los fagos también se pueden usar para el control biológico de patógenos en alimentos, contribuyendo a reducir tanto la contaminación de alimentos, como la incidencia de los patógenos bacterianos transmitidos por estos, mejorando así la seguridad alimentaria (Garvey, 2022;

García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024; Ranveer *et al.*, 2024). La aplicación de fagos como agentes de control bacteriano en las actividades de pre cosecha, cosecha y poscosecha ofrece muchas ventajas para mejorar la seguridad alimentaria y la sostenibilidad en línea con estos ODS. Los fagos son predadores naturales potentes y específicos de especies bacterianas, y pueden aplicarse como agentes terapéuticos para mitigar enfermedades, como agentes desinfectantes en hospitales, industria, ganadería y agricultura o como bioconservantes en la producción de alimentos (Garvey, 2022). Además, la reducción del uso de antibióticos en la producción animal y en agricultura, facilitada por la terapia fágica, contribuye a una producción de alimentos más sostenible y segura.

Los ODS 2, 3 y 6, también se relacionan con el **ODS 12 “Producción y Consumo Responsables”** que pretende promover un consumo y una producción más responsable y sostenible. A ello de nuevo pueden ayudar los fagos como alternativa al uso de antibióticos en acuicultura, agricultura y ganadería, contribuyendo a la reducción de la multiresistencia bacteriana y del impacto ambiental asociado al uso de antibióticos y otros antimicrobianos químicos (García *et al.*, 2023; Álvarez y Biosca, 2024).

Todos los anteriores ODS están relacionados con el **ODS 13 “Acción por el Clima”** y, por tanto, con la protección del medio ambiente y la salud global ya que los fagos se pueden aplicar en biorremediación para reducir de forma más sostenible la contaminación bacteriana presente en distintos entornos naturales

como aguas y suelos, procedente de aguas residuales sanitarias y/o agroalimentarias, contribuyendo a limpiar dichos ambientes contaminados, además de reducir la dependencia de agroquímicos y antibióticos (Mohsin y Amin, 2023; Álvarez y Biosca, 2024). Además, aprovechando el potencial de la actividad de los fagos en agricultura se pueden mitigar los efectos adversos del cambio climático, promover la sostenibilidad y garantizar la seguridad alimentaria en un clima cambiante. Sin olvidar los **ODS 14 y 15 “Vida bajo el Agua”** y **“Vida en la Tierra”**, respectivamente, por las múltiples ventajas de la aplicación de los fagos en producción animal y vegetal (Garvey, 2022; Álvarez y Biosca, 2024).

Por lo tanto, en relación a la actividad bactericida de los fagos es posible identificar sinergias que pueden revelar vías para lograr múltiples objetivos de sostenibilidad. Las innovaciones biotecnológicas basadas en bacteriófagos son fundamentales para alcanzar los ODS y tienen el potencial de facilitar una transición rápida hacia una economía sostenible. Pese a ello y a la variedad de repercusiones beneficiosas de los bacteriófagos en relación con los ODS, es sorprendente que tanto la investigación como el desarrollo biotecnológico en torno a ellos estén ausentes de las políticas gubernamentales (Crowther *et al.*, 2024). Todavía existen varios desafíos para poder implementar el uso de fagos en medicina, acuicultura, agricultura, ganadería e incluso en biorremediación, debido en muchos casos a la falta de una regulación precisa para cada uso que garantice su efectividad y seguridad (Hitchcock *et al.*, 2023). La financiación para esta implementación es un obstáculo adi-

cional que limita la adopción generalizada de tecnologías basadas en bacteriófagos. El establecimiento de estas innovaciones requiere con toda probabilidad de políticas financieras y regulatorias que reconozcan su potencial único.

Otro desafío, quizás incluso más importante, consiste en sensibilizar a la opinión pública sobre el papel relevante de los bacteriófagos y la necesidad de cambiar las normas regulatorias para adoptar las soluciones necesarias para abordar el problema de la multiresistencia. Es necesario informar a la sociedad sobre las ventajas y la seguridad de la terapia con fagos y otras aplicaciones biotecnológicas para que puedan comprenderlas y aceptarlas (McCammon *et al.*, 2023; Biosca *et al.*, 2024). Educar a la sociedad sobre los fagos y sus ventajas está relacionado con el **ODS 4, “Educación de Calidad”**, que se centra en la educación inclusiva y equitativa para el desarrollo sostenible. Se necesitan acciones de divulgación y educación para promover la aceptación social y el uso generalizado de los fagos (McCammon *et al.*, 2023; Biosca *et al.*, 2024). Los proyectos de ciencia ciudadana que fomentan la alfabetización científica y el compromiso de la comunidad pueden ayudar a acelerar el desarrollo de nuevas terapias para tratar las infecciones bacterianas resistentes en seres humanos, animales y plantas. Este planteamiento no solo ofrece una solución innovadora, sino que fomenta una mayor implicación de la sociedad con la ciencia, los desafíos de salud global y la sostenibilidad. Un ejemplo de ello es el proyecto de innovación docente y ciencia ciudadana FAGO@VAL (Biosca *et al.*, 2024) que ofrece una propuesta educativa para proporcionar un servicio

De los 17 **ODS** establecidos, los fagos pueden ayudar en la consecución de, al menos: **ODS 2 “Hambre cero”**, porque pueden ayudar a incrementar la productividad de los cultivos reduciendo sus enfermedades bacterianas; **ODS 3 “Salud y Bienestar”**, al proporcionar terapias alternativas frente a infecciones causadas por bacterias multiresistentes; **ODS 4 “Educación de Calidad”**, por dar a conocer a la sociedad sus beneficios para la salud global y la sostenibilidad; **ODS 6 “Agua Limpia y Saneamiento”**, porque pueden reducir poblaciones de bacterias patógenas contaminantes del agua; **ODS 12 “Producción y Consumo Responsables”**, por su relación con una producción de alimentos más saludables y seguros; **ODS 13 “Acción por el Clima”**, porque pueden ayudar a reducir la contaminación ambiental por presencia de agroquímicos y antibióticos; **ODS 14 “Vida Submarina”** y **ODS 15 “Vida de Ecosistemas Terrestres”**, por los beneficios de utilizar fagos en acuicultura, agricultura y ganadería, respectivamente.

a la sociedad valenciana, buscar fagos de forma colaborativa potencialmente eficaces frente a bacterias multirresistentes para lograr una sociedad más sostenible y saludable, además de concienciar sobre la resistencia antimicrobiana y motivar al alumnado preuniversitario a cursar carreras de ciencias.

A través de la investigación, las tecnologías basadas en fagos tienen el potencial de combatir la resistencia antimicrobiana, facilitar una mayor seguridad alimentaria mundial de una manera más ecosostenible y contribuir a alcanzar un buen número de los ODS de la Agenda 2030. No obstante, para la aceptación y el uso generalizado de fagos es esencial dar a conocer a la sociedad los beneficios y la seguridad de los fagos para la salud global y la sostenibilidad. Los fagos representan una solución viable que puede ayudar en una estrategia global de defensa frente a las bacterias multirresistentes, y ahora más que nunca pueden ser útiles para contribuir a construir un futuro más seguro y saludable.

Financiación y agradecimientos

Proyectos AICO/2021/261 de la Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital de la Generalitat Valenciana e I+D+i PID2021-123600OR-C44, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER Una manera de hacer Europa, FEDER/UE. Proyectos de Innovación docente UV-SFPIE_PID-2079790 y UV-SFPIE_PIEE-2736253 de la Universitat de València.

Bibliografía

➤ **Álvarez B, Biosca EG** (2024). Potential of the bacteriophage-based therapy for a more eco-sustainable agriculture. *Int J Biol Nat Sci* (ISSN 2764-1813) 4(6): 1-9. <https://doi.org/10.22533/at.ed.813462414083>

➤ **Biosca EG, Vázquez R, Maicas S, Fouz B, Rico H, Zueco J, Pérez-Solsona A, Morán F, Salas I, Català-Senent JF, Álvarez B** (2024). Innovación educativa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias: FAGO@VAL. *SEM@foro* 78: 7-8.

➤ **Crowther T, Rappuoli R, Corinaldesi C, Danovaro R, Donohue T, Huisman J, Stein L, Timmis J, Timmis K, Anderson M, Bakken L, Baylis M, Behrenfeld M, Boyd P, Brettell I, Cavicchioli R, Delavaux C, Foreman Ch, Jansson J, van Galen L** (2024). Scientists' call to action: Microbes, planetary health, and the Sustainable Development Goals. *Cell* 187: 5195-5216. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.07.051>

➤ **Durbas I, Machnik G** (2022). Phage therapy: an old concept with new perspectives. *J Appl Pharm Sci* 12(05): 27-38. <https://doi.org/10.7324/JAPS.2022.120502>

➤ **García P, Tabla R, Anany H, Bastias R, Brøndsted L, Casado S, Cifuentes P, Deaton J, Denes TG, Islam MA, Lavigne R, Moreno-Switt AI, Nakayama N, Muñoz Madero C, Sulakvelidze A, Svircev AM, Wagemans J, Biosca EG, Rivera D** (2023). ECOPHAGE: Combating antimicrobial resistance using bacteriophages for eco-sustainable agriculture and food systems. *Viruses* 15(11): 2224. doi: <https://doi.org/10.3390/v15112224>

➤ **Garvey M** (2022). Bacteriophages and food production: biocontrol and bio-preservation options for food safety. *Antibiotics* 11(10): 1324. doi: <https://doi.org/10.3390/antibiotics11101324>

➤ **Hitchcock NM, Devequi Gomes Nunes D, Shiach J, Valeria Saraiva Hodel K, Dantas Viana Barbosa J, Alencar Pereira Rodrigues L, Coler BS, Botelho Pereira Soares M, Badaró R** (2023). Current clinical landscape and global potential of bacteriophage therapy. *Viruses* 15(4): 1020. doi: <https://doi.org/10.3390/v15041020>

➤ **McCammon S, Makarovs K, Banducci S, Gold V** (2023). Phage therapy and the public: Increasing awareness essential to widespread use. *PLoS One* 18(5): e0285824. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0285824>

➤ **Mohsin S, Amin MN** (2023). Superbugs: a constraint to achieving the sustainable development goals. *Bull Natl Res Cent* 47: 63. <https://doi.org/10.1186/s42269-023-01036-7>

➤ **Pirnay JP, Djebara S, Steurs G, Griselain J, Cochez C, De Soir S, Glonti T, Spiessens A, Vanden Berghe E, Green S, Wagemans J, Lood C, Schrevels E, Chanishvili N, Kutateladze M, de Jode M, Ceysens PJ, Draye JP, Verbeke G, De Vos D, Rose T, Onsea J, Van Nieuwenhuysse B, Bacteriophage Therapy Providers, Bacteriophage Donors, Soentjens P, Lavigne R, Merabishvili M** (2024). Personalized bacteriophage therapy outcomes for 100 consecutive cases: a multicentre, multinational, retrospective observational study. *Nat Microbiol* 9(6): 1434-1453. doi: <https://doi.org/10.1038/s41564-024-01705-x>

➤ **Ranveer SA, Dasriya V, Ahmad MF, Dhillon HS, Samtiya M, Shama E, Anand T, Dhewa T, Chaudhary V, Chaudhary P, Behare P, Ram C, Puniya DV, Khedkar GD, Raposo A, Han H, Puniya AK** (2024). Positive and negative aspects of bacteriophages and their immense role in the food chain. *NPJ Sci Food* 8(1): 1. doi: <https://doi.org/10.1038/s41538-023-00245-8>

.....

Variabilidad microbiana y vida útil de los alimentos II. Cálculo de la fase de latencia de microorganismos individualizados

GARCÍA DE FERNANDO, GONZALO¹, VELASCO, RAQUEL¹ Y AGUIRRE, JUAN²

¹Tecnología de los Alimentos. Facultad de Veterinaria (UCM).

²Departamento de Agroindustria y Enología. Universidad de Chile, Chile.

✉ mingui@ucm.es

En un artículo precedente (García de Fernando y col., 2024) se analizó cómo afecta la variabilidad de la inactivación microbiana a la vida útil de los alimentos y cómo puede aprovecharse dicha variabilidad para determinar su duración con cierta exactitud, en función del riesgo microbiológico que el fabricante considere oportuno asumir. Pero ya se anunciaba en dicho artículo que esa forma de actuar es imprudente porque considera constante la fase de latencia de los microorganismos. La fase de latencia puede ser crucial en la conservación de un alimento. ¿Por qué la vida útil de un alimento congelado o de uno deshidratado puede ser de muchos meses? Porque la fase de latencia de los microorganismos es casi infinita, ya que las condiciones del medio impiden la multiplicación. No obstante, es obvio que la composición de muchísimos alimentos y las condiciones en que se envasan y almacenan permiten el desarrollo de los microorganismos presentes. Estos microorganismos se caracterizarán por una determinada fase de latencia, considerada como el tiempo necesario para que se recuperen y/o adapten al medio para que se multipliquen por primera vez, y una tasa específica de crecimiento (tiempo necesario para cada duplicación de la población). Ambos factores deben tenerse en cuenta a la hora de establecer la vida útil de un alimento para que su carga microbiana no supere el límite que el fabricante considere o que el alimento aconseje.

Antes de ponernos a calcular la fase de latencia deben entenderse algunas características de este periodo. La fase de latencia viene determinada por un conjunto de factores; entre los más relevantes caben citarse las condiciones ambientales en que se encuentra la población (pH, temperatura, a_w , etc.) y la "historia" de dicha

población, es decir, en qué condiciones ha estado (tratamientos conservantes, pH, temperatura de incubación previa, etc.) (Baranyi, 2002). Otro factor a considerar es el número inicial de microorganismos; está demostrado que inóculos escasos se caracterizan por fases de latencia más prolongadas, mientras que concentraciones iniciales mayores, la acortan (Augustin y col., 2000; Robinson y col., 2001; Pin y Baranyi, 2006). ¿Por qué los inóculos más pequeños se caracterizan por fases de latencia más prolongadas? Sin duda hay un efecto "numérico-genético" basado en la probabilidad de encontrar en la población una o más células, con la disposición genética que permita una duplicación temprana y, claro está, condicionan la fase de latencia de la totalidad de la población, ya que las células "rápidas" empujarán al grupo a aumentar su número. Cuantas más células componen una población, más probable es que exista una célula muy rápida en iniciar el crecimiento y provocar una fase de latencia de la población corta (Pin y Baranyi, 2008). Así, la fase de latencia de poblaciones puede considerarse bastante constante, siempre que las condiciones, tanto las propias de la población (estado fisiológico) como de su entorno (temperatura, pH, medio circundante, etc.) sean las mismas (Augustin y col., 2000). Pero, tratándose de células individualizadas, la constancia es puro azar. Es decir, es muy improbable que la fase de latencia de una bacteria sea la misma que la de otra, aunque sean de la misma cepa y hayan sido tratadas de igual manera. Un microorganismo que ha sobrevivido a un estrés, sea cual sea, puede estar más o menos dañado y precisará de un tiempo variable (fase de latencia) para repararse y poder duplicarse (Mackey y Kerridge, 1988). Es de esperar que, a más daños, más tiempo (más larga la fase de latencia) (Aguirre y col., 2013).

Esto forma parte de lo que se ha dado en llamar "historia del microorganismo", es decir, sus antecedentes (Baranyi, 2002). El conjunto de condiciones por el que han pasado determina la fase de latencia de los individuos. La fase de latencia de una bacteria cuando pasa de estar en su temperatura óptima de crecimiento (establecida en el confort) a una temperatura de refrigeración será más prolongada que a la inversa, cuando se encuentra en unas condiciones más disgenéticas (viviendo en el estrés) y accede a unas más favorables (Aguirre y col., 2013). Cuando hay muy pocas bacterias viables, las fases de latencia tienden a ser más largas y más variables (Baranyi y Pin, 1999; Pin y Baranyi, 2006; Baranyi y col., 2009) porque en algunos casos habrá células rápidas en iniciar la multiplicación y en otros casos, no. En cambio, cuando las poblaciones son relativamente numerosas, de un par de cientos por mililitro, al menos en condiciones de laboratorio, las fases dejan de depender prácticamente del tamaño del inóculo (Augustin y col., 2000) porque hay una elevadísima probabilidad de que siempre haya células rápidas, prestas a multiplicarse.

En muchos alimentos puede haber un número reducido de microorganismos o, con una carga microbiana más o menos numerosa, un escaso número del microorganismo relevante; un caso obvio es el de *Listeria monocytogenes*. De sobra es conocida la ubicuidad de esta bacteria en la cadena alimentaria y que causa listeriosis, tanto en animales como en el ser humano, una grave enfermedad, mortal con cierta frecuencia (Takeuchi-Storm y col., 2023). Se encuentra en agua, suelo, heces y un largo etcétera (Rogga *et al.*, 2005). Se aísla de muchos alimentos, entre ellos, leche (Greenwood y col., 1991), los listos para el consumo, como quesos (Greenwood y

col., 1991; Cordano, 2001; Abrahão y col., 2008), helados (Cordano, 2001) y jamón cocido y loncheado (Martins y Germano, 2011). Así mismo, esta bacteria se ha aislado de techos, desagües, manillas y otras superficies (dos Santos y col., 2024). Estas referencias son solo un mínimo ejemplo de la abundante literatura que puede encontrarse a este respecto.

Su ubicuidad y patogenicidad, unidas a su carácter psicrotrofo (puede multiplicarse a 3 °C) (Santos y col., 2019), y su capacidad de supervivencia y crecimiento en ambientes estresantes, hacen de este microorganismo uno de los más peligrosos para la industria alimentaria. La legislación establece el criterio microbiológico de no detección en 25 gramos en los alimentos listos para el consumo destinados a lactantes y a usos médicos especiales, así como a los destinados a un público general que pueden favorecer su desarrollo y no pueda demostrarse que no se superarán las 100 ufc/g a lo largo de la vida útil del alimento; en aquellos alimentos listos para el consumo que no favorezcan el crecimiento de *L. monocytogenes* o en los que se pueda garantizar que no alcanzará las 100 ufc/g a lo largo de la vida útil, el límite establecido es 100 ufc/g (UE, 2005). Es incuestionable que, en este último caso, considerando el límite de aceptación y que el microorganismo puede crecer, la carga inicial ha de ser una o muy pocas células por gramo y la fase de latencia de cada una de las

células que conforman la minipoblación es muy relevante para estimar la vida útil del alimento. En definitiva, es fundamental conocer o estimar ρ , a ser posible, predecir, la fase de latencia de cada una de las células que pueden estar contaminando un alimento.

Experimentalmente puede calcularse la fase de latencia de células individualizadas y, claro, también de poblaciones. El equipo más utilizado para determinarla en medio líquido y transparente (medios de cultivo) es el Bioscreen, que puede calcular 200 curvas de crecimiento simultáneamente en sus 200 pocillos. Se trata en realidad de un turbidímetro que mantiene la temperatura constante y toma medidas de turbidez cada cierto tiempo. Para calcular la fase de latencia de células individualizadas hay que diluir el inóculo en su medio de cultivo líquido y transparente hasta poder sembrar en cada pocillo del equipo una única célula. Un hecho que se comprueba *a posteriori*, cuando no se aprecia el crecimiento en todos los pocillos. La función de probabilidad de Poisson [$f(k, \rho)$] permite predecir qué porcentaje de muestras (pocillos) contendrán k (1, 2, 3, etc.) células viables cuando la media de células por muestra es ρ . En la ecuación, e es la base de los logaritmos naturales (Aguirre y col., 2012).

$$f(k, \rho) = (e^{-\rho} * \rho^k) / k!$$

Para calcular ρ , la media del número de células por pocillo, se recurre a la siguiente

te ecuación, que asume que se sigue una distribución de Poisson

$$\rho = - \ln(P)$$

siendo P , la probabilidad (de 0 a 1) de que no haya crecimiento en una muestra.

En la tabla 1 se muestran algunos datos al respecto que ayudan a entender la utilidad de la distribución de Poisson. Por ejemplo, si se ha observado crecimiento en la mitad de los pocillos (50 %), habrá un 35 % de muestras con una célula, 12 % con 2, 3 % con 3 y un 1 % con 4 y, claro está, 50 % sin viables.

Para calcular la fase de latencia en el Bioscreen se recurre a la siguiente ecuación:

$$Lag = Td - [Ln(N_d) - Ln(N_0)] / \mu_{max}$$

donde Lag es la fase de latencia, T_d el tiempo de detección, es decir, el tiempo transcurrido hasta que se alcanza una determinada absorbancia fijada de forma arbitraria (con frecuencia 0,2) en el equipo, N_d la carga microbiana que genera dicha absorbancia, N_0 la carga inicial y μ_{max} la tasa específica máxima de crecimiento. Entonces, para estimar la fase de latencia se han tenido que calcular con anterioridad, N_d y μ_{max} . N_d se calcula mediante una recta de calibración, haciendo recuentos de diferentes absorbancias en el entorno de 0,18 - 0,21 medidas en el propio equipo Bioscreen. La μ_{max} se calcula también en dicho equipo, inoculando cargas micro-

TABLA 1
PORCENTAJE DE MUESTRAS CON UN DETERMINADO NÚMERO CÉLULAS VIABLES, PREDICHAS POR LA DISTRIBUCIÓN DE POISSON.

		% de muestras con número inicial de células						
% muestras con crecimiento	Media Cél/muestra	1	2	3	4	5	6	7
90	2,303	23	27	20	12	5	2	1
80	1,609	32	26	14	6	2	0	0
70	1,204	36	22	9	3	1	0	0
60	0,916	37	17	5	1	0	0	0
50	0,693	35	12	3	1	0	0	0
40	0,511	31	8	1	0	0	0	0
30	0,357	25	5	1	0	0	0	0
20	0,223	18	2	0	0	0	0	0
10	0,105	9	1	0	0	0	0	0

bianas conocidas en el intervalo $10^0 - 10^5$ ufc/pocillo. Cada una de las diluciones se inocula en unos 10 pocillos. Seguidamente se calcula el T_d de cada una y se genera una recta de regresión relacionando los logaritmos del número de viables por pocillo con la media de los T_d para cada inóculo. La inversa del valor absoluto de la pendiente de la ecuación de dicha recta es μ_{max} . Se muestra un ejemplo en la figura 1, en la que el inverso del valor absoluto de la pendiente es $\mu_{max} = 0,1 \text{ h}^{-1}$.

En el caso de alimentos, una vez aplicado un tratamiento que debería permitir sobrevivir a una única célula por muestra, estas se incuban a la temperatura del estudio y, cada cierto tiempo, se enumeran los microorganismos viables en una o dos muestras y cuando en alguna de ellas se sobrepasaba 10^4 ufc/muestra, se recuentan todas (en torno a 100) al día siguiente. La fase de latencia se calcula mediante la siguiente ecuación (D'Arrigo y col., 2006):

$$Lag = T_{cont} - [(\ln(X_{cont}) - \ln(X_0))/\mu_{max}]$$

donde T_{cont} es el tiempo transcurrido desde el tratamiento hasta el momento del recuento, X_{cont} es el número de bacterias en T_{cont} , X_0 es el inóculo inicial y μ_{max} es la tasa máxima específica de crecimiento, que debería haberse calculado previamente mediante curvas de crecimiento. En este caso también es válida la distribución de Poisson para estimar cuántas muestras contienen 1 célula viable, cuántas 2, 3, etc. en función del número de muestras en las que no se ha apreciado crecimiento. Cuando hay una única célula, se cumple:

$$Lag = Td - [\ln(N_0) / \mu_{max}] \quad \text{y} \quad Lag = T_{cont} - [(\ln(X_{cont}))/\mu_{max}]$$

Pero cuando hay dos ó más células, la fase de latencia será, teóricamente, algo más corta porque será más probable que alguna de las células que forman esa micropoblación sea una de las rápidas y, por tanto, para minimizar errores, se asigna la fase latencia más corta de las medidas al inóculo más alto, la segunda más corta al siguiente inóculo más elevado y así sucesivamente hasta que todas las fases de latencia restantes deben pertenecer a células individualizadas (Aguirre y col., 2012); estos son los datos que deben utilizarse.

Con estas premisas, ya se puede calcular la fase de latencia de células individualizadas, unos datos que pueden ser cruciales para poder determinar con exactitud y seguridad la vida útil de los alimentos. Es

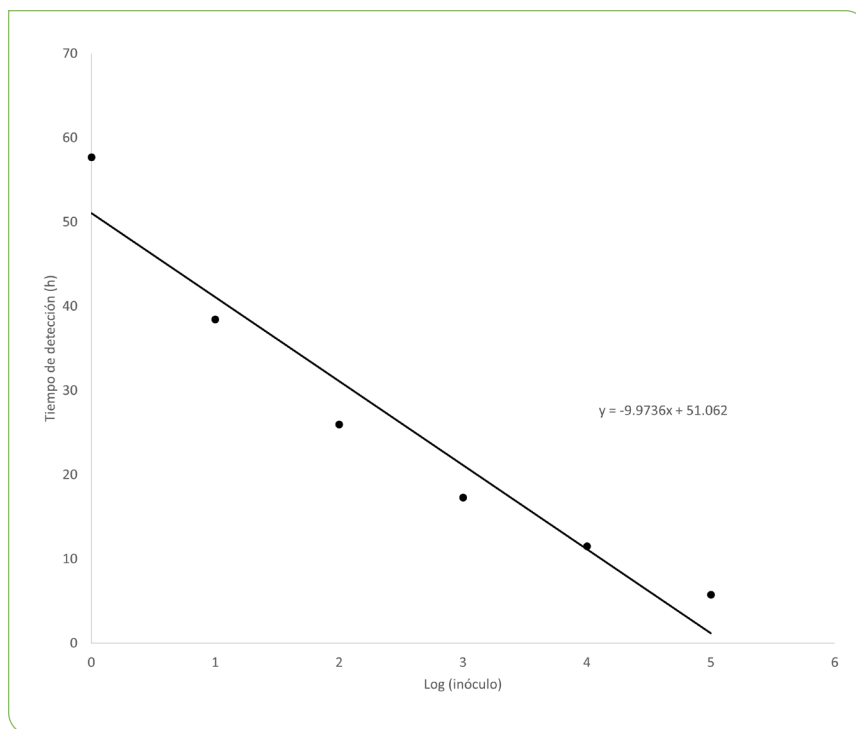


Figura 1. Efecto del tamaño del inóculo en el tiempo de detección.

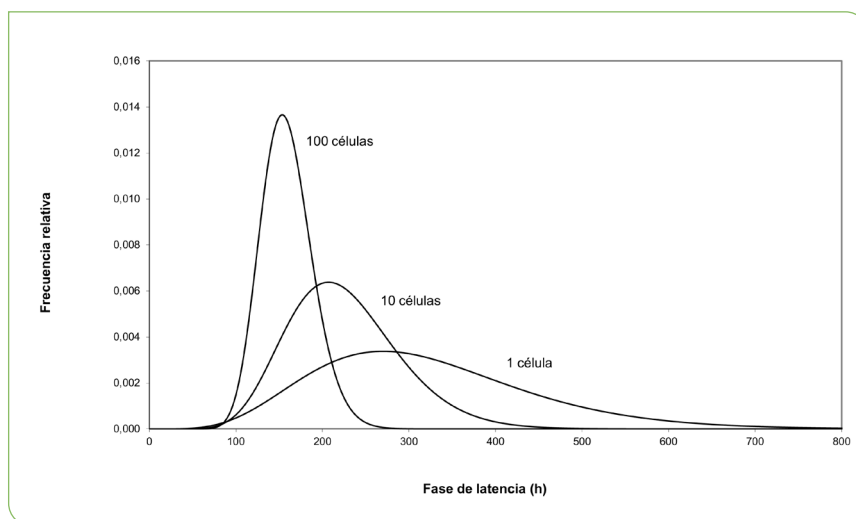


Figura 2. Distribuciones de las fases de latencia predichas de una micropoblación de 10 células/mL de *Listeria innocua* viables tras diferentes tratamientos desde 0 hasta 5D (Aguirre y col., 2013).

obvio que la vida útil de los alimentos ha de ser predicha y la predicción pasa por estimar la fase de latencia de los microorganismos viables en el producto y conocer μ_{max} en las condiciones de almacenamiento. Pero la predicción de la fase de latencia no es trivial dada la ingente cantidad de factores que la condicionan. No obstante,

si se consideran constantes algunos de ellos, sobre todo los que la industria alimentaria debe controlar (composición del alimento, pH, aw, tratamientos conservantes aplicados, temperatura de almacenamiento, etc.), las predicciones son posibles, a pesar de que la fase de latencia es variable como ya se ha indicado más arriba.

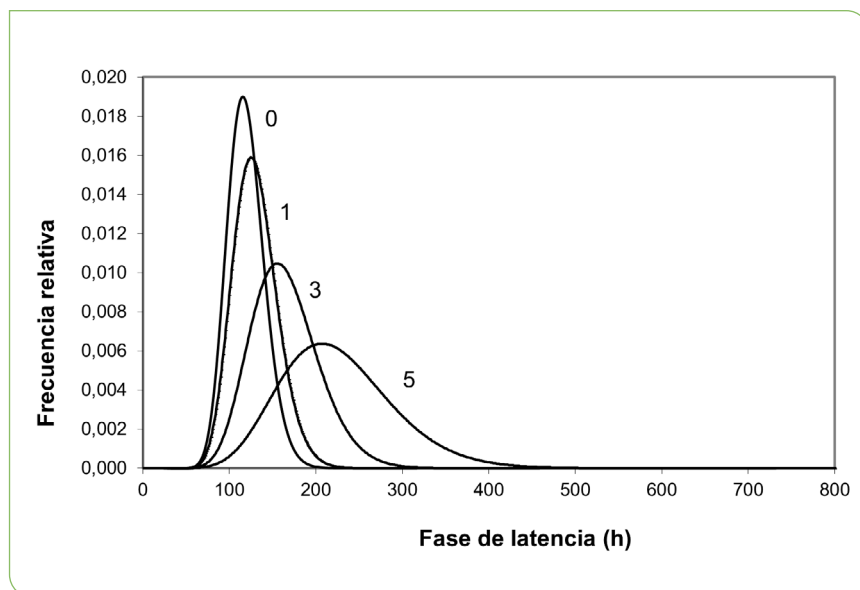


Figura 3. Distribuciones de las fases de latencia predichas de poblaciones/mL de *Listeria innocua* viables tras diferentes tratamientos desde 0 hasta 5D (Aguirre y col., 2013).

Aguirre y col. (2013) comprobaron que la fase de latencia de los microorganismos supervivientes era más larga y más variable cuanto más intenso había sido el tratamiento conservante al que habían sobrevivido. Estos autores desarrollaron un modelo que les permitió predecir el comportamiento de células individualizadas de *Listeria innocua*. La figura 2 ilustra una de estas predicciones; muestra las distribuciones de frecuencia de células individualizadas viables de esta especie tras tratamientos térmicos a 59 °C que dan como resultado entre 0 y 5 reducciones decimales (Aguirre y col., 2013). Es obvio el alargamiento de las fases de latencia de las células que habían sobrevivido a tratamientos más drásticos, en este caso desde unas 100 horas, de las células sin tratamiento térmico, hasta más de 200 (ambos valores medios) de las que sobrevivían a un tratamiento 5D. Y que conste que se trata de la fase de latencia de microorganismos individualizados, no de la población, ya que, cuando se trata de poblaciones, si bien las fases de latencia siguen siendo más prolongadas cuanto más intenso haya sido el tratamiento conservante, son menos variables como se muestra en la figura 3 (Aguirre y col., 2013). Diversos autores (Augustin y col., 2000; Robinson y col., 2001; Pin y Baranyi, 2006) han comprobado el efecto del tamaño del inóculo en la duración de la fase de latencia, pero sólo cuando el tamaño del inóculo es pequeño (Augustin

y col., 2000) o cuando crece una pequeña proporción de células a consecuencia de las condiciones estresantes a las que están expuestas (Augustin y col., 2000; Pascual y col., 2001). Cuando la población inicial es relativamente numerosa, a partir de inóculos de unas 200 ufc/ml, se minimiza la variabilidad, y la fase de latencia, siempre que las condiciones previas al y post-tratamiento conservante sean iguales, se asume que es constante.

Cabe preguntarse por qué la fase de latencia de una micropoblación de 10 células es notablemente más corta que la de las células individualizadas y, no digamos, la de 100 células. La respuesta es bastante lógica y radica en la variabilidad inherente de las células. Los daños que hayan padecido las células supervivientes a un tratamiento conservante no van a ser los mismos en todas ellas. Por consiguiente, las reparaciones serán más o menos prolongadas. Por otra parte, con un grado de daño similar, es posible que haya células con una capacidad de reparación mejor y más rápida que otras células. En definitiva, cada célula va a tener una fase de latencia particular, habrá células “rápidas” y células “lentas” en comenzar a multiplicarse, con fases de latencia más cortas y más largas, respectivamente. En una población numerosa (inóculo grande), pongamos por caso de mil células por mL, con prácticamente toda seguridad, habrá células rápidas que

inician pronto su multiplicación y tirarán y condicionarán la fase de latencia de la población entera. Por contra, en una población, de una sola célula, es obvio que esa célula será como será, rápida, lenta o intermedia. En micropoblaciones, de 2, 5, 10, 25, 50 células, cuanto más numerosa sea la población, más probable es que haya una o más células rápidas que condicionan la fase de latencia y se entiende por qué la fase de latencia de poblaciones más numerosas es más constante, mientras que la fase de latencia de poblaciones de una sola célula es muy variable (figura 2). Estas afirmaciones están bien referenciadas por Baranyi y su equipo (Baranyi y Pin, 1999; Pin y Baranyi, 2006; Baranyi y col., 2009), quienes concluyeron que conforme el tamaño del inóculo disminuye, la fase de latencia se incrementa en una proporción dependiente de la distribución de las fases de latencia de las células que la componen y de la tasa específica de crecimiento.

Con todo lo expuesto hasta aquí, ya puede uno aventurarse a predecir la vida útil de alimentos, considerando la inactivación lograda, y su variabilidad, durante su procesado (García de Fernando y col., 2024) y la fase de latencia, y su variabilidad, de los microorganismos que puedan crecer en el producto. Convocamos al lector al próximo número de SEM@foro para que compruebe cómo puede estimarse la vida útil con un fundamento probabilístico basado en la inactivación y la fase de latencia de la población superviviente.

Referencias

- **Abrahão, WM, Abrahão, PRDS, Monteiro, CLB, Pontarolo, R** (2008). Occurrence of *Listeria monocytogenes* in cheese and ice cream produced in the State of Paraná, Brazil. *Rev. Bras. Ciênc. Farm.*, 44, 289–296.
- **Aguirre, J, Bravo, C, Ordóñez, JA, García de Fernando, GD** (2012). The Poisson distribution is applied to improve the estimation of individual cell and micropopulation lag phases. *Advances in Microbiology*, 2: 146-161. doi: <https://doi.org/10.4236/aim.2012.22020>

- **Aguirre, J, González A, Özçelik, N, Rodríguez, MR, García de Fernando, GD** (2013). Modelling the *Listeria innocua* micropopulation lag phase and its variability. *Int. J. Food Microbiol.*, 164: 60-69.
- **Augustin, JC, Brouillaud-Delattre, A, Rosso, L, Carlier, V** (2000). Significance of inoculum size in the lag time of *Listeria monocytogenes*. *Appl. Environ. Microbiol.* 66: 1706-1710.
- **Baranyi J** (2002). Stochastic modelling of bacterial lag phase. *Int. J. Food Microbiol.* 73, 203-206.
- **Baranyi, J, George, SM, Kutalik, Z** (2009). Parameter estimation for the distribution of single cell lag times. *J. Theoretical Biol.* 259: 24-30.
- **Baranyi, J, Pin, C** (1999). Estimating bacterial growth parameters by means of detection times. *Appl. Environ. Microbiol.* 65:732-736.
- **Cordano, A** (2001). Occurrence of *Listeria monocytogenes* in food in Chile. *Int. J. Food Microbiol.*, 70, 175-178.
- **D'Arrigo, M, García de Fernando, GD, Velasco, R, Ordóñez, JA, George, SM, Pin, C** (2006). Indirect measurement of the lag time distribution of single cells of *Listeria innocua* in food. *Appl. Environ. Microbiol.*, 72: 2533-2538.
- **García de Fernando, GD, Aguirre, J, Velasco, R.** (2024). Variabilidad microbiana y vida útil de los alimentos I. Inactivación microbiana. *SEM@foro*, nº 77, 18-21.
- **Greenwood, MH, Roberts, D; Burden, P** (1991). The occurrence of *Listeria* species in milk and dairy products: A national survey in England and Wales. *Int. J. Food Microbiol.*, 12, 197-206.
- **Mackey, BM, Kerridge, AL** (1988). The effect of incubation temperature and inoculum size on growth of *Salmonellae* in minced beef. *Int. J. Food Microbiol.*, 6: 57-65.
- **Martins, EA, Germano, PML** (2011). *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat, sliced, cooked ham and salami products, marketed in the city of Sao Paulo, Brazil: occurrence, quantification, and serotyping. *Food Control* 22, 297-302. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2010.07.026>
- **Pascual, C, Robinson, TP, Ocio, MJ, Aboaba, OO, Mackey, BM.** (2001). The effect of inoculum size and sublethal injury on the ability of *Listeria monocytogenes* to initiate growth under suboptimal conditions. *Lett. Appl. Microbiol.* 33:357-361.
- **Pin, C, Baranyi, J** (2006). Kinetics of single cells: observation and modelling of a stochastic process. *Appl. Environ. Microbiol.* 72: 2163-2169.
- **Pin C, Baranyi J** (2008). Single-cell and population lag times as a function of cell age. *Appl. Environ. Microbiol.* 74, 2534-2536.
- **Robinson, T, Aboaba, O, Kaloti, A, Ocio, M, Baranyi, J, Mackey, B** (2001). The effect of inoculum size on the lag phase of *Listeria monocytogenes*. *Int. J. Food Microbiol.* 70: 163-173.
- **Rogga, KJ, Samelis, J, Kakouri, A, Katsiari, MC, Savvaidis, IN, Kontominas, MG.** (2005). Survival of *Listeria monocytogenes* in Galotyri, a traditional Greek soft acid-curd cheese, stored aerobically at 4°C and 12°C. *Int. Dairy J.*, 15, 59-67.
- **Santos, T dos, Viala, D, Chambon, C, Esbelin, J, Ebraud, M.** (2019). *Listeria monocytogenes* biofilm adaptation to different temperatures seen through shotgun proteomics. *Front. Nutr.* 6. <https://doi.org/10.3389/fnut.2019.00089>
- **Takeuchi-Storm N, Truelstrup-Hansen L., Nielsen. NL, Andersen, JK** (2023). Presence and persistence of *Listeria monocytogenes* in the danish ready-to-eat food production Environment. *Hygiene*, 3, 18-32. <https://doi.org/10.3390/hygiene3010004>
- **UE** (2005). Reglamento (CE) nº 2073/2005



Introducción a la Iniciativa Internacional para la Alfabetización en Microbiología (IMiLI)

(Extracto de: Timmis K, *et al.*, 2024. DOI: 10.1111/1751-7915.14456)

MARÍA FRANCISCA COLOM¹, JUAN LUIS RAMOS²

¹Facultad de Medicina. Universidad Miguel Hernández Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante. Miembro del Consejo del IMiLI.

²CSIC- Estación Experimental del Zaidín, Granada. Presidente Electo del Consejo del IMiLI.

✉ colom@umh.es | juanluis.ramos@eez.csic.es

N.º 78 DICIEMBRE 2024



<https://imili.org/>

La biosfera del planeta Tierra es un mundo microbiano: un gran reactor que impulsa la mayor parte de los procesos geoquímicos planetarios, incluyendo los ciclos de los elementos de la vida. Este mundo microbiano repercute en el bienestar e influye en las actividades de todos los demás organismos, incluidos los seres humanos. Los microbios son tanto nuestros antepasados como los creadores de la química planetaria que permitió la evolución de procariotas a eucariotas. Es necesario entender a los microbios para entender nuestro mundo, nuestro lugar en la biosfera, cómo influimos en su desarrollo y cómo podemos vivir de forma más sostenible con los demás organismos con los que compartimos este maravilloso planeta.

El Proyecto IMiLI aboga por mejorar la alfabetización microbiológica de la sociedad. Esta alfabetización no se basa en el conocimiento de la materia académica de la microbiología, más bien se centra en el conocimiento de las actividades microbianas que afectan a la biosfera y a nosotros –individuos/comunidades/naciones/mundo humano– y que son claves para tomar decisiones informadas sobre una multitud de cuestiones a las que nos enfrentamos regularmente, desde problemas personales a crisis de importancia mundial. En otras palabras, se trata de conoci-

mientos esenciales para la edad adulta y la transición a ella, conocimientos que deben adquirirse en la escuela.

El proyecto IMiLI tiene como objetivo fundamental crear recursos de libre acceso (CC BY-NC 4.0) que faciliten la enseñanza gratuita y eficaz de la microbiología a todos los niveles en todo el mundo.

Para lograr la alfabetización microbiológica, el proyecto IMiLI elabora **recursos didácticos** con explicación de conceptos y actividades microbianas, encuadradas en el contexto de la sostenibilidad, las necesidades y responsabilidades sociales, y la toma de decisiones. En la creación de estos recursos participan numerosos profesionales microbiólogos y de otras disciplinas. Los recursos se generan en inglés y se comparten en todo el mundo. Los Centros Regionales son los encargados de traducirlos a los idiomas locales y adaptarlos a las necesidades culturales de su área. Estos centros interactúan con los educadores y sirven como nodos de las redes de educación en alfabetización microbiológica.

Los temas de los recursos didácticos se centran en el alumno y se seleccionan por su pertinencia, interés y capacidad de emocionar y comprometer. Se hace hincapié en cómo pueden aprovecharse las múltiples aplicaciones de las activida-

des microbianas para promover la salud humana, animal, vegetal, medioambiental y planetaria.

Es importante destacar que, aunque el objetivo principal del proyecto IMiLI son los escolares y sus educadores, sus recursos y su filosofía pedagógica están igualmente pensados para encontrar aplicación en todos los niveles de la sociedad y a todas las edades. Los recursos didácticos de IMiLI constituyen un conjunto único de materiales para todo el espectro de edades, capacidades y culturas de los estudiantes; su objetivo es estimular el desarrollo de un ecosistema global de educación que democratice el conocimiento de la microbiología.

Los recursos didácticos que contempla IMiLI y sus correspondientes objetivos son los siguientes:

➤ **Marcos temáticos (Topic Frameworks -TFs)** – Son las lecciones o temas de clase. En su conjunto podemos decir que constituyen el currículo escolar. Es una colección de más de 200 marcos de conocimiento/esquemas de temas centrados en la experiencia/interés de los niños, agrupados bajo 20 categorías (Tabla 1). Para ver algún ejemplo: <https://imili.org/pdf/Obesity%20crisis.pdf>.

TABLA 1
LAS SECCIONES DE LOS MARCOS TEMÁTICOS DEL IMILI.

Las Secciones de los Marcos Temáticos	
1. Nuestras plantas	11. Aventuras y Descubrimientos
2. Nuestros Animales	12. Nuevas Fronteras
3. Nuestra comida	13. Regalos Microbianos (Biotecnología)
4. Nosotros	14. El Futuro
5. Nuestro bienestar	15. El Pasado
6. Nuestras Infecciones	16. Nuestra Civilización y Cultura
7. Nuestro Planeta	17. Nuestros Amigos Microbianos
8. El Calentamiento global	18. Bienestar Microbiano
9. Nuestra Agua	19. Cómo estudiamos los Microbios
10. Microbiología Global	20. Por qué Necesitamos Saber Microbiología.

La idea es que estos marcos temáticos genéricos, sirvan como un currículo escolar de descubrimiento de la microbiología, interpretable por los profesores para todo tipo de objetivos de enseñanza y grupos de edad.

➤ **Galería de retratos de las MicroEstrellas-** salones de la fama microbiana de los principales actores de los TF: ayudan a la familiarización con los personajes. Se trata de “retratos” de las Estrellas/Héroes de los procesos más importantes tratados en los TFs, mediante descripciones que los dotan de personalidad con fines ilustrativos y de disfrute, y por tanto capaces de generar memoria. Las Galerías de retratos constituyen Salones de la Fama microbianos. La Sociedad Española de Microbiología (SEM) publica *MicroStars* con una periodicidad mensual, la primera de las cuales, *Alca*, se publicó en el Noticias SEM de octubre de 2022 (<https://www.semicrobiologia.org/en/revista-noticiasem/octubre-2022>).

➤ **Material didáctico multimedia (MATs):** Existe una gran necesidad de visualizar, idealmente de forma interactiva, los temas de las lecciones. Aunque en internet ya existe una enorme selección de MAT no todos son válidos porque no tienen el grado necesario de interés (generan compromiso y emoción), calidad, claridad o coherencia. Por lo tanto, se está haciendo un esfuerzo considerable para crear MATespecíficos de cada TF para el IMiLi, atendiendo a directrices propias para la producción de vídeos, animación, cómics, juegos, etcétera (<https://www.the-microbiologist.com/issues/the-microbiologist-december-2021/114.article>, pp. 33-35).

➤ **Experimentos de clase** específicos de los TF: compromiso con los microbios y sus procesos. Son experimentos para realizar en clase que abordarán específicamente la intención de sumergir a los niños en la microbiología. El proyecto *MicroMundo* es un buen ejemplo de este tipo de actividad.

➤ **Participación virtual en trabajos de campo** en lugares exóticos: emoción de la exploración y el descubrimiento. La investigación microbiológica puede ser tremendamente apasionante, sobre todo cuando implica trabajo de campo en lugares fascinantes y/o exóticos, como las regiones polares, los glaciares, las profundidades marinas, los arrecifes de coral, la subsuperficie profunda, las aguas termales, el desierto de Atacama, el volcán Dallol, Shark Bay, Cuatro Ciénegas, Pitch Lake y muchos, muchos más. Tenemos la responsabilidad especial de transmitir este entusiasmo a los niños, exponerles la belleza y la emoción de cosas que normalmente no verían, y satisfacer y alimentar su sed de aventura, exploración y descubrimiento en microbiología.

➤ **Recomendaciones de excursiones** de clase: compromiso/familiarización con los microbios en acción. Están diseñadas para sumergir a los niños en diversos ejemplos de microbiología práctica que pueden experimentar en sus localidades y ser explicados por educadores o expertos locales, con el fin de que los niños (y, colateralmente, sus familias y amigos) conecten mentalmente las observaciones y experiencias cotidianas con los microbios subyacentes y sus actividades. Una serie de recomendaciones para las excursiones se ha publicado anteriormente como editorial en *Microbial Biotechnology*: <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/1751-7915.13576>.

➤ **Tareas para casa**, proyectos con la familia o los amigos: compromiso, exploración independiente de temas microbianos, ampliación y difusión de conocimientos. Como para cualquier otra asignatura, se pueden establecer tareas para casa y se harán sugerencias para las mismas, algunas de las cuales se centrarán en el estudio, uso o creación de retratos *MicroStar*, y la investigación independiente de temas cotidianos en la televisión/medios sociales, en la música, etc., que tengan una asociación con los microbios.

Para concluir, **¿qué es el proyecto IMiLi?**

IMiLi es un ecosistema global de educación en microbiología, representado en la Figura 1, que consiste en:

➤ Un concepto de plan de estudios internacional en microbiología socialmente relevante con la visión de permitir a niños y adultos de todo el mundo adquirir conocimientos y comprensión vitales para el bienestar de la sociedad y la biosfera.

➤ Una comunidad mundial de microbiólogos que constituya una plataforma dedicada a la creación de los recursos didácticos que componen el plan de estudios.

➤ Los profesores, los alumnos de clase y los curiosos independientes (el aula global global).

➤ Los Centros Regionales interconectados que adaptan y ponen a disposición

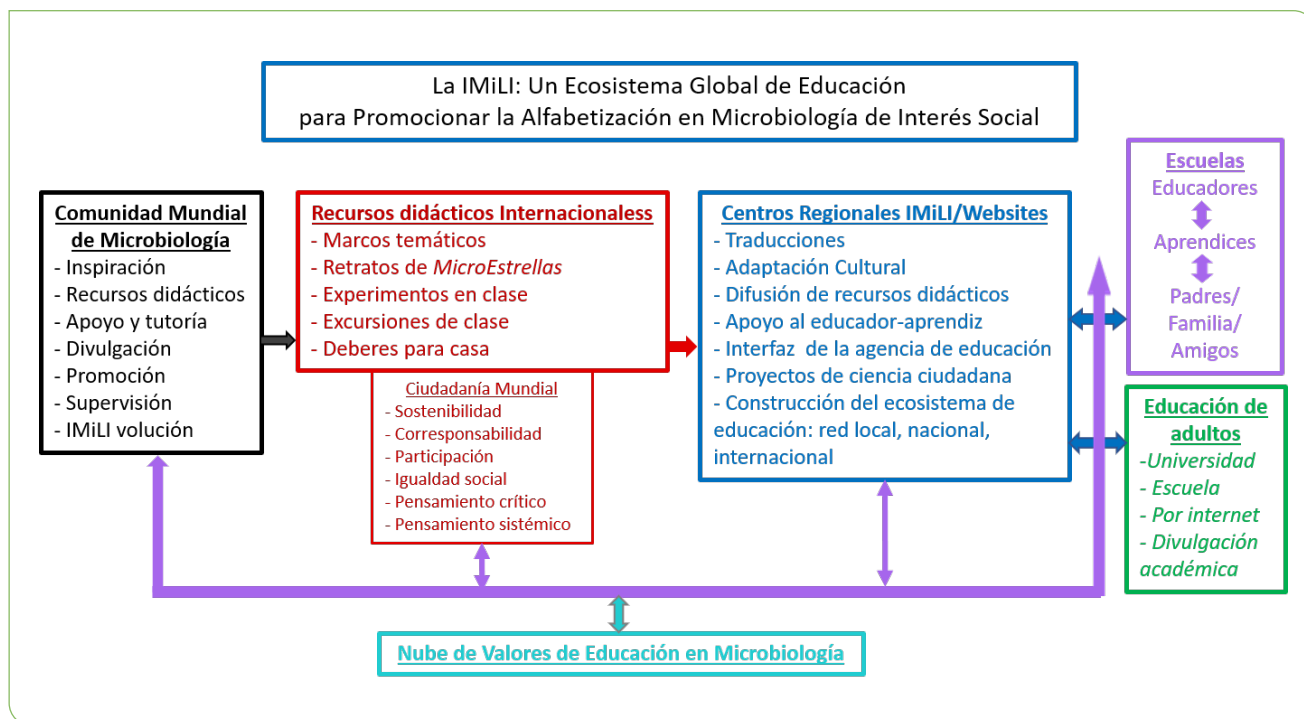


Figura 1. El concepto IMiL.

los recursos didácticos, prestan apoyo, crean redes sinérgicas dentro de y entre las regiones a las que sirven.

El texto es un extracto del artículo:

Kenneth Timmis, John E. Hallsworth, Terry J. McGenity, Rachel Armstrong, María Francisca Colom, Zeynep Ceren Karahan, *et al.* A concept for international societally-relevant microbiology education and microbiology knowledge promulgation in society. *Microbial Biotechnology*. 2024; 17(5): e14456 <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14456>

Referencias citadas en el texto

◉ Falkowski, P. G. (2023). Life's engines: how microbes made Earth

habitable. Princeton University Press, Princeton, USA DOI: <https://doi.org/10.2307/j.ctv345pcx3>

◉ Kenneth N. Timmis, Michail M. Yakimov, Terry J. McGenity, Ángeles Prieto. Noticias SEM 2022; 167:12-13. <https://www.semicrobiologia.org/en/revista-noticiase/octubre-2022>

◉ Diana Spijkerman; Bob Hermanns; Nicole van der Burgt; Roderick van Beek. Making the invisible visible: multimedia appraisal guidelines. *The Microbiologist* 2021; 22: 33-35. <https://www.the-microbiologist.com/issues/the-microbiologist-december-2021/114.article>

◉ McGenity, T. J., Gessesse, A., Hallsworth, J. E., Cela, E. G., Verheecke-Vassen, C., Wang, F., *et al.* 2020. Visualizing the invisible: class excursions to ignite children's enthusiasm for

microbes. *Microbial Biotech* 13: 844-887. <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/1751-7915.13576>

◉ Timmis, K., Timmis, J. and Jebok, F. (2020). The urgent need for microbiology literacy in society: children as educators. *Microb Biotechnol.* 13: 1300-1303.

¿Cuál es el enfoque One-Health para afrontar la resistencia antifúngica de hongos termotolerantes en medio del cambio climático?

VICO-URIBES C ¹., ESTRADA-VALBUENA JJ ¹., MARTÍNEZ-LÓPEZ R ¹., PARRA-GIRALDO CM ^{1*}

¹Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid.

²Departamento de Biociencias, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Europea de Madrid.

✉ claudia.parra@universidadeuropea.es

1. Introducción

Los hongos son responsables de significativas pérdidas agrícolas y de infecciones en animales y personas (Horianopoulos *et al.*, 2021). Estas pérdidas en la agricultura, estimadas en alrededor del 14% del rendimiento de los cultivos de plantas, equivalente a alimentar hasta 173 millones de personas cada año, han llevado a un aumento en el uso de fungicidas (Denning, 2024). Sin embargo, este aumento en el uso de fungicidas no solo tiene consecuencias en la agricultura, sino también en la salud humana. En los últimos años, se han registrado alrededor de 150 millones de casos de infecciones fúngicas graves en todo el mundo, con aproximadamente 1.7 millones de muertes anuales (Kainz *et al.*, 2020). Este incremento en las infecciones está relacionado con la adaptación de los hongos a temperaturas más elevadas, próximas a la temperatura corporal humana, debido al cambio climático (WHO, 2022). Aunque los agentes fungicidas pueden prevenir infecciones micóticas en cultivos, animales y personas, su uso indiscriminado está promoviendo la evolución y desarrollo de la resistencia, dado la amplia plasticidad de su genoma y la escasa velocidad de reproducción (Robbins *et al.*, 2017). Por lo tanto, se necesitan estrategias urgentes para controlar y reducir la resistencia antifúngica.

2. Importancia de las infecciones fúngicas

➤ Agricultura y ganadería

Para aumentar la productividad en la agricultura se abusa de pesticidas que disminuyen la diversidad de microbiota en

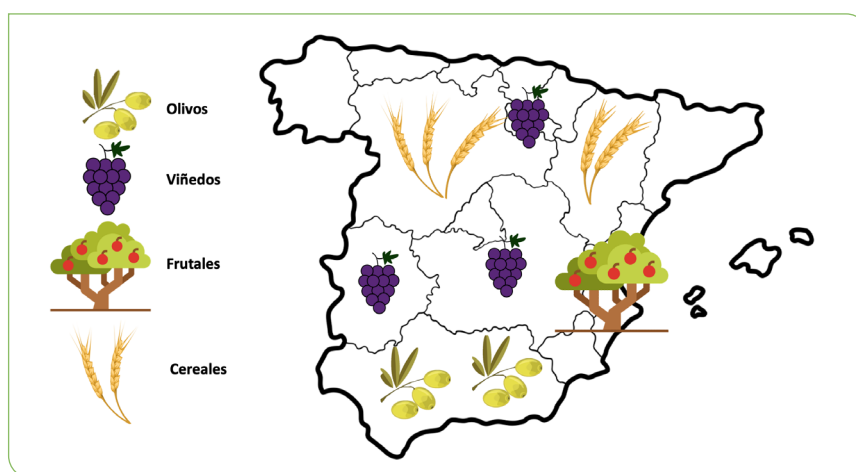
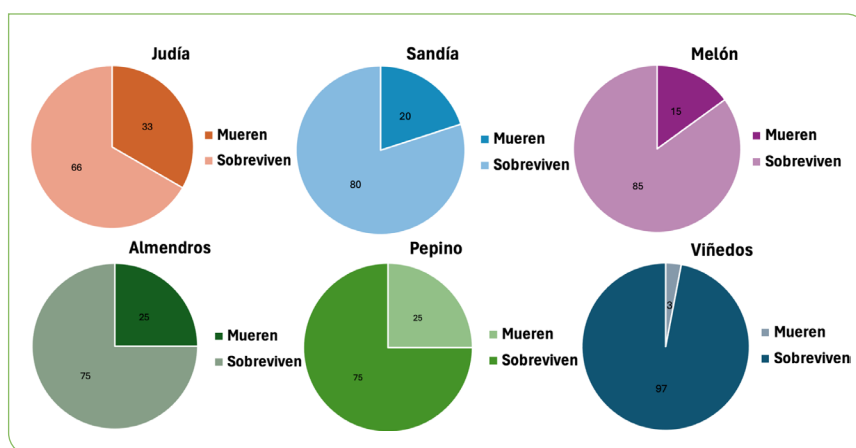


Figura 1. Mapa de los principales cultivos de España y % de pérdida debido a enfermedad fúngica. Elaboración propia. Fuente: Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación.

de la rizosfera asociada a las plantas y las vuelven más susceptibles de contraer infecciones fúngicas, como la verticilosis, antracnosis y repilo (Fisher *et al.*, 2018; Romero Azogil, 2017). Las enfermedades fúngicas

(EF) en plantas destruyen directamente los cultivos representando pérdidas de aproximadamente el 14% en todo el mundo produciendo una escasez de alimentos, causando una pérdida anual estimada de 2

trillones de dólares. (Bisht *et al.*, 2022; Denning, 2024). De forma indirecta los hongos producen sustancias tóxicas (micotoxinas) contaminando los granos que se utilizan para alimentación animal, impactando en la salud del ganado y en la alimentación humana (Awuchi *et al.*, 2021). Los campos de cultivo más importantes en España son los viñedos, los cereales, los olivos y los frutales que también se ven afectados por diferentes hongos fitopatógenos.

Además de los cultivos, los animales (vacas, cerdos y pollos) son susceptibles de contraer infecciones fúngicas. Esto se debe a que estos animales están en contacto con suelos y aire que pueden albergar hongos dañinos tanto para los animales como para los trabajadores (Kelly *et al.*, 2021). En las granjas bovinas, debido a las micotoxinas se ha observado una disminución de producción de leche del 15%, y la muerte del 10% de los individuos por aspergilosis (Adams y col., 2016).

➤ Salud Humana

Respecto a la salud humana, las personas inmunocomprometidas (actualmente unas 160.000 en España) son las más susceptibles de contraer una EF (Perlin *et al.*, 2017) (Konopka *et al.*, 2019). Las infecciones fúngicas son un desafío para el diagnóstico, control y tratamiento a nivel global, donde la disponibilidad de terapias antifúngicas

es limitada y los costos de tratamiento son elevados (Bongomin *et al.*, 2017).

Anualmente, más de 2 millones de personas desarrollan aspergilosis invasiva en el contexto de enfermedad pulmonar o neoplasias malignas hematológicas, con una mortalidad anual bruta de aproximadamente 1.800.000. Alrededor de 1.500.000 personas padecen cada año una infección del torrente sanguíneo por *Candida*, con casi un millón de muertes. La neumonía por *Pneumocystis* afecta a más de medio millón de personas, con más de 200.000 muertes. La meningitis criptocócica afecta a casi 200.000 personas, con casi 150.000 muertes. Otras infecciones fúngicas importantes que ponen en peligro la vida afectan a unas 300.000 personas y causan 161.000 muertes. Estas estimaciones actualizadas sugieren una incidencia anual de 6,5 millones de infecciones fúngicas invasivas y 3,8 millones de muertes (Denning, 2024).

3. Antifúngicos y resistencia

Existen nueve veces más compuestos fungicidas para controlar enfermedades en cultivos que antifúngicos para tratar infecciones en animales y personas (Lucas *et al.*, 2015). Los tratamientos autorizados para humanos se limitan a cuatro clases de medicamentos: azoles, polienos, equi-

nocandinas, y el 5-fluorocitosina (Robbins *et al.*, 2017). De éstos, los azoles son los más empleados para proteger los cultivos, representando más del 26% de los fungicidas en la Unión Europea y aumentando su uso 10 veces desde 2006. (Niels Kleinkauf, 2013). La resistencia a los antifúngicos suele adquirirse debido a cambios que afectan directa o indirectamente la interacción fármaco-diana (Fisher *et al.*, 2022). Las mutaciones que resultan en cambios conformacionales en la diana del fármaco son la forma más común de resistencia en hongos termotolerantes. Otra estrategia es la sobreexpresión de la cantidad de diana disponible, o la disminución de la concentración intracelular del agente antifúngico mediante la regulación positiva de bombas de flujo (Hawkins *et al.*, 2014) Figura 1. Se cree que estas resistencias son más probables de haberse desarrollado tras una exposición prolongada, como ocurre en cultivos tratados. En 2009 se aisló por primera vez *Candida auris*, una nueva especie de *Candida* con capacidad única de adquirir mecanismos de resistencia a los 4 grupos de antifúngicos anteriormente nombrados, y que adicionalmente aparentemente viene de una adaptación de una cepa ambiental que se adaptó a la temperatura corporal logrando saltar a hospedadores humanos (Casadevall *et al.*, 2021). Algunas cepas han demostrado tener CMI elevadas para todos los fármacos disponibles, lo que supone un riesgo de salud pública (Spivak & Hanson, 2018).

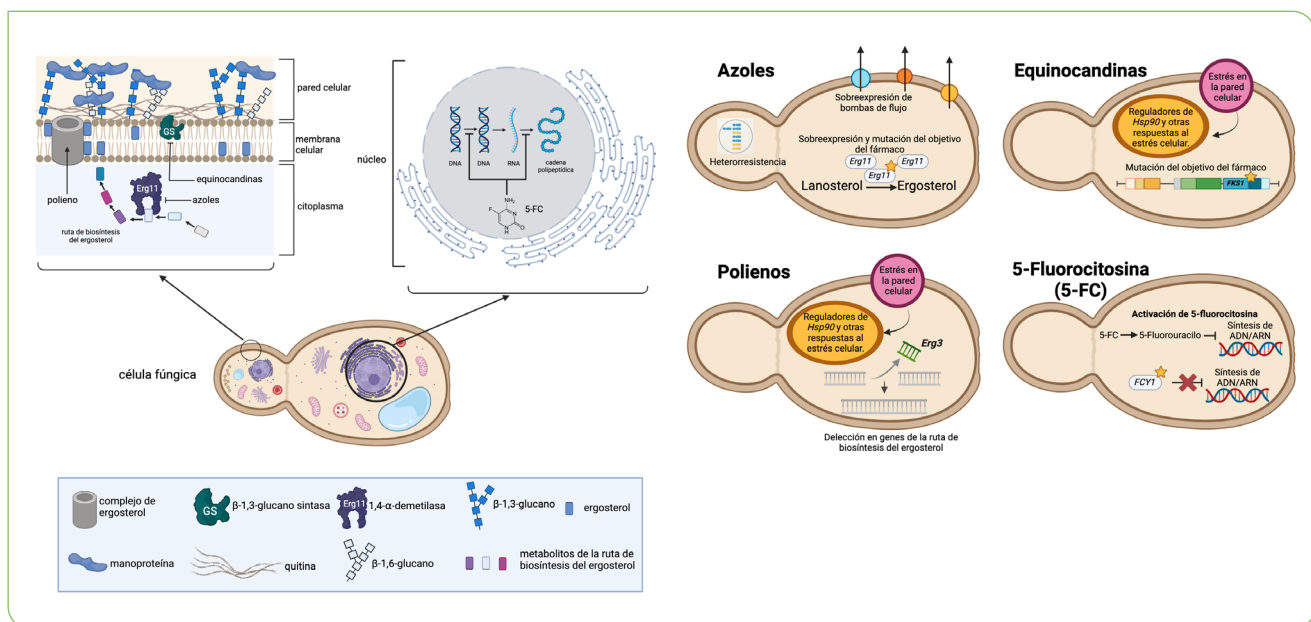


Figura 1. Mecanismos de acción de los principales antifúngicos y mecanismos de resistencia de los principales agentes antifúngicos. Creado por BioRender. Imagen inspirada en Fisher *et al.*, 2022.

4. One health y el cambio climático

“One Health” se refiere a la interconectividad entre la salud humana, animal y ambiental. Consiste en un enfoque colaborativo, multisectorial e interdisciplinario para definir y abordar problemas globales.

Los hongos crecen mejor entre los 12 y los 30°C, por lo que les resulta fácil infectar árboles, cultivos o insectos. Si los hongos ambientales que actualmente no pueden causar infecciones en humanos desarrollan una mayor tolerancia a la temperatura debido al cambio climático, muchas especies pueden convertirse en un riesgo como patógenos oportunistas en vertebrados (Figura 2). Sería interesante una caracterización de especies de hongos que son parientes cercanos de los patógenos conocidos, pero que actualmente carezcan de termotolerancia, ya que posiblemente sean candidatos a ser nuevos patógenos (Case *et al.*, 2022.).

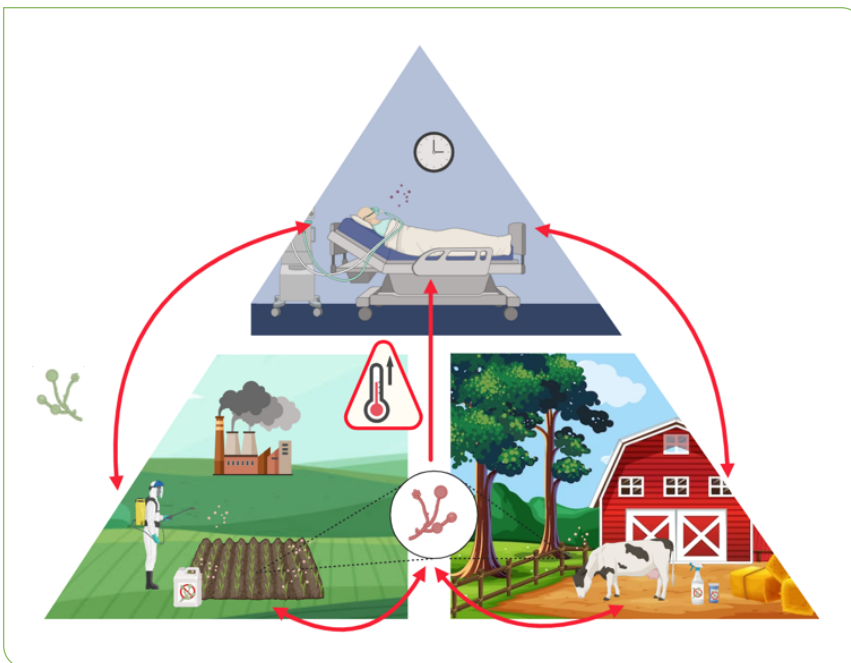


Figura 2. Estrategias basadas en un enfoque One Health para hacer frente a la resistencia antifúngica. B) El aumento de temperaturas debido al cambio climático y el uso de fungicidas aumentan la posibilidad de que las cepas ambientales en cultivos adquieran capacidad infectiva.

5. Estrategias one health

Los hongos termotolerantes y resistentes antifúngicos son una amenaza creciente para la salud pública. Todos, incluidos los científicos, los profesionales de la salud y el público en general, tienen un papel que desempeñar en la prevención de las infecciones por estos agentes etiológicos, Figura 2.

➤ Coordinación global y herramientas de la OMS

La Organización Mundial de la Salud proporciona un conjunto de herramientas para el control de la administración de antimicrobianos lo que incluye a los antifúngicos, junto con una serie de recomendaciones y apoyo personalizado a nivel nacional, para optimizar el uso de antimicrobianos mediante la Asamblea Mundial de la Salud (AMS) (Dellit *et al.*, 2007). Asimismo, el Plan Nacional frente a la Resistencia a los Antibióticos (PRAN) tiene entre sus objetivos la implantación de los Programas de Optimización de Uso de los Antibióticos (PROA) en el ámbito hospitalario para controlar la aparición de resistencia y garantizar el uso de tratamientos coste-eficaces (Cercenado *et al.*, 2023).

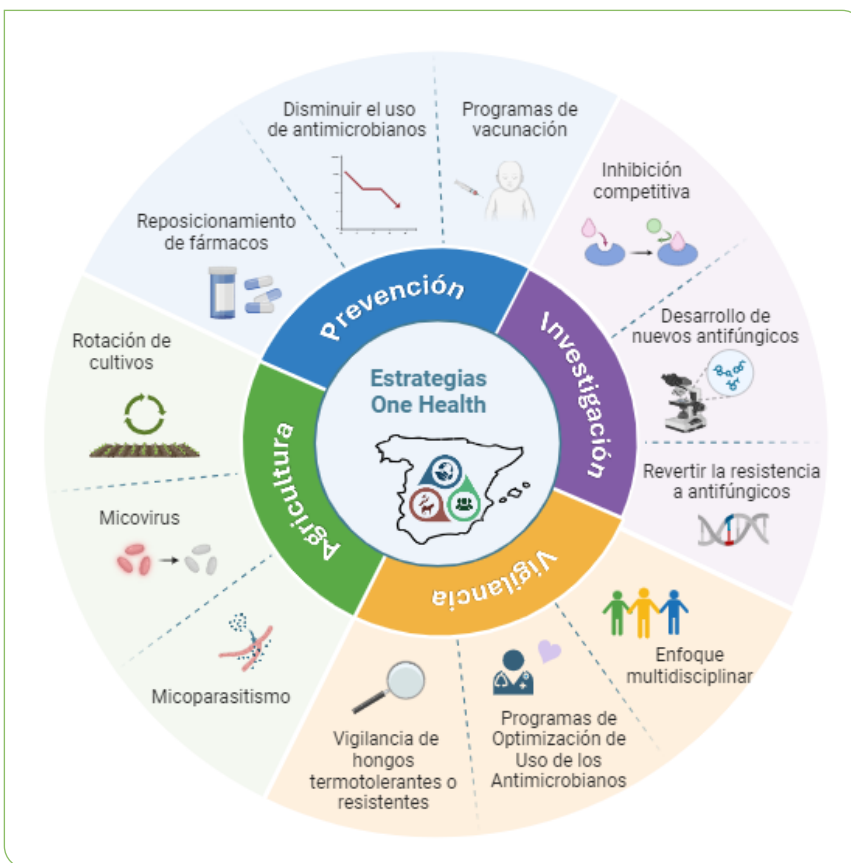


Figura 3. Estrategias basadas en un enfoque One Health para hacer frente a la resistencia antifúngica.

► Investigación de nuevos antifúngicos: desafíos y estrategias

Estrategia sería el descubrimiento de nuevos compuestos con actividad antifúngica. Sin embargo, el desarrollo de nuevos antifúngicos puede requerir años y altos niveles de financiamiento para evaluar adecuadamente su eficacia clínica y viabilidad. Hasta la fecha, el arsenal terapéutico de clases de antifúngicos no es tan extenso como el de los diversos antibióticos disponibles contra las infecciones bacterianas, y no ha habido avances significativos en el descubrimiento de nuevos agentes antifúngicos en los últimos años. De hecho, la gran mayoría de los nuevos medicamentos antimicóticos aprobados para su uso en los últimos 10 años han sido nuevas versiones de la misma clase de agentes existentes (Campoy *et al.*, 2017), aunque se están desarrollando nuevos antifúngicos frente a nuevas dianas como las Orotamidas (que inhibe la síntesis de pirimidinas) (Oliver *et al.*, 2016), o el Fosmanogepix (APX001) (Tsukahara *et al.*, 2003; Hata *et al.*, 2011) que inhibe la formación de GPI, necesario para el anclaje y correcta localización de las manoproteínas en la pared celular.

Además, se están investigando otras estrategias para evitar la necesidad de desarrollar nuevos antifúngicos y fungicidas, como el reposicionamiento de ciertos fármacos aprobados y comercializados para otras patologías y que se ha visto su potencial uso en la clínica contra micosis (Kim *et al.*, 2020). Tal es el caso por ejemplo del diclofenaco un antiinflamatorio que se ha visto que reduce la transición dimórfica de *C. albicans* (Ghalenhnoo *et al.*, 2010), esencial para su completa virulencia, que presenta un fuerte sinergismo anticandida asociado a azoles (Brilhante *et al.* 2020).. La ventaja radica en que estos fármacos ya han sido aprobados comercialmente, lo que ahorra tiempo y contribuye a reducir costos y acelerar el tiempo de llegada al mercado.

► Prácticas agrícolas y manejo de resistencia a fungicidas

Entre las buenas prácticas agrícolas para el manejo de la resistencia a fungicidas se recomiendan (Carmona *et al.*, 2017):

- Aplicar un fungicida solamente cuando es necesario.

- No acortar los períodos de aplicación de los fungicidas.

- La aplicación conjunta de fungicidas de distintos sitios de acción. Es importante que aún combinando fungicidas se administre siempre la dosis plena, no reducir dosis pensando que al combinarlos se “compensa”.

- Desarrollar un programa de monitoreo de la sensibilidad de las poblaciones de los principales patógenos, y de valoración de la fungitoxicidad de las principales moléculas químicas, y de determinación de las dosis óptimas para cada mezcla comercial.

- Uso de variedades resistentes.

- Rotación de cultivos.

Es importante utilizar fungicidas en los cultivos con mecanismos de acción distintos a los fármacos antimicóticos que se utilizan en la clínica, ya que pueden ocurrir problemas de resistencia cruzada si tanto el producto clínico como el agrícola afectan exactamente el mismo sitio de la enzima (Chowdhary and Meis, 2018). Actualmente el 13% de los hongos fitopatógenos son resistentes a azoles, debido a su extendido uso en agricultura para tratar hongos como *Fusarium* y *Alternaria*, ambos hongos termotolerantes, y dificultando su tratamiento en la clínica (Bisht *et al.*, 2022). Así mismo, se ha detectado *Aspergillus* resistente a azoles en los suelos agrícolas de 60 países (Hagiwara *et al.*, 2022).

Asimismo, se buscan alternativas al uso de productos químicos antifúngicos como son:

- La aplicación de tratamientos térmicos o el uso de productos naturales como extractos de plantas o aceites esenciales (Mesa *et al.*, 2019).

- La inhibición competitiva donde se utilizan microorganismos que compiten por nutrientes, nichos biológicos o puntos de infección con patógenos de las plantas (Köhl *et al.*, 2019). En este sentido, los BCFs (hongos de control biológico) pueden proporcionar también control de patógenos mediante micoparasitismo, donde un hongo ataca activamente a otro para obtener nutrientes (Sood *et al.*, 2020). Además, los micovirus ofrecen un control adicional, transfiriendo virus de cepas hipovirulentas a patógenos fúngicos (Villan Larios *et al.*, 2023).

► Alternativas y reducción del uso de antimicrobianos en animales

Para reducir el uso general de antimicrobianos en los animales se promueve la prevención de enfermedades, por ejemplo, mediante los programas de vacunación contra las principales enfermedades animales transfronterizas. Las vacunas se han utilizado para controlar y prevenir enfermedades animales durante muchos años y han ayudado a erradicar la peste bovina y limitar la propagación de otras enfermedades animales como la fiebre aftosa, así como la peste de los pequeños rumiantes (Buchy *et al.*, 2020). Además, la mejora de la nutrición animal, así como el acceso a productos nutricionales en los piensos, un mejor acceso a los inmunoestimulantes y una mayor financiación de la investigación sobre nutrición animal pueden disminuir la necesidad general de antimicrobianos (McEwen *et al.*, 2017). La mejora de la bioseguridad en las explotaciones y centros de producción y el acceso a una atención de salud animal adecuada deben ser prioridades para salvaguardar la salud y el bienestar de los animales (Alarcón *et al.*, 2021).

6. Conclusión

Es necesario vigilar las EF para poder controlar el desarrollo de resistencias por parte de los hongos. Es importante seguir un enfoque integral y sostenible en un programa multidisciplinar para el control de enfermedades en los cultivos, llevando a cabo la vigilancia de hongos que potencialmente puedan afectar a humanos procedentes de la agricultura y los animales con un énfasis especial en la gestión de la resistencia a los fungicidas para garantizar resultados efectivos a largo plazo. En este sentido, se destaca la necesidad de incluir la vigilancia de hongos termo tolerantes en ambientes de pacientes inmunocomprometidos o vigilar en los suelos la presencia de residuos fungicidas, dejando de utilizar los mismos fármacos antimicóticos que se usan en clínica, puesto que así se favorece la aparición de resistencias que pueden afectar a las personas

Otra medida urgente incluye la educación y la sensibilización sobre el gran problema en la salud humana a largo plazo que ocasiona el uso indiscriminado de antimicrobianos, incluyendo fungicidas, con el objetivo de cambiar el comportamiento de profesionales y la población en general (Lammie *et al.*, 2016)."

Bibliografía

- **Adams, R. S., Kephart, K. B., Ishler, V. A., Hutchinson, L. J., & Roth, G. W.** (2016). Mold and Mycotoxin Problems in Livestock Feeding. Penn State College of Agricultural Sciences. The Pennsylvania State University and U.S. Department of Agriculture. *PennState Extension*, ART-1169.
- **Alarcón, L. V., Allepuz, A., & Mateu, E.** (2021). Biosecurity in pig farms: a review. *Porcine health management*, 7(1), 5.
- **Brilhante RSN, Brasil JA, Oliveira JS, Pereira VS, Pereira-Neto WA, Sidrim JJC, Rocha MFG.** (2020). Diclofenac exhibits synergism with azoles against planktonic cells and biofilms of *Candida tropicalis*.
- **Bongomin, F., Gago, S., Oladele, R. O., & Denning, D. W.** (2017). Global and Multi-National Prevalence of Fungal Diseases—Estimate Precision. *Journal of Fungi* 2017, Vol. 3, Page 57, 3(4), 57. <https://doi.org/10.3390/JOF3040057>
- **Buchy, P., Ascioğlu, S., Buisson, Y., Datta, S., Nissen, M., Tambyah, P. A., & Vong, S.** (2020). Impact of vaccines on antimicrobial resistance. *International journal of infectious diseases : IJID: official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 90, 188–196.
- **Campoy, S., & Adrio, J. L.** (2017). Antifungals. *Biochemical pharmacology*, 133, 86–96. <https://doi.org/10.1016/j.bcp.2016.11.019>
- **Carmona, Marcelo & Sautua, Francisco.** (2017). La problemática de la resistencia de hongos a fungicidas. Causas y efectos en cultivos extensivos. *Agronomía & Ambiente*. 37. 1.
- **Casadevall, A., Kontoyiannis, D. P., & Robert, V.** (2021). Environmental *Candida auris* and the Global Warming Emergence Hypothesis. *MBio*, 12(2), 1–3. <https://doi.org/10.1128/MBIO.00360-21>
- **Case, N. T., Berman, J., Blehert, D. S., Cramer, R. A., Cuomo, C., Currie, C. R., Ene, I. v, Fisher, M. C., Fritz-Laylin, L. K., Gerstein, A. C., Glass, N. L., Gow, N. A. R., Gurr, S. J., Hittinger, C. T., Hohl, T. M., Iliev, I. D., James, T. Y., J., ... Cowen, L. E.** (n.d.). The future of fungi: threats and opportunities.
- **Cercenado, E., Rodríguez-Baño, J., Alfonso, J. L., Calbo, E., Escosa, L., Fernández-Polo, A., García-Rodríguez, J., Garnacho, J., Gil-Navarro, M. V., Grau, S., Gudiol, C., Horcajada, J. P., Larrosa, N., Martínez, C., Molina, J., Nuvials, X., Oliver, A., Paño-Pardo, J. R., Pérez-Rodríguez, M. T., Ramírez, P., ... Retamar-Gentil, P.** (2023). Antimicrobial stewardship in hospitals: Expert recommendation guidance document for activities in specific populations, syndromes and other aspects (PROA-2) from SEIMC, SEFH, SEMPSPGS, SEMICYUC and SEIP. *Enfermedades infecciosas y microbiología clínica (English ed.)*, 41(4), 238–242. <https://doi.org/10.1016/j.eimce.2022.05.013>
- **Chowdhary, A., and Meis, J.F.** (2018). Emergence of azole resistant *Aspergillus fumigatus* and One Health: time to implement environmental stewardship. *Environmental Microbiology* 20: 1299–1301. <https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1462-2920.14055>
- **Denning, D. W.** (2024). Global incidence and mortality of severe fungal disease. *The Lancet. Infectious Diseases*. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(23\)00692-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(23)00692-8)
- **Dellit, T.H., Owens, R.C., McGowan, J.E., Gerding, D.N., Weinstein, R.A., Burke, J.P., et al.** (2007). Infectious Diseases Society of America and the Society for Healthcare Epidemiology of America Guidelines for Developing an Institutional Program to Enhance Antimicrobial Stewardship. *Clinical Infectious Diseases* 44: 159–177. <https://academic.oup.com/cid/article/44/2/159/328413>. Accessed February 26, 2024
- **Fisher, M. C., Alastruey-Izquierdo, A., Berman, J., Bicanic, T., Bignell, E. M., Bowyer, P., Bromley, M., Brüggemann, R., Garber, G., Cornely, O. A., Gurr, S. J., Harrison, T. S., Kuijper, E., Rhodes, J., Sheppard, D. C., Warris, A., White, P. L., Xu, J., Zwaan, B., & Verweij, P. E.** (2022). Tackling the emerging threat of antifungal resistance to human health. *Nature Reviews Microbiology* 2022 20:9, 20(9), 557–571.
- **Fisher, M. C., Hawkins, N. J., Sanglard, D., & Gurr, S.J.** (2018). Worldwide emergence of resistance to antifungal drugs challenges human health and food security. *Science*, 360(6390), 739–742. <https://doi.org/10.1126/science.aap7999>
- **Hata, K.; Hori, T.; Miyazaki, M.; Watanabe, N.** In vitro and in vivo antifungal activities of E1211, a water-soluble prodrug of E1210, F1–1377. In *Proceedings of the Interscience Conference on Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, Chicago, IL, USA, 17–20 September 2011; ASM: Chicago, IL, USA, 2011.
- **Hawkins, N. J., Cools, H. J., Sierotzki, H., Shaw, M. W., Knogge, W., Kelly, S. L., Kelly, D. E., & Fraaije, B. A.** (2014). Paralog re-emergence: a novel, historically contingent mechanism in the evolution of antimicrobial resistance. *Molecular Biology and Evolution*, 31(7), 1793–1802.
- **Horianopoulos, L. C., Gluck-Thaler, E., Gelber, I. B., Cowen, L. E., Geddes-Mcalister, J., Landry, C. R., Schwartz, I. S., Scott, J. A., Sellam, A., Sheppard, D. C., Spribille, T., Subramaniam, R., Walker, A. K., & Gerstein, A. C.** (2021). The Canadian Fungal Research Network: current challenges and future opportunities. *Canadian Journal of Microbiology*, 67(1), 13–22. <https://doi.org/10.1139/CJM-2020-0263>
- **Kainz, K., Bauer, M. A., Madeo, F., & Carmona-Gutierrez, D.** (2020). Fungal infections in humans: the silent crisis. *Microbial Cell (Graz, Austria)*, 7(6), 143–145. <https://doi.org/10.15698/MIC2020.06.718>
- **Kelly, J. T., Jang, C., Zhu, Y., Long, S., Xing, J., Wang, S., Murphy, B. N., & Pye, H. O. T.** (2021). Predicting the Nonlinear Response of PM2.5 and Ozone to Precursor Emission Changes with a Response Surface Model. *Atmosphere*, 12(8). <https://doi.org/10.3390/ATMOS12081044>
- **Kim, J.H., Cheng, L.W., Chan, K.L., Tam, C.C., Mahoney, N., Friedman, M., et al.** (2020). Antifungal Drug Repurposing. *Antibiotics* 9: 812
- **Kleinkauf, N., Verweij, P. E., Arendrup, M. C., Donnelly, P. J., Cuenca-Estrella, M., Fraaije, B., Melchers, W. J. G., Adriaenssens, N., Kema, G. H. J., Ullmann, A., Bowyer, P., & Denning, D. W.** (n.d.). Risk assessment on the impact of environmental usage of triazoles on the development and spread of resistance to medical triazoles in *Aspergillus* species <https://doi.org/10.2900/76274>
- **Konopka, J. B., Casadevall, A., Taylor, J. W., Heitman, J., & Cowen, L.** (2019). One Health: Fungal Pathogens of Humans, Animals, and Plants.

- **Lammie, S. L., & Hughes, J. M.** (2016). Antimicrobial Resistance, Food Safety, and One Health: The Need for Convergence. Annual review of food science and technology, 7, 287–312. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-041715-033251>
- **Lucas, J. A., Hawkins, N. J., & Fraaije, B. A.** (2015). The evolution of fungicide resistance. Advances in Applied Microbiology, 90, 29–92.
- **McEwen, S. A., & Collignon, P. J.** (2018). Antimicrobial Resistance: a One Health Perspective. Microbiology spectrum, 6(2), 10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017>
- **Mesa, V. A. M., Marín, P. A., Ocampo, O., Calle, J., & Monsalve, Z.** (2019). Fungicidas a partir de extractos vegetales: una alternativa en el manejo integrado de hongos fitopatógenos. RIA. Revista de Investigaciones Agropecuarias, 45(1), 23–30. [fecha de Consulta 10 de Marzo de 2024]. ISSN: 0325-8718. Recuperado de: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86458941001>
- **Niels Kleinkauf** (2013). Risk assessment on the impact of environmental usage of triazoles on the development and spread of resistance to medical triazoles in Aspergillus species. Stockholm: ECDC; 2013. Stockholm: European Centre for Disease Control; 2013.
- **Oliver JD, Sibley GE, Beckmann N, Dobb KS, Slater MJ, McEntee L, du Pre S, Livermore J, Bromley MJ, Wiederhold NP, Hope WW, Kennedy AJ, Law D, Birch M.** (2016). F901318 represents a novel class of antifungal drug that inhibits dihydroorotate dehydrogenase. Proc Natl Acad Sci U S A 113:12809–12814.
- **Perlin, D. S.** (2011). Current perspectives on echinocandin class drugs. Future Microbiology, 6(4), 441–457.
- **Perlin, D. S., Rautemaa-Richardson, R., & Alastruey-Izquierdo, A.** (2017). The global problem of antifungal resistance: prevalence, mechanisms, and management. The Lancet Infectious Diseases, 17(12), e383–e392. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(17\)30316-X](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(17)30316-X)
- **Robbins, N., Caplan, T., & Cowen, L. E.** (2017). Molecular Evolution of Antifungal Drug Resistance. Annual Review of Microbiology, 71, 753–775. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV-MICRO-030117-020345>
- **Sood, M., Kapoor, D., Kumar, V., Sheteiw, M.S., Ramakrishnan, M., Landi, M., et al.** (2020). Trichoderma: The “Secrets” of a Multitalented Biocontrol Agent. Plants 9: 762. <https://www.mdpi.com/2223-7747/9/6/762>. Accessed February 26, 2024.
- **Spivak, E. S., & Hanson, K. E.** (2018). Candida auris: an Emerging Fungal Pathogen. Journal of Clinical Microbiology, 56(2).
- **Tsukahara, K.; Hata, K.; Nakamoto, K.; Sagane, K.; Watanabe, N.-A.; Kuromitsu, J.; Kai, J.; Tsuchiya, M.; Ohba, F.; Jigami, Y.; et al.** Medicinal genetics approach towards identifying the molecular target of a novel inhibitor of fungal cell wall assembly. Mol. Microbiol. 2003, 48, 1029–1042.
- **Villan Larios, D.C., Diaz Reyes, B.M., Pirovani, C.P., Loguercio, L.L., Santos, V.C., Góes-Neto, A., et al.** (2023). Exploring the Mycovirus Universe: Identification, Diversity, and Biotechnological Applications. JoF 9: 361. <https://www.mdpi.com/2309-608X/9/3/361>
- **Vitiello, A., Ferrara, F., Boccellino, M., Ponzo, A., Cimmino, C., Comberati, E., Zovi, A., Clemente, S., & Sabbatucci, M.** (2023). Antifungal Drug Resistance: An Emergent Health Threat. Biomedicines, 11(4), 1063. <https://doi.org/10.3390/BIOMEDICINES11041063>
- **Woods, M., McAlister, J. A., & Geddes-McAlister, J.** (2023). A One Health approach to overcoming fungal disease and antifungal resistance. WIREs Mechanisms of Disease, 15(4), e1610. <https://doi.org/10.1002/WSBM.1610>
- **Zahra Rashki Ghalehnoo 1, Ahmad Rashki, Mohsen Najimi, Angel Dominguez** (2010). The role of diclofenac sodium in the dimorphic transition in Candida albicans Microb Pathog. 2010 Mar-Apr;48(3-4):110-5.
-



VI REUNIÓN

Grupo de Docencia y Difusión
Sociedad Española de Microbiología

Burjassot, 11 y 12 de julio de 2024



COMITÉ ORGANIZADOR DE LA VI REUNIÓN DEL GRUPO DE DOCENCIA Y DIFUSIÓN DE LA MICROBIOLOGÍA (Y OTRAS ACTIVIDADES)

Departamento de Microbiología y Ecología. Universitat de València.

✉ micromon@uv.es

Con motivo del año de la Microbiología en Valencia, durante la segunda semana de julio de 2024, diferentes sedes de la Universitat de València (UV) acogieron actividades. Entre el 8 y el 11 de julio se celebró el XXVII Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología, promovido por la Sociedad Española de Microbiología (SEM), en el Jardín Botánico. Los días 11 y 12 de julio la actividad continuó en el Campus de Burjassot-Paterna, con la VI Reunión del Grupo de Docencia y Difusión de la Microbiología de la SEM (DDM-SEM). Ambos eventos se fundieron el 10 de julio, con la actividad divulgativa *Microbios en el Rectorado*. El objetivo global de las actividades realizadas fue la mejora en la docencia y la difusión de la Microbiología, tanto a nivel local como estatal, desde el público más general hasta el profesorado más especializado. En los actos participaron cerca de 400 personas.

Fue el 25 de mayo de 2024 cuando se inició el año de la Microbiología en València. El Jardín Botánico fue la sede de la I Matinal de Microbiología con la participación de Ignacio López-Goñi (Museo de Ciencias de la Universidad de Navarra, UN), Carmen Amaro (Departamento de Microbiología y Ecología de la Facultad de Biología de la UV) y Jéssica Gil-Serna (Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología de la Universidad Complutense de Madrid, UCM). La actividad fue coordinada por Belén Fouz y Sergi Maicas (Departamento de Microbiología y Ecología de la UV).

El 8 de julio de 2024 se inició el XXVII Curso de Iniciación a la Investigación en

Microbiología (XXVII CIIM) “Profesor Julio Rodríguez Villanueva” en el Jardín Botánico. En él participó alumnado con los 20 mejores expedientes en grados universitarios relacionados con el área de conocimiento, seleccionado por la comisión de Jóvenes Investigadores de la SEM (JISEM). El vicerrector de Investigación de la UV, Carlos Hermenegildo, inauguró el acto, que contó con ponencias magistrales impartidas por representantes de los diferentes grupos especializados de la SEM, visitas al Jardín Botánico y al Parque Científico de Burjassot-Paterna (Colección Española de Cultivos Tipo), así como otras actividades en el Colegio Mayor Rector Peset. El curso fue coordinado por Belén Fouz, Elena González-Biosca y Sergi Maicas.

Para acercar la Microbiología a la sociedad valenciana, la tarde del miércoles 10 de julio de 2024 se programó la actividad *Microbios en el Rectorado* en la que Jéssica Gil-Serna (UCM), Ignacio López-Goñi (UN), Manuel Sánchez Angulo (UMH) y David Peris Navarro (Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos- Consejo Superior de Investigaciones Científicas, CSIC) aportaron interesantes pinceladas al estudio del mundo microbiano.

La VI Reunión del Grupo de Docencia y Difusión de la Microbiología de la Sociedad Española de Microbiología (de manera simultánea a las I Jornadas de Docencia y Difusión de la Microbiología CEFIRE-CTEM), se realizó durante los días 11 y 12 de julio de 2024 (<http://www.congresoddm2024.org/>). La coordinación de la reunión la llevó el Grupo de Innovación Docente en Microbiología de

la UV y profesorado de las universidades Miguel Hernández (UMH) de Elche, Jaime I de Castelló (UJI) y Cardenal Herrera-CEU de València. El encuentro bienal tuvo como sede diferentes instalaciones del Campus de Burjassot-Paterna de la UV, centralizadas en la Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación.

Se reunieron más de 175 participantes (personal investigador, profesorado y estudiantado de universidad, y centros pre-universitarios) de España y Marruecos. En la jornada inaugural, se realizó la presentación de la reunión con la presencia de los presidentes de la Sociedad Española de Microbiología (Rafael Giraldo), Grupo de Docencia y Difusión de la Microbiología (Ignacio López-Goñi), alcalde de Burjassot (Rafael García García) y miembros del comité organizador.

Durante los dos días de la reunión se pudo disfrutar de seis mesas redondas, cinco talleres, 62 pósteres y una selección de nueve comunicaciones orales. La conferencia inaugural fue impartida por Kenneth N. Timmis (Technische Universität Braunschweig de Alemania). El primer día de la reunión se dedicó a la Docencia de la Microbiología en diferentes etapas educativas. La primera mesa redonda se centró en los contenidos de Microbiología incluidos en la enseñanza preuniversitaria. Con la coordinación de Margarita Ortigosa (IES Vicent Andrés Estellés) y Eva Camarero (CEFIRE-CTEM) y actuando como ponentes Mariano Sánchez (IES Benicalap de València), José Vallés (Colegio El Armelar de Paterna - València) y Isabel Fernández

Boan (IES Haygon y Universitat d'Alacant). Posteriormente, se tuvo la oportunidad de compartir el manejo de herramientas docentes en el nivel de grado universitario en la mesa moderada por María Francisca Colom (UMH) y Carmen Amaro (UV) en la que Inés Arana (Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea), María Dolors Vidal (Universidad de Castilla-La Mancha) y Fernando Santos (Universitat d'Alacant) nos ilustraron sobre sus actividades en aula. La tarde se dividió en dos bloques, uno conducido por M^a José Valderrama (UCM) y Rosa de Llanos (UJI) en el que también intervinieron M^a José Pérez-Álvarez (Universidade de Vigo) y Toni Gabaldón (Institute for Research in Biomedicine, Barcelona) para compartir actividades microbiológicas en sociedad. El otro bloque se dedicó a la reunión anual del grupo de DDM-SEM. Para concluir la jornada, se disfrutó del aperitivo de bienvenida gracias al patrocinio de la empresa biotecnológica Microomics, las bodegas Vega Tolosa y el Ayuntamiento de Burjassot.

La jornada del día 12 de julio se centró en la comunicación de la Microbiología. La primera mesa redonda se enfocó a las estrategias de comunicación de la Ciencia, moderada por Manuel Sánchez Angulo

(UMH) y Begonya Vicedo (UJI) con la participación de Elisa Pérez (INIA-Centro de Investigación en Sanidad Animal- CSIC), Daniel Ramón (Archer Daniel Midlands, Paterna) y Raúl Rivas (Universidad de Salamanca). La segunda se centró en los Objetivos de Desarrollo Sostenible en Microbiología, conducida por Elena G. Biosca (UV) y Toni Camacho (UV) en la que intervinieron Fernando Valladares (Museo Nacional de Ciencias Naturales-Consejo Superior de Investigaciones Científicas), Eugenio Llorens (UJI) y Belén Álvarez (Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario). La sesión concluyó con la mesa de Comunicación de la Ciencia a la Sociedad, preparada por Soledad Rubio (Unidad de Cultura Científica (UV) y Hortensia Rico (UV) en la que intervinieron como ponentes Magdalena Martínez Cañamero (Directora de SEM@foro), Jéssica Gil Serna (Directora de Noticia SEM) y Asunción de los Ríos (ex-Editora de International Microbiology).

La tarde se completó con cuatro talleres sobre Microbiología: **Gamificación en Microbiología**: laboratorio virtual para la búsqueda de cepas bacterianas productoras de antibióticos y el juego cooperativo Micro-Combat, impartido por David Miña-

na (Universitat de Barcelona), **Superbugs**, coordinado por María Teresa Pérez Gracia y Antonio Tarín Pelló (CEU-Universidad Cardenal Herrera), **Bacterfield**, dirigido por Isabel Franco Castillo y Elena Atrián Blasco (Instituto de Nanociencia y Materiales de Aragón), y Pokédex bacteriana impartido por el Dr. Rubén Salvador-Clavell (UV) y Aprende con Danio, coordinado por la Dra. María Jesús Molina Cimadevila. La coordinación global de los talleres la efectuaron M^a Teresa Pérez-Gracia (CEU-Universidad Cardenal Herrera) y José Juan Mateo (UV). La ponencia de clausura estuvo a cargo de Bruno González Zorn (UCM).

Estas actividades contaron con la colaboración del Ayuntamiento de Burjassot, el CEFIRE-CTEM, el Rectorado de la UV, la Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación, el Jardín Botánico, la Colección Española de Cultivos Tipo, la Unidad de Cultura Científica de la UV y diferentes empresas patrocinadoras (Microomics, Exclusivas Pascual y Furió, Fisher Scientific, Bodegas Vega Tolosa y Guadalmezán).

Para todo el comité organizador fue un placer haber compartido todas estas actividades con el Grupo DDM-SEM y el resto de personas participantes. ¡Hasta la próxima!

XXVII CIIM



Entrega de diplomas de asistencia al alumnado participante en el XXVII Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología (XXVII CIIM) Profesor Julio Rodríguez Villanueva.



Conferencia en el XXVII Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología (XXVII CIIM) Profesor Julio Rodríguez Villanueva.

Conferencia “Microbios en el rectorado”



Conferencia en el Rectorado de la Universitat de València.

VI Reunión del Grupo DDM-SEM



Acto de apertura.



Conferencia inaugural (Kenneth N. Timmis).



Comité organizador.



Talleres de Microbiología.



Entrega de premios a las mejores comunicaciones.



Mesa redonda.

Foto de grupo. VI Reunión del Grupo de Docencia y Difusión de la Microbiología, Valencia 2024.



12th European Workshop on the Biology of Cyanobacteria-EWBC 2024

ALICIA M. MURO PASTOR

IBVF (CSIC y Universidad de Sevilla).

✉ alicia@ibvf.csic.es



Figura 1. Foto de familia de los participantes en el hall del hotel Al-Ándalus Palace, sede de las sesiones científicas del workshop.

Organizado por varios investigadores del Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis (CSIC-Universidad de Sevilla) y la Universidad de Zaragoza, se celebró en Sevilla entre los días 3 y 6 de septiembre de 2024 el 12th European Workshop on the Biology of Cyanobacteria. Esta serie de encuentros, cuyo inicio se remonta a 1990, se ha celebrado en distintos emplazamientos europeos a lo largo de más de tres décadas y esta es la segunda vez que tenemos el honor de organizar el *workshop* en Sevilla.

El evento reunió a 240 participantes procedentes no sólo de Europa sino también de Estados Unidos, Canadá o Japón (Figura 1).

A lo largo de tres días de trabajo, en los que se alternaron presentaciones orales, conferencias invitadas y sesiones de presentación de paneles, se discutieron los avances más recientes en el ámbito de la biología de las cianobacterias, organizados en cinco bloques temáticos dedicados a distintos aspectos de la biología

de estos microorganismos fotosintéticos, desde la bioenergética a la diferenciación celular pasando por la biotecnología o las interacciones con el medio ambiente. Asimismo, los participantes tuvieron ocasión de intercambiar experiencias y establecer colaboraciones en el marco de un programa social que incluyó una visita privada al Real Alcázar de Sevilla, una ocasión única de disfrutar de este espacio habitualmente sometido a una enorme presión turística.



Figura 2. Investigadores jóvenes cuya participación en el workshop ha sido financiada por un Meeting Organizer Grant de FEMS.

Desde el comité organizador queremos agradecer la contribución de FEMS a la celebración de este evento. No es la primera vez que esta serie de workshops cuenta con el apoyo de FEMS, que en esta ocasión ha contribuido generosamente a través de un *Meeting Organizer Grant* (MOG). En cumplimiento de la filosofía de estas ayudas, que pretenden fomentar la participación de los microbiólogos más jóvenes en even-

tos de relevancia internacional, los fondos proporcionados por FEMS cubrieron la inscripción de 22 *Early Career Scientists*, socios de alguna de las sociedades miembros de FEMS y procedentes de 10 países diferentes (Figura 2).

El *workshop* contó también con el patrocinio del VII Plan Propio de la Universidad de Sevilla, Agrisera Antibodies

(<https://www.agrisera.com>, que patrocinó un premio para uno de los mejores pósters), Allgenetics (<https://www.allgenetics.eu>), Applied Microbiology International (<https://appliedmicrobiology.org>), C. Viral y STABvida (<https://www.stabvida.com/es>). A todos ellos agradecemos su contribución al fantástico desarrollo de esta reunión, al igual que a Viajes El Corte Inglés, responsable de la secretaría técnica.



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

**MARTHA E. TRUJILLO, MAITE ORTÚZAR, RAÚL RIESCO, ANDRÉS ALONSO, VÍCTOR FORMARIZ,
MARTA GONZÁLEZ-HERNÁNDEZ, ARIANA REINA-HIDALGO, JHON A. SUESCÚN-SEPÚLVEDA**

Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España.

✉ maiteortuzar@usal.es



Imagen de los asistentes a la XX Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad, en el Claustro del Colegio Arzobispo Fonseca, en Salamanca.

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

por la relevancia de los expertos que se dieron cita.

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

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

El programa del congreso estuvo compuesto por presentaciones orales y pósters científicos, abarcando una gran variedad de



Visita cultural a la Ciudad de Salamanca durante la celebración de XX Taxon.

temas. Además de las sesiones científicas, el congreso ofreció amplias oportunidades para el intercambio de ideas y la creación de nuevas redes de colaboración. Durante los tres días del evento, los asistentes, especialmente los más jóvenes, pudieron participar en sesiones de networking y reuniones con expertos en sus áreas de investigación. Este espacio fue fundamental para el establecimiento de colaboraciones internacionales y para el desarrollo de proyectos conjuntos.

Uno de los puntos culminantes de este congreso fue la colaboración de miembros del Bergey's Manual Trust, una organización creada en 1936 para financiar la publicación del Bergey's Manual Systematics of Archaea and Bacteria y otras obras de referencia complementarias, y también, reconocer a las personas que han hecho contribuciones sobresalientes a la taxonomía bacteriana. El apoyo del Bergey's Trust añadió un valor significativo a la reunión, reforzando la importancia de la taxonomía microbiana dentro del marco general del congreso. Su participación no solo aportó prestigio al evento, sino que también generó importan-

tes debates en torno a los desafíos actuales en la clasificación y nomenclatura de los microorganismos, temas de vital importancia para disciplinas como la microbiología, la medicina y la biotecnología.

Uno de los momentos más relevantes y esperados del congreso fue la mesa redonda dedicada a la problemática de la coexistencia de dos códigos para la nomenclatura de procariontes (Código Internacional de Nomenclatura para Organismos Procariontes (ICNP) y el SeqCode), un tema que ha cobrado gran importancia y genera un creciente debate. En esta sesión, un grupo de destacados expertos implicados en la elaboración y supervisión de ambos códigos, debatió sobre su posible coexistencia, su uso actual y las incompatibilidades que presentan. El debate, extraordinariamente constructivo, se centró en los retos y oportunidades que esta dualidad presenta para la comunidad científica. Se discutieron los problemas que pueden surgir al utilizar sistemas paralelos de nomenclatura, así como las posibles soluciones para unificar los criterios de clasificación, un tema crítico para la sistemática actual. Este tema ha

sido objeto de creciente discusión en los últimos años, ya que la clasificación precisa y estandarizada de los procariontes es esencial no solo para la microbiología, sino también para disciplinas relacionadas como la industria, la biotecnología y la medicina. Este debate fue uno de los más intensos y enriquecedores del congreso, dejando claro que la comunidad científica está comprometida en encontrar soluciones prácticas a este desafío. Al finalizar la discusión, se sugirieron posibles líneas de trabajo y futuras colaboraciones para seguir avanzando en la resolución del problema.

El Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad de la Sociedad Española de Microbiología otorgó en este congreso su prestigioso premio bianual a la mejor Tesis Doctoral al Dr. Francisco Salvà-Serra de la Universitat de les Illes Balears, en reconocimiento a su sobresaliente contribución al campo de la microbiología. La tesis galardonada, titulada "Bacterial whole genome sequencing for establishment of reference sequences, comparative genomics, biomarker discovery and characterization of novel taxa", ha supuesto un avance significativo en la



Imágenes del Congreso XX TAXON: interacción de los asistentes durante la sesión de posters, sesión de "networking", mesa redonda e inauguración del Congreso.

comprensión de la diversidad y taxonomía bacteriana. El Dr. Salvà-Serra utilizó metodologías de secuenciación de ADN de última generación para caracterizar genomas completos de varios grupos bacterianos, incluyendo *Stutzerimonas balearica*, con su capacidad de degradar compuestos aromáticos, el género *Streptococcus*, que incluye tanto comensales como patógenos humanos importantes, y la familia *Enterobacteriaceae*. Su investigación no solo permitió identificar nuevas especies bacterianas, como *Scandinavium goeteborgense*, sino que también desarrolló métodos para mejorar la identificación y clasificación de patógenos mediante marcadores genéticos específicos. Este trabajo destaca la importancia de los controles de calidad en la secuenciación de genomas y demuestra cómo los avances tecnológicos están revolucionando la microbiología, abriendo nuevas posibilidades para estudios y aplicaciones futuras.

La reunión del grupo fue también un foro para los jóvenes investigadores, donde estudiantes de doctorado y postdoctorado pudieron presentar sus trabajos y recibir retroalimentación directa de investigadores senior. Este tipo de iniciativas refuerzan el papel de las reuniones del Grupo de

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

El éxito del Congreso XX TAXON subraya la importancia de estos encuentros para el avance de la ciencia taxonómica y sistemática. Los organizadores expresaron su satisfacción con la alta calidad de las

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

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

XIV Reunión del Grupo Especializado de Microbiología Molecular

RAÚL FERNANDEZ LÓPEZ, M^A PILAR GARCILLÁN, YELINA ORTIZ, SANTIAGO REDONDO, MARTA ROBLEDÓ, FÉLIX J. SANGARI

Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria (IBBTEC).

✉ maria.garcillan@unican.es

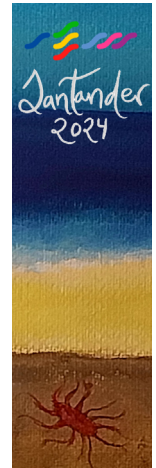


Foto de grupo de los asistentes a la XIV Reunión del Grupo de Microbiología Molecular, Santander 2024.

Entre los días 17 y 19 de junio se celebró en Santander la XIV Reunión del Grupo Especializado de Microbiología Molecular de la SEM, organizada por investigadores del Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria (IBBTEC). En esta ocasión, contamos con la participación de un total de 174 investigadores. Como viene siendo habitual en estas reuniones, se favoreció la participación de investigadores jóvenes mediante una cuota reducida para estudiantes predoctorales, que sumaron un total de 84 participantes, algo más de la mitad de los asistentes al congreso.

El lugar elegido para celebrar la reunión fue el Hotel Santemar, junto a las playas

del Sardinero, que brindó a los asistentes un entorno ideal para intercambiar ideas, conocer las líneas de investigación que se están desarrollando en los distintos centros de nuestro país y fomentar nuevas colaboraciones científicas. La sesión inaugural fue presidida por Matxalen Llosa, Vicerrectora de Internacionalización de la Universidad de Cantabria, Rafael Giraldo, Presidente de la SEM, Alicia Muro Pastor, Presidenta del Grupo Especializado de Microbiología Molecular y Raúl Fernández López, del comité organizador. La conferencia de apertura de la reunión fue impartida por Álvaro Sánchez, investigador del Instituto de Biología Funcional y Genómica de Salamanca, y llevó por título

Predicting the function of synthetic microbial communities. En su charla, Álvaro mostró la importancia capital que las comunidades microbianas tienen en la microbiología contemporánea, y cómo las herramientas de biología computacional pueden ayudarnos a desentrañar los principios que las gobiernan.

La Reunión contó con 134 comunicaciones presentadas en formato póster que fueron visitadas por los asistentes a lo largo de cinco sesiones, una de ellas acompañada de cervezas y refrescos como es ya tradición en las reuniones del grupo. Además, 49 de las comunicaciones fueron presentadas también en formato de charla



Asistentes en la sesión de posters (panel superior) y participantes premiados por mejores comunicaciones (panel inferior).

corta, repartidas en ocho sesiones temáticas que versaron sobre temas tan variados como la estructura de las comunidades microbianas, la resistencia a los antimicrobianos, la biología molecular de los elementos genéticos móviles o los avances en el estudio de los mecanismos de virulencia. Se otorgaron un total de 6 premios a las mejores comunicaciones, tres en formato de póster y otras tres en formato de comunicación oral. Los premiados a las mejores comunicaciones en póster fueron Andrea Fernández Gómez (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria), Gloria Carruana Salas (Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana) y Paula Ramiro Martínez (Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria). Las tres mejores comunicaciones orales fueron las de María

Juanpere Borrás (Wageningen University), Jorge Díaz Rullo (Centro de Astrobiología) y Carlos Sobejano de la Merced (Centro de Investigación Biomédica Aplicada). La organización agradece especialmente al panel de jurados independientes que se hizo cargo de la difícil tarea de seleccionar a los premiados, especialmente en una edición que contó con un altísimo nivel de participación y de calidad.

Además de los premios a las mejores comunicaciones, dotados con 200 euros cada uno, en la Reunión se hizo también entrega de los Premios Josep Casadesús 2024, que el Grupo de Microbiología Molecular otorga a las mejores publicaciones realizadas en los dos últimos años por alguno de sus miembros. En esta ocasión los galardones recayeron en Javier

de la Fuente Hidalgo y Sara Hernando Amado, ambos investigadores del Centro Nacional de Biotecnología. Como viene siendo habitual, los ganadores del premio pudieron compartir sus trabajos en sendas conferencias que tuvieron lugar durante la sesión de clausura.

La Reunión concluyó con la Asamblea del Grupo de Microbiología Molecular de la SEM, en la que además de discutir distintos aspectos sobre las actividades del grupo, se acordó que la próxima reunión se celebrará en Valencia en 2026, corriendo la organización a cargo de Juan José Queda Torres y Nuria Quiles Puchalt, ambos de la Universidad Cardenal Herrera-CEU, así como de María Ángeles Tormo Mas, del Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, a los que todos los socios presentes en la asamblea agradecieron su disponibilidad para prestar este servicio.

Además de las intensas sesiones científicas, el programa social de la Reunión contó con un cocktail de bienvenida en el Hotel Santamar, patrocinado por el Ayuntamiento de Santander a través de Santander Convention Bureau, una visita guiada a Santillana del Mar y una cena de clausura en la terraza del Hotel Bahía, junto a la bahía de Santander. Para este comité organizador ha sido un enorme placer contribuir a la celebración de esta reunión, cuyo éxito no habría sido posible sin la ayuda inestimable de nuestros voluntarios locales, los moderadores de las sesiones, la Junta Directiva del Grupo de Microbiología Molecular y Viajes El Corte Inglés, a cargo de la secretaria técnica. Gracias a todos los asistentes por participar de una manera entusiasta en la reunión y ¡esperamos volver a verlos a todos en Valencia!

SEM@foro: IX Congreso Nacional de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'24)

FRANCISCO JAVIER RUIZ-DUEÑAS

Grupo de Biotecnología para la Biomasa Lignocelulósica, Departamento de Biotecnología, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC), Madrid.

✉ fjruiz@cib.csic.es



Participantes en el IX Congreso Nacional de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'24) celebrado en Madrid.

Del 10 al 12 de junio de 2024 se celebró en Madrid la novena edición del Congreso Nacional de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana (CMIBM'24). Esta nueva edición se organizó desde el Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC) y desde la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Complutense de Madrid (UCM) en nombre del grupo especializado de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana de la SEM.

El evento tuvo lugar en la Facultad de Ciencias Físicas de la UCM ubicada en la Ciudad Universitaria de Madrid. El acto inaugural estuvo presidido por el Presidente de la SEM (Dr. Rafael Giraldo), el Vicedecano de

la Facultad de Ciencias Físicas de la UCM (Dr. Julio Serna), el Presidente del Grupo de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana de la SEM (Dr. A. Gerardo Pisabarro) y el Presidente del Comité Organizador (Dr. Francisco Javier Ruiz-Dueñas).

Como en las ocho ediciones anteriores, el congreso tuvo como objetivo principal proporcionar un foro de debate en el que científicos consolidados y jóvenes investigadores pudieran intercambiar conocimientos, experiencias y nuevas ideas en diferentes ámbitos de la Microbiología Industrial y la Biotecnología Microbiana. Este objetivo se cumplió con creces, como lo demuestra la buena acogida de esta nueva edición, con la asistencia de ciento

cuarenta y dos investigadores de cuarenta y cinco entidades diferentes, incluyendo veinte universidades, quince institutos y centros de investigación, seis empresas, dos centros tecnológicos, un instituto politécnico y un hospital, no solo de España, sino también de Colombia, Perú, Chile y Méjico. En definitiva, se generó el ambiente adecuado para que los participantes tuvieran la oportunidad de hacer nuevos contactos de los que seguro surgirán colaboraciones y proyectos en temas de vanguardia en el campo de la Biotecnología Microbiana.

El congreso estuvo estructurado en cinco sesiones que cubrieron una amplia variedad de temas. En estas cinco sesiones



Mesa inaugural del Congreso. de izqda. a dcha.: A. Gerardo Pisabarro, Presidente del Grupo de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana de la SEM, Julio Serna, Vicedecano de la Facultad de Ciencias Físicas de la UCM (sede del congreso), F. Javier Ruiz-Dueñas, Presidente del Comité Organizador del CMIBM'24 y Rafael Giraldo, Presidente de la SEM.

catorce de ellas como comunicaciones orales cortas, lo que da una idea del protagonismo que tuvo este colectivo en el congreso. La alta calidad de las comunicaciones presentadas por todos los participantes fue la clave del éxito científico de este congreso, destacando las conferencias inaugural y de clausura de dos científicos de referencia a nivel internacional: el Dr. Víctor de Lorenzo (CNB-CSIC) que habló sobre “La factoría celular por dentro: de la analogía a la metodología”, y la Dra. Amparo Querol (IATA-CSIC) con su ponencia “Descifrando los secretos del vino: análisis multiómico y modelado del metabolismo de levaduras del género *Saccharomyces*”.

Mención aparte merece el cariñoso acto de reconocimiento ofrecido a la Dra. María Jesús Martínez (CIB-CSIC), tanto por su carrera científica y logros profesionales como por su labor de gestión durante muchos años en la SEM. La Dra. Martínez nos presentó sus estudios sobre “Hidrolasas fúngicas para el aprovechamiento de la biomasa vegetal y el desarrollo de bioprocesos sostenibles”.

Como de bien nacido es ser agradecido, quiero dar las gracias a todas las instituciones que, de un modo u otro, posibilitaron

se presentó una muestra de los últimos avances en los campos de la Biotecnología Sintética y Computacional, Biotecnología Farmacéutica, Biotecnología Ambiental, Biocatálisis y Bioprocesos, y Biotecnología de Alimentos. Cada una de ellas contó con dos/tres ponentes senior invitados, cuatro conferenciantes seleccionados entre los

participantes que enviaron sus comunicaciones al congreso, y un buen número de pósteres. En total, se presentaron ciento cinco comunicaciones, incluyendo once ponencias, veinte comunicaciones cortas y setenta y dos pósteres. De las ciento cinco comunicaciones, sesenta y tres fueron presentadas por jóvenes investigadores,



Andrea Martínez-Cazorla en un momento de su presentación en la sesión de Biotecnología Ambiental (arriba a la izqda.), y entrega de premios por parte del presidente del comité organizador a tres de los nueve jóvenes investigadores galardonados en el congreso CMIBM'24: Alba Amaro da Cruz (abajo a la izqda.), galardonada con uno de los dos premios a la mejor comunicación oral, y Pablo Aza (arriba a la dcha.) y Carlos Murguiondo (abajo a la dcha.), galardonados con los dos premios concedidos al mejor póster en la sesión de Biocatálisis y Bioprocesos.



Daniel Ramón (arriba a la izquierda), Elvira Romero (arriba a la derecha), María Jesús Martínez (abajo a la izquierda) y Marina Guillén (abajo a la derecha) durante la presentación de sus comunicaciones.

la celebración de este congreso, entre las que se incluyen la Sociedad Española de Microbiología y su Grupo Especializado de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana, el Consejo Superior de Investigaciones Científicas, la Universidad Complutense y el Ayuntamiento de Madrid, que amablemente nos cedió el Patio de Cristales de la Casa de la Villa para la recepción de bienvenida. Doy también las gracias a la Federación Europea de Sociedades de Microbiología (FEMS), que contribuyó con una ayuda destinada a promover la participación de los investigadores más jóvenes, y nos permitió conceder veintiocho becas para cubrir su inscripción (el 44% de los

estudiantes de doctorado asistieron de forma gratuita). Igualmente, quiero expresar mi agradecimiento a los miembros del Comité Científico y Comité Organizador, y por supuesto a todos los participantes por presentar sus trabajos de investigación más recientes. Finalmente, agradecer también el patrocinio de las empresas que colaboraron económicamente para que este congreso se pudiera llevar a cabo.

Por último, esperamos haber cumplido con las expectativas de todos los participantes y os emplazamos a la próxima edición de este congreso que se celebrará en Pamplona en 2026.

Toda la información sobre esta edición se puede encontrar en el libro de resúmenes proporcionado a los participantes, que se encuentra accesible a través de la página web del congreso:

<https://www.cmibm2024.es/>

Francisco Javier Ruiz-Dueñas
Presidente del comité organizador



IX CONGRESO NACIONAL DE MICROBIOLOGÍA INDUSTRIAL Y BIOTECNOLOGÍA MICROBIANA



10 · 12 JUNIO 2024
MADRID

XXIII Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos

**ALFREDO PALOP GÓMEZ (Vicepresidente del Comité Organizador)
Y PABLO FERNÁNDEZ ESCÁMEZ (Presidente del Comité)**

Departamento de Ingeniería Agronómica. Universidad Politécnica de Cartagena.

✉ alfredo.palop@upct.es | pablo.fernandez@upct.es



Foto 1. Sesión inaugural del XXIII Congreso del grupo de Microbiología de los alimentos de la SEM.

Se ha celebrado en Cartagena, desde el 9 al 12 de septiembre, la vigesimotercera edición del Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos de la SEM. En esta ocasión, ha sido organizado por investigadores de la Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica de la Universidad Politécnica de Cartagena, en cuyas instalaciones se ha celebrado.

El congreso fue inaugurado por el Rector de la Universidad Politécnica de Cartagena, Mathieu Kessler, contando con la participación de autoridades de la Región, así como con Gonzalo García de Fernando (Presidente del Grupo especializado de

Microbiología de los Alimentos) y Pablo Fernández (Presidente del Comité Organizador). La conferencia inaugural fue impartida por el profesor **Marcel Zwietering**, de Wageningen University and Research en Países Bajos, y versó sobre *Los doce placeres de la ciencia*.

El evento ha contado con la participación de 115 investigadores, procedentes de toda España y del extranjero. Al igual que en ediciones anteriores, el objetivo del congreso ha sido servir de lugar de encuentro e intercambio de ideas de los temas que aborda la microbiología de los alimentos. Ha tenido especial relevancia la

participación de jóvenes investigadores, que se han incorporado recientemente a nuestro grupo especializado y que han contribuido, junto al resto de asistentes, al excelente ambiente científico y personal que existe en estas reuniones.

El programa se ha estructurado en seis sesiones, que han contado con la participación de doce ponentes invitados, una mesa redonda, además de 38 comunicaciones orales y 44 pósters. La primera sesión, titulada **Microbiota en la cadena alimentaria y sus aplicaciones biotecnológicas**, contó con la participación del profesor **Paul Cotter**, responsable de

Food Bioscience en Teagasc, Irlanda, quien nos habló de *Next-generation food microbiome research*, y de **Lorena Ruiz**, científica titular del Instituto de Productos Lácteos de Asturias del CSIC, cuya ponencia trató sobre *Oportunidades basadas en microbiomas para valorizar subproductos agroalimentarios*. La segunda sesión versó sobre **Resistencia a antimicrobianos y relevancia en los alimentos**. Los ponentes de esta sesión fueron el profesor **Kimón Andreas Karatzas**, de la Universidad de Reading, en el Reino Unido, con su charla sobre *Synergistic effects, a major ally in food processing*, y el profesor **Avelino Álvarez Ordóñez**, de la Universidad de León, quien nos habló sobre *el Resistoma de los alimentos y ambientes asociados*. En la tercera sesión, titulada **Consortios microbianos en bebidas y alimentos fermentados**, participaron **Patricia Taillandier**, profesora de la Universidad de Toulouse, con su ponencia sobre *Kombucha: an example of symbiotic microbial culture with many potential* y **Amparo Querol Simón**, profesora de investigación del Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos del CSIC, que nos habló sobre *Diversidad de estrategias competitivas en levaduras Saccharomyces cerevisiae durante la fermentación*. La cuarta sesión, de título **Nuevas tecnologías aplicables en la industria alimentaria. Tecnologías de conservación y aplicación de la inteligencia artificial**,



Foto 2. Sesión en el XXIII Congreso del grupo de Microbiología de los alimentos de la SEM.

estuvo protagonizada por María Lavilla, investigadora del Centro de Investigación Marina y Alimentaria AZTI, con su ponencia sobre *¿Enemigos o amigos? Los fagos como aliados en la mejora de la seguridad alimentaria*, y por Marilena Dimitrakopoulou de la compañía griega Agroknow, con la ponencia titulada *Unlocking the mystery: what lies behind mycotoxin presence in animal food?* En quinto lugar, se celebró la sesión titulada **Riesgos biológicos alimentarios y modelización predictiva**, con la ponencia *Biofilms en superficies en contacto con alimentos: lecciones aprendi-*

das y estrategias futuras para su control por parte de **Belén Orgaz Martín**, profesora de la Universidad Complutense de Madrid y *Estrategias digitales para la mejora de la calidad y seguridad microbiológica de productos del Mediterráneo*, impartida por el profesor **Antonio Valero Díaz**, de la Universidad de Córdoba. En la sexta y última sesión, **Probióticos y microbiota intestinal**, participaron **Alejandra Flor Duro**, investigadora del Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos del CSIC con su ponencia titulada *El papel de los probióticos y postbióticos en la modulación de los*



Foto 3. Foto de grupo de los asistentes al XXIII Congreso del grupo de Microbiología de los alimentos de la SEM.



Foto 4. Visita a la empresa Ricardo Fuentes.



Foto 5. Visita turística al puerto de Cartagena en el catamarán.



Foto 6. Entrega de premios al mejor joven investigador, mejores tesis doctorales durante el periodo 2022-2023 y mejor póster.

trastornos alimentarios y **Antonia Picón Gálvez**, investigadora del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria del CSIC, que presentó *La colección de microorganismos con potencial probiótico del INIA y su aplicación en alimentos*. Finalmente, el último día del congreso y previo a la entrega de premios y clausura del mismo, se celebró una **mesa redonda** titulada *Los nuevos retos de la microbiología alimentaria en la industria. Cambio climático y sostenibilidad*, moderada por el profesor de investigación Antonio Martínez López, del Instituto Agroquímica y Tecnología de Alimentos del CSIC. Dicha mesa redonda pretendía ser una puesta en común de los puntos de vista de la industria alimentaria, la administración y los centros de investigación y, para ello, contó con la participación de **Ana María Sánchez Cánovas**, técnico responsable del laboratorio de microbiología de la Consejería de Salud de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia, **Pilar Truchado Gambao**, investigadora del Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura del

CSIC, **Paloma Sánchez Vázquez de Prada** jefa del área de gestión de riesgos biológicos de la Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición y **Pedro Francisco Olivares Sánchez**, responsable veterinario de la empresa ELPOZO Alimentación. Toda la información se encuentra disponible en la web del congreso (<https://xxiiicma2024.es/>). En el marco de la reunión tuvo también lugar la Asamblea del Grupo de Microbiología de los Alimentos de la SEM.

Queremos dar las gracias a todas las instituciones que han permitido la celebración de este congreso: la Sociedad Española de Microbiología y el Grupo Especializado de Microbiología de los Alimentos, la Universidad Politécnica de Cartagena, la Fundación SENECA de la CARM y la Federación Europea de Sociedades de Microbiología (FEMS), cuya ayuda ha permitido promover la asistencia de jóvenes investigadores, que han recibido treinta becas en total. Agradecemos la participación de las empresas que han colaborado, entre ellas a *Microomics*, que montó un stand para explicar y

mostrar sus productos y sus servicios, y a *Proquilab*, a la empresa *Ricardo Fuentes*, que nos ofreció una visita a sus instalaciones, y a Cartagena Puerto de Culturas que organizó para los asistentes una visita guiada por el Teatro Romano y por el centro histórico de Cartagena y también una visita en catamarán por el puerto de Cartagena. También agradecemos a los miembros de los Comités Científico y Organizador por su trabajo, así como a todos los asistentes.

Confiamos en haber cumplido las expectativas depositadas en nuestro grupo como organizadores y esperamos veros en la próxima edición del congreso, que se celebrará en **Asturias en 2026**.





Grupo Especializado de Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación

ANA M GARCÍA

Presidenta del Grupo

Universidad Politécnica de Madrid. Escuela Técnica Superior de Ingenieros Industriales. c/ José Gutiérrez Abascal 2, 28006 Madrid.

✉ ana.garcia.ruiz@upm.es

Es un enorme placer para mí, como Presidenta, presentar este número especial de SEM@foro dedicado al Grupo Especializado de Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación de la SEM.

Nuestro Grupo se constituyó oficialmente hace ya 35 años en el Salón de la Cámara de Comercio e Industria de Madrid, bajo la presidencia del Dr. César Nombela, por entonces Presidente de la SEM, y la Dra. Joan Kelly, Secretaria de lo que hoy es la IBBS, *International Biodeterioration and Biodegradation Society*, y tuvo como primer Presidente al Profesor Fernando Laborda. Posteriormente el Grupo ha sido presidido por Felipe Montero (2000-2004), Diego A. Moreno (2005-2009) y Asunción de los Ríos (2010-2018).

El Grupo comenzó centrándose en el área del Biodeterioro, e incluía distintos grupos de investigación españoles dedicados a esta materia. De ahí que su primera actividad fuese la organización de una mesa redonda sobre Biodeterioro en el XII Congreso Nacional de Microbiología, celebrado en Pamplona en Septiembre de 1989. Los avances en el estudio de las interacciones entre los microorganismos y los materiales hicieron crecer y ampliar las líneas de investigación del Grupo, que pasó a denominarse Grupo de Biodeterioro y Biodegradación

y más tarde Grupo de Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación (Grupo BBB).

En la actualidad el Grupo está formado por 101 miembros de los cuales 8 son eméritos y 11 estudiantes. La proporción entre hombres y mujeres es casi del 50%: 53 hombres y 48 mujeres. La mayoría de nuestros socios desarrollan su actividad en la Universidad, 16 de ellos pertenecen al CSIC, 2 trabajan en institutos de investigación y 4 en empresas privadas. Los miembros del Grupo BBB se integran en grupos de investigación fuertemente consolidados, con dilatada experiencia y reconocidos a nivel nacional e internacional. La mayoría de los socios mantiene estrechas relaciones con el sector industrial y sus grupos de investigación trabajan con empresas buscando el retorno de sus investigaciones para el beneficio medioambiental, económico y social en el contexto de una economía circular, presente de forma implícita en diversos objetivos de desarrollo sostenible.

Desde su origen, el Grupo ha participado activamente en los Congresos de la SEM y ha organizado Mesas Redondas en el ámbito de sus áreas temáticas, aportando ponentes de reconocido prestigio nacional e internacional. Estos eventos proporcionan un punto de encuentro para nuestros

socios, quienes asisten de manera regular a los mismos y a los que agradezco enormemente su participación y contribuciones. Las pausas para el café, las comidas, la exposición de posters, así como las actividades sociales que se desarrollan brindan la oportunidad de continuar con el debate generado durante las presentaciones orales en un ambiente más distendido. En los Congresos de la SEM, el Grupo BBB concede un Premio a la mejor comunicación de entre las presentadas en el ámbito del Biodeterioro, la Biodegradación y la Biorremediación, que en los últimos años se ha destinado a jóvenes investigadores del área. Inicialmente, este premio era patrocinado por Iberdrola y posteriormente y hasta 2021 pasó a ser financiado por THOR Especialidades.

En sus inicios el Grupo organizaba congresos internacionales bianuales en alternancia con los Congresos de la SEM, que canceló temporalmente para continuar con la participación más activa en la organización de mesas redondas de temática *ad hoc* en los Congresos Nacionales. Esta actividad de carácter internacional se ha retomado hace algunos años y en marzo de 2017 se celebró en Granada la primera edición del International Meeting on New Strategies in Bioremediation Processes (BioRemid 2017) cuyo éxito ha propicia-

do la celebración de otras dos ediciones en Portugal (BioRemid 2019) y Suiza (BioRemid 2023). La próxima edición de este congreso internacional será en Italia en 2026. En estas reuniones internacionales el Grupo también otorga un Premio a la mejor contribución entre las presentadas por jóvenes investigadores.

Las relaciones del Grupo BBB a nivel internacional también se ven fomentadas por la interacción con la IBBS. Los Presidentes del Grupo han formado parte de la Junta Directiva de la Sociedad entre 1994 y 2021 y participan activamente en sus actividades y en la organización de sus congresos internacionales.

Durante estos años se han sucedido varias Juntas Directivas, que nos han representado de manera excelente en diversos foros, incluyendo reuniones a nivel nacional e internacional de la especialidad, y desde estas líneas quiero agradecer a todos sus miembros su esfuerzo y dedicación, muy especialmente a sus Presidentes.

Este número especial incluye las contribuciones de 11 grupos de investigación, algunos de los cuales participaron en los números de SEM@foro de diciembre de 2013 y 2018 dedicados al Grupo BBB, y nos ilustran con sus líneas de investigación, intereses actuales, proyectos en marcha y logros más recientes.

Se presentan trabajos que van desde la investigación básica en el campo de la

biodegradación y biorremediación de diversos tipos de contaminantes hasta el desarrollo de estrategias basadas en la naturaleza como alternativas seguras, fiables y sostenibles para la descontaminación de suelos y aguas.

Así, se estudian consorcios microbianos en ambientes acuáticos y terrestres contaminados para evaluar su potencial como agentes biorremediadores y como bioindicadores de contaminación ambiental. La investigación combina la utilización de técnicas clásicas de cultivo con técnicas moleculares y ómicas (genómica, proteómica y metabolómica) más recientes para el estudio de las poblaciones microbianas y las rutas metabólicas y enzimas implicados en los procesos de degradación de los contaminantes.

La contaminación por plásticos sigue siendo un tema de gran interés y preocupación y varios grupos presentan, desde diversas perspectivas, sus avances en la eliminación de derivados plásticos. También se trata el desarrollo de nuevos polímeros biodegradables con el objetivo de reducir el volumen de estos residuos.

La investigación sobre el empleo de microorganismos en tareas de gestión y valorización de residuos orgánicos mediante tratamientos de biodegradación y biorremediación, así como la eliminación de fármacos y genes de resistencia a antibióticos en aguas residuales hospitalarias y urbanas o la desnitrificación de aguas subterráneas contaminadas con nitratos

son otros de los trabajos que se presentan por investigadores de nuestro Grupo.

También se muestra el potencial de las interacciones que establecen los microorganismos con las plantas para ser aplicados a los suelos como biofertilizantes con el objetivo de reducir el uso de fitoquímicos, considerados una de las principales fuentes de contaminación ambiental en suelos y aguas.

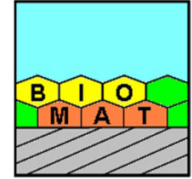
Por último, en algunos trabajos se desarrollan medidas basadas en la economía circular como la fotoproducción biológica de H₂ a partir de residuos alimentarios o el desarrollo de pilas de combustible microbianas basadas en la capacidad de los microorganismos para degradar la materia orgánica y convertir la energía química resultante en electricidad.

Quisiera finalizar esta breve introducción mostrando mi agradecimiento a todos los miembros del Grupo BBB y muy especialmente a los que han contribuido a este número especial.

Muchas gracias, recibid un afectuoso saludo.



Grupo de Investigación en Bioingeniería y Materiales (BIO-MAT)



ANA M GARCÍA, MOHAMMED NAFFAKH, LUIS E GARCÍA CAMBRONERO, JOSÉ M RUIZ-ROMÁN, AGUSTÍN GARCÍA-BERROCAL, CRISTINA MONTALVO, PEDRO ARMISÉN

Universidad Politécnica de Madrid. Escuela Técnica Superior de Ingenieros Industriales. c/ José Gutiérrez Abascal 2, 28006 Madrid.

✉ ana.garcia.ruiz@upm.es



Figura 1. Miembros del Grupo BIO-MAT.

El Grupo de Investigación en Bioingeniería y Materiales (BIO-MAT) de la Universidad Politécnica de Madrid (UPM) se fundó hace casi 20 años por el Profesor Diego A. Moreno con el objetivo de dar respuesta y buscar soluciones a los problemas planteados desde el sector industrial relativos, fundamentalmente, a la interacción entre los materiales y los microorganismos. Procesos de corrosión microbiana, bioensuciamiento y biodeterioro, biorremediación de aguas contaminadas, así como desarrollo de nuevos materiales para diferentes aplicaciones han constituido, desde su origen, las principales líneas de investigación del Grupo. No obstante, con el paso de los años algunas de estas líneas han perdido intensidad en favor de otras nuevas que han surgido como consecuencia de las necesidades de la sociedad y de los distintos grupos

de investigación y empresas con las que nos mantenemos en estrecho contacto, así como de la incorporación de nuevos miembros al Grupo. En la actualidad el Grupo BIO-MAT (Figura 1), dirigido por la Profesora Ana M García, está constituido por un equipo multidisciplinar de ingenieros, físicos y biólogos que desarrollan su actividad investigadora en tres Escuelas de la UPM: la Escuela Técnica Superior de Ingenieros Industriales, la Escuela Técnica Superior de Ingenieros de Minas y Energía y la Escuela Técnica Superior de Ingeniería y Diseño Industrial.

Se describen, a continuación, las principales líneas de investigación y trabajos que hemos estado desarrollando en los últimos años a través de la participación en diferentes proyectos de investigación y contratos con empresas.

Evaluación integral de la calidad del aire urbano y cambio climático

En el Programa AIRTEC-CM "Evaluación integral de la calidad del aire urbano y cambio climático (Tecnología 2018, Ref. S2018/EMT-4329, <https://airtec-cm.es>) se ha profundizado en el conocimiento de las interacciones entre la calidad del aire biótico, abiótico, meteorología y clima de la Comunidad de Madrid para avanzar en la evaluación integral de la exposición e impactos de la contaminación atmosférica en las ciudades. En este programa han colaborado 10 grupos de investigación de 5 instituciones diferentes (Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Universidad Complutense

de Madrid (UCM), Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas (CIEMAT), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y Hospital Clínico San Carlos (HCSC) además de 2 administraciones públicas (Ayuntamiento de Madrid y Comunidad de Madrid) y diversas empresas colaboradoras y grupos asociados. El grupo BIO-MAT se ha centrado en la caracterización de los compuestos biológicos presentes en la atmósfera urbana y sus variaciones espaciales y estacionales. Anteriormente el Grupo BIO-MAT fue coordinador del Programa AIRBIOTA-CM “Conocer y modelizar la contaminación biológica del aire urbano” (Programa Tecnología 2013, Ref. S2013-MAE-2874) descrito en el especial de SEM@foro de diciembre de 2018. Los resultados de la composición microbiana del aire recopilados durante dos años en diferentes puntos de la Comunidad de Madrid en AIRBIOTA-CM se han utilizado en AIRTEC-CM para la confección de una base de datos común que ha permitido la caracterización exhaustiva de las comunidades microbianas asociadas con el grado de urbanización, estación del año, factores meteorológicos y contaminantes fisicoquímicos (Núñez et al, 2021; Cordero et al, 2021). Asimismo, se ha analizado el impacto de las tormentas de polvo procedentes del desierto del Sáhara en la calidad biológica del aire de la Comunidad de Madrid y sus posibles efectos sobre la salud de la población (Núñez et al, 2024). Además de aportar datos históricos, el Grupo BIO-MAT también ha coordinado la realización de campañas experimentales de medida para apoyar y complementar los datos existentes y aportar información necesaria para la interpretación de resultados de la calidad del aire bajo un enfoque holístico. La metodología desarrollada por el Grupo ha servido para obtener nuevos datos acerca de la composición biológica del aire en espacios interiores y su relación con la calidad del aire exterior (Núñez y García, 2022; 2023).

Materiales biopoliméricos avanzados con nanoláminas 2D-TMDCS

Esta línea de investigación se ha dirigido a la generación de una nueva clase de materiales bionanocompuestos Bio-PNCs avanzados basados en nanolaminas nove-

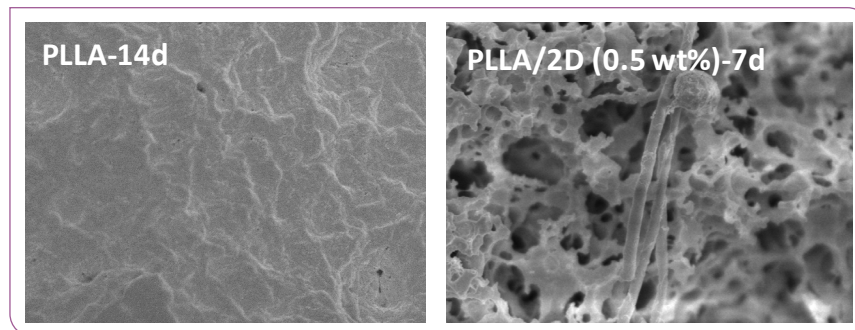


Figura 2. Micrografías SEM del biopolímero PLLA y su nanocompuesto con 0.5% de 2D-WS₂ observadas a los tiempos de incubación indicados, 14 y 7 días (Naffakh et al, 2020).

das 2D de dicalcogenuros de metales de transición (TMDCs), similares al grafeno, con prestaciones específicas y nanoestructura controlada (Naffakh et al, 2020; 2021). En comparación con el grafeno, estos materiales se distinguen por tener unas propiedades físicas y químicas excepcionales ligadas a su estructura molecular interna, que permiten concebir muy variadas aplicaciones. Su uso se está extendiendo especialmente en el desarrollo de nuevos materiales con elevadas propiedades mecánicas y de barrera. Mediante la aplicación de la aproximación del diseño multi-escala, se ha podido estudiar distintos fenómenos morfológicos a varios niveles de orden, y sus relaciones con la formulación, para predecir/desarrollar diversos comportamientos macroscópicos de materiales biopoliméricos avanzados reforzados con nanoestructuras novedosas de disulfuro de wolframio (WS₂). De especial relevancia ha sido el estudio de la influencia del proceso de biodegradación de dichos sistemas inducido por la presencia de actinobacterias (Naffakh et al, 2020). En particular, se ha podido establecer la dependencia del proceso de cristalización y de la morfología desarrollada en los Bio-PNCs en función del tiempo de incubación y de la composición (Figura 2).

Nuevas espumas sintácticas de aluminio

Las espumas sintácticas de matriz metálica (MMSF) son materiales celulares avanzados constituidos por un sistema de un mínimo de dos fases, en el que una dispersión de partículas huecas se encuentra embebida por una matriz metálica continua. La incorporación de cargas porosas favorece el desarrollo de materiales de

baja densidad con un comportamiento excepcional para amortiguar vibraciones, impactos y efectos explosivos, apantallando energías acústicas, térmicas y electromagnéticas. Esta línea se ha centrado en el desarrollo de una nueva espuma sintáctica de aluminio (ASF) con componentes de puntos de fusión similares mediante la técnica de colada por infiltración (ICT) (Sánchez de la Muela et al, 2022). Los rellenos de esta nueva espuma son nódulos de aluminio expandido, que se espumaron con residuos de roca molida de canteras de mármol blanco (Figura 3). Este enfoque proporciona la ventaja de utilizar residuos de la industria minera como materias primas y componentes metálicos (aluminio) altamente reciclables, lo que contribuye a limitar la explotación excesiva de fuentes naturales.

Corrosión microbiana en la industria

Se considera que la corrosión microbiana (*Microbiologically Influenced Corrosion, MIC*) es responsable del 20% de las pérdidas totales por corrosión, lo que equivale a un 0,3-0,8% del PIB de un país desarrollado. Las industrias petroquímica y energética son las principales afectadas por estos fenómenos de corrosión microbiana, pero también otras como la del papel y cartón, la de tratamiento de residuos y la naval. Desde el punto de vista de la investigación, esta última es especialmente interesante porque los metales en agua de mar están sometidos a un entorno que promueve la corrosión *per se*. El Grupo BIO-MAT ha estudiado los procesos de corrosión por picaduras en el acero al carbono del interior del casco de tres remolcadores en servicio (Núñez et al, 2023). La combinación

de análisis metalográficos, fisicoquímicos y moleculares permitieron determinar el tipo de corrosión, dando como resultado un modelo descriptivo para explicar las causas que condujeron al desarrollo de MIC. Asimismo, se ensayó un protocolo de tratamiento *in situ* y se sugirieron medidas a implementar durante el protocolo de mantenimiento estándar de los remolcadores. Este trabajo pone de manifiesto la importancia del diseño de ingeniería para prevenir la MIC en los transportes marítimos y proporciona algunas pautas para su manejo.

Metrología industrial, calibración y mantenimiento avanzado de sensores y procesos

Esta línea se ha forjado como consecuencia de la intensa colaboración entre la Universidad y la empresa a través de diferentes proyectos de metrología industrial relacionados fundamentalmente con la temperatura, la medida de caudales y la calibración de medidores de flujo/temperatura en el contexto de la logística de hidrocarburos líquidos y se ha consolidado a través de la Cátedra Empresa UPM-Exolum de Metrología (<https://short.upm.es/uw9lx>), dirigida por la Profesora Cristina Montalvo. La Cátedra está dedicada al estudio de la estabilidad metrológica de equipos industriales de medida de volumen y temperatura y al análisis de incertidumbre de diferentes sistemas de medida. Se cuenta además con el Laboratorio de calibración de sensores de temperatura, acreditado por ENAC, y dirigido por el Profesor Agustín García-Berrocal. Entre los últimos trabajos realizados destaca el desarrollo de un modelo físico simplificado del caudalímetro másico de Coriolis (CMF) que permite identificar las principales magnitudes de influencia del CMF como medidor de masa (García-Berrocal et al, 2019).

En el ámbito del procesamiento de señales el Grupo tiene amplia experiencia en la implementación de metodologías avanzadas de mantenimiento predictivo aplicado a equipos y sensores ubicados en centrales nucleares (Montalvo et al, 2022; Torres et al, 2024) lo que ha servido para participar en el proyecto europeo H2020 CORTEX (Core Monitoring Techniques, Experimental Validation and Demonstration).

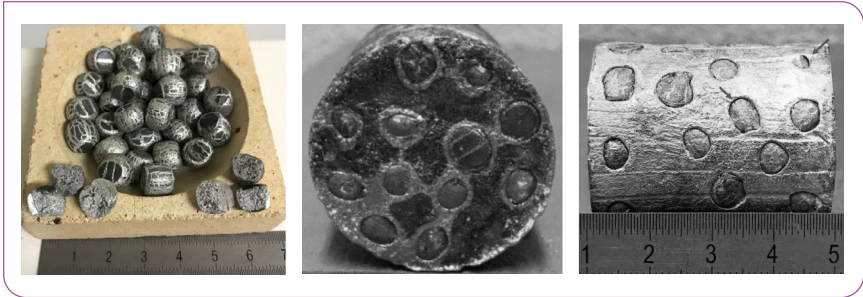


Figura 3. Nódulos de espuma de aluminio (izquierda) y espuma sintáctica de aluminio fundido (centro y derecha) (Sánchez de la Muela et al, 2022).

Referencias

- Cordero José M, Núñez A, García Ana M, Borge R (2021). Assessment and statistical modelling of airborne microorganisms in Madrid. *Environmental Pollution*, 269, 116124 <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.116124>
- García-Berrocal A, Montalvo C, Carmona P, Blázquez J (2019). The Coriolis mass flow meter as a volume meter for the custody transfer in liquid hydrocarbons logistics. *ISA transactions* 90, 311-318 <https://doi.org/10.1016/j.isatra.2019.01.007>
- Montalvo C, Pantera L, Lipcsei S, Torres LA (2022). Signal processing applied in cortex project: From noise analysis to OMA and SSA methods. *Annals of Nuclear Energy* 175, 109193 <https://doi.org/10.1016/j.anucene.2022.109193>
- Naffakh M, Fernández M, Shuttleworth Peter S, García Ana M, Moreno Diego A (2020). Nanocomposite materials with poly(L-lactic acid) and transition-metal dichalcogenide nanosheets 2D-TMDCs WS₂. *Polymers*, 12, 2699 <https://doi.org/10.3390/polym12112699>
- Naffakh M, Rica P, Moya-Lopez C, Castro-Osma José A, Alonso-Moreno C, Moreno Diego A (2021). The effect of WS₂ nanosheets on the non-isothermal cold- and melt-crystallization kinetics of poly(l-lactic acid) nanocomposites. *Polymers*, 13, 2214 <https://doi.org/10.3390/polym13132214>
- Núñez A, García Ana M, Guantes R, Moreno Diego A (2021). Seasonal changes dominate long-term variability of the urban air microbiome across space and time. *Environment International*, 150, 106423 <https://doi.org/10.1016/j.envint.2021.106423>
- Núñez A, García Ana M (2022). Effect of the passive natural ventilation on the bioaerosol in a small room. *Building and Environment*, 207, Part B, 108438 <https://doi.org/10.1016/j.buildenv.2021.108438>
- Núñez A, García Ana M (2023). The aerobiome in a hospital environment: characterization, seasonal tendencies and the effect of window opening ventilation. *Building and Environment*, 230, 110024 <https://doi.org/10.1016/j.buildenv.2023.110024>
- Núñez A, García Ana M, Ranninger C, Moreno Diego A (2023). Microbiologically influenced corrosion on naval carbon steel inside the hull of tugboats: a case study of prevention and control, *Biofouling*, <https://doi.org/10.1080/08927014.2023.2209013>
- Núñez A, Moreno Diego A, García Ana M (2024). Saharan dust storms affecting the center of the Iberian peninsula: effect on the urban aerobiome. *Atmospheric Environment* 328, 120522 <https://doi.org/10.1016/j.atmosenv.2024.120522>
- Sánchez de la Muela AM, García Cambronero LE, Malheiros LF, Ruiz-Román JM (2022). New Aluminum Syntactic Foam: Synthesis and Mechanical Characterization. *Materials*. 15(15):5320. <https://doi.org/10.3390/ma15155320>
- Torres LA, Montalvo C, Gavilán CJ, García-Berrocal A (2024). Anomaly detection in BWR fuel cell using neutron noise analysis techniques. *Slow control rod detection. Nuclear Engineering and Design* 416, 112770 <https://doi.org/10.1016/j.nucengdes.2023.112770>



Microbiología y Tecnología Ambiental

JESÚS GONZÁLEZ-LÓPEZ, GABRIELA ÁNGELES DE PAZ, ELISABET ARANDA, CONCEPCIÓN CALVO, ANTONIO CASTELLANO-HINOJOSA, DAVID CORREA-GALEOTE, JUAN CUBERO-CARDOSO, MANUEL J. GALLARDO-ALTAMIRANO, ALEJANDRO GONZÁLEZ-MARTÍNEZ, BELÉN JUÁREZ-JIMÉNEZ, JUAN CARLOS LEYVA DÍAZ, MAXIMINO MANZANERA, JAIME MARTÍN-PASCUAL, PAULA MAZA-MÁRQUEZ, BÁRBARA MUÑOZ-PALAZÓN, FRANCISCO OSORIO, CLEMENTINA POZO, JOSÉ MANUEL POYATOS, JESSICA PURSWANI, TATIANA ROBLEDÓ-MAHÓN, ALEJANDRO RODRÍGUEZ-SÁNCHEZ, BELÉN RODELAS, ANTONIO SERRANO Y ÁNGELES TRUJILLO-REYES

Departamento de Microbiología. Departamento de Ingeniería Civil. Instituto Universitario de Investigación del Agua. Universidad de Granada. C/Ramón y Cajal nº 4, 18071 Granada.

✉ ccalvo@ugr.es

🌐 <https://www.microtambienugr.es/>

El diseño y la aplicación de tecnologías biológicas para el tratamiento de aguas superficiales y subterráneas contaminadas con distintas sustancias, la caracterización del microbioma en tales sistemas, la valorización biológica de residuos mediante compostaje/digestión anaerobia o los estudios sobre la identificación y uso de hongos en la degradación de contaminantes prioritarios y emergentes junto con investigaciones sobre las interacciones microbianas en sistemas naturales y artificiales, son una muestra de la temática de las líneas de investigación actuales del grupo "Microbiología Ambiental" (RNM-270).

El grupo, dirigido por el profesor D. Jesús González López, está conformado por investigadores e investigadoras de los Departamentos de Microbiología e Ingeniería Civil de la Universidad de Granada y adscritos al Instituto Universitario de Investigación del Agua, siendo personal experto en el diseño de tecnologías biológicas, en el uso de herramientas bioinformáticas, en la modelización de bioprocesos microbianos, así como en el estudio de las relaciones microbianas en comunidades complejas. La integración de investigadores/as con perfiles microbiológicos y tecnológicos ha permitido y permite abordar desde estudios en ciencia básica hasta dar apoyo a empresas e instituciones para la implementación a escala real de diversas tecnologías. Estas competencias han determinado un grupo de investigación altamente competitivo y



Miembros del Grupo de Investigación "Microbiología Ambiental" (RNM-270).

con unas marcadas tasas de éxito en la captación de fondos para investigación a través de convocatorias autonómicas, nacionales y europeas así como mediante contratos de apoyo tecnológico con el sector privado, sin olvidar el éxito constante en los programas de captación de talento, resultando así un conjunto dinámico, innovador e integrador. En la actualidad, el grupo está constituido por 13 investigadores/as permanentes, 11 investigadores/as

postdoctorales, 8 estudiantes de doctorado y varios colaboradores de instituciones extranjeras.

Las distintas líneas de investigación que se llevan a cabo en la actualidad vienen apoyadas por un desarrollo constante de las capacidades analíticas y la puesta a punto de nuevas metodologías que permiten ofrecer respuestas a los retos científicos que demanda la sociedad. En ese sentido,

el grupo RNM-270 tiene capacidad analítica para la identificación y cuantificación en distintas matrices y mediante técnicas de alta resolución (GC-MS, UPLC- triplecuadrupolo y QToF), de compuestos xenobióticos y/o contaminantes emergentes como fármacos o microplásticos, entre otros. También se han desarrollado técnicas microbiológicas y moleculares (PCR, qPCR, RT-PCR, FISH...) para la identificación de microorganismos y genes específicos (por ejemplo, genes de resistencia a antibióticos).

A continuación, se incluye un resumen de las principales líneas de investigación que desarrollamos en la actualidad.

Tecnologías biológicas avanzadas en el tratamiento de aguas residuales y aguas subterráneas

La implementación y optimización de la tecnología de oxidación anaeróbica autotrófica del amonio (ANAMMOX) es una de las áreas de esta línea de trabajo. Este proceso permite la eliminación del amonio de aguas residuales de diversas procedencias en condiciones anaeróbicas sin necesidad de añadir materia orgánica, lo que lo convierte en una alternativa rentable y sostenible frente a los sistemas tradicionales de tratamiento de aguas. Hemos llevado a cabo estudios a escala de laboratorio y a gran escala, utilizando distintas configuraciones como biomasa granular (CANON), flocular (DEMON) o filtros sumergidos (DENITOX).

El desarrollo de tecnologías de biomasa granular aeróbica es otra área de especial interés para nuestro grupo. Estos sistemas permiten llevar a cabo simultáneamente procesos aeróbicos y anaeróbicos en un único reactor bajo una configuración secuencial o de caudal continuo. Así, se logra la eliminación eficiente de la materia orgánica y de diferentes nutrientes como el nitrógeno bajo las mismas condiciones operacionales. A lo largo de nuestros estudios, hemos demostrando su aplicabilidad en diversos escenarios tales como la eliminación de fármacos y genes de resistencia a antibióticos en aguas residuales hospitalarias y urbanas o la desnitrificación de aguas subterráneas contaminadas con nitratos.

Los sistemas de biorreactores de membrana sumergida (MBR) es otra de las tec-

nologías estudiadas en nuestro grupo. Esta tecnología se presenta como una alternativa a los sistemas de fangos activos convencionales. Nos enfocamos en comprender la relación entre el rendimiento de esta tecnología en combinación con sistemas de biopelículas. El estudio de las comunidades microbianas en estos sistemas nos permite diagnosticar y solucionar problemas operativos, tales como el biofouling (formación de biopelículas), bulking (crecimiento excesivo de lodo) y foaming (formación de espumas biológicas).

El grupo tiene también amplia experiencia en el desarrollo de fotobiorreactores para el tratamiento de efluentes tanto urbanos como industriales (caso de aguas residuales de almazara). Estas tecnologías aprovechan la interacción simbiótica entre bacterias y microalgas para mejorar el tratamiento de aguas residuales, reduciendo no solo los costos operativos de aireación, sino también las emisiones de gases de efecto invernadero.

El desarrollo y estudio de sistemas bioelectroquímicos como las pilas de combustible microbianas (*Microbial Fuel Cells*, MFCs) constituye una de las temáticas más recientes dentro de esta línea de investigación. Estos sistemas se basan en la capacidad de los microorganismos presentes en el fango activo para degradar la materia orgánica y convertir la energía química resultante en electricidad. Se ha demostrado que factores como el tiempo de retención hidráulica y la temperatura afectan tanto a la producción de energía como a la composición y dinámica de las comunidades microbianas presentes en estos sistemas.

Micorremediación

La implementación de tecnologías de biorremediación fúngica, como parte del uso de tecnologías cultivables para la obtención de hongos de interés biotecnológico de múltiples ambientes, junto con el estudio de los mecanismos de degradación de microcontaminantes prioritarios y contaminantes emergentes, así como compuestos farmacéuticos y microplásticos en sistemas de agua y suelo, son temas de estudio de esta línea de investigación. La aplicación de herramientas moleculares como la proteómica, transcriptómica y enfoques genómicos nos permite comprender la dinámica funcional de los hongos en ecosistemas contaminados.

Interacciones microbianas

En esta línea de trabajo se ha desarrollado una herramienta informática para determinar el comportamiento social de una especie cuando se enfrenta a otras tras el crecimiento de la combinatoria completa (BSocial - <http://m4m.ugr.es/BSocial.html>). De esta forma se pueden consolidar consorcios microbianos sociales que mejoran funciones asociadas a la biodegradación/biotransformación de sustancias xenobióticas y a la biofertilización frente a las funciones realizadas individualmente. Actualmente se están desarrollando diversos proyectos de investigación sobre el interés de la aplicación de consorcios sociales y resilientes a diversas perturbaciones ambientales como biofertilizantes en la agricultura.

Biorremediación y valorización biológica de residuos

Esta línea desarrolla distintas tecnologías de valorización de residuos como alpeorujo, purines, lodos de depuradoras, etc., enfocándose también en la eliminación y/o degradación de compuestos diana como fenoles, antibióticos, fármacos y microplásticos. Entre las tecnologías desarrolladas se incluyen procesos de compostaje con estrategias de mejora tales como técnicas de bioaumento y/o el empleo de cubiertas semipermeables y la digestión anaerobia (DA). La DA no solo mejora el tratamiento de residuos orgánicos, sino que también contribuye a la sostenibilidad al reducir emisiones de gases de efecto invernadero y producir energía limpia. Comprender la dinámica de las comunidades microbianas en digestores anaerobios es esencial para la optimización de este proceso. Además, estamos planteando estudios sobre procesos fermentativos para la acumulación de ácidos orgánicos de interés industrial. Asimismo, se está investigando la obtención de compuestos bioactivos como paso previo a los procesos de valorización antes citados, definiendo procesos de biorrefinería de alto interés ambiental y económico. También se han desarrollado estudios para optimizar el enriquecimiento en bacterias acumuladoras de PHAs (precursores de los plásticos biodegradables) en cultivos mixtos alimentados con residuos de la industria conservera.

Grandes retos de la sociedad

La emergencia y diseminación de genes de resistencia a los antibióticos (ARGs) y la proliferación de bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) son amenazas globales para la salud humana, y se prevé que las muertes debidas a infecciones por bacterias multirresistentes se multipliquen por diez en 2050 si no se toman medidas. Aunque las estaciones de tratamiento de agua residual (EDARs) son esenciales para garantizar la salud pública y la seguridad de las sociedades humanas, destacan como puntos críticos para la dispersión de ARGs y ARB. Miembros del grupo de investigación están desarrollando estudios sobre la caracterización en detalle del resistoma y del fagoma de EDARs, con especial énfasis en la identificación de bacteriófagos con potencial uso como herramientas de control frente a las bacterias multirresistentes a los antibióticos. Con ello se pretende generar una colección de fagos destinada a aplicar la fagorremediación como estrategia innovadora de control para hacer frente a la diseminación de las ARB desde las EDARs.

Publicaciones recientes seleccionadas

Ángeles de Paz G, León-Morcillo R, Stovicek A, Sagova-Mareckova M, Robledo-Mahón T, Calvo C y Aranda E. (2024). Dynamic population changes during a bioaugmented sewage sludge composting process: Improvement of pharmaceutical active compounds degradation and conversion into an organic soil amendment. *J Environ Chem Eng* 12: 112937.

Ángeles-de Paz G, Ledezma-Villanueva A, Robledo-Mahón T, Pozo C, Calvo C, Aranda E y Purswani J. (2023). Assembled mixed co-cultures for emerging pollutant removal using native microorganisms from sewage sludge. *Chemosphere*. 313:137472

Antiñolo Bermúdez L, Martínez Sánchez EM, Leyva Díaz JC, Muñio Martínez MDM, Poyatos Capilla JM y Martín Pascual J. (2023). Impacts of organic emerging contaminants (erythromycin, ibuprofen, and diclofenac) on the performance of a membrane bioreactor treating urban wastewater: a heterotrophic kinetic investigation. *Membranes* 13(8): 697.

Calvo C, Rathankumar AK, Saikia K, Rodríguez-Calvo A, González-López J, Cabana H, Aranda E, Silva-Castro A y Vaidyanathan VK. (2023). Fungal bioremediation of soils contaminated by petroleum hydrocarbons. In Samuel Jacob, B., Ramani, K., Vinoth Kumar, V. (eds) *Applied Biotechnology for Emerging Pollutants Remediation and Energy Conversion*. Springer, Singapore.

Castellano-Hinojosa A, Gallardo-Altamirano MJ, Pozo C, González-Martínez A y González-López J. (2024). Hydraulic retention time drives changes in energy production and the anodic microbiome of a microbial fuel cell (MFC). *J Water Process Eng* 59: 104966.

Correa-Galeote D, Argiz L, Val del Río A, Mosquera-Corral A, Juárez-Jiménez B, González-López J y Rodelas B. (2022). Dynamics of PHA-accumulating bacterial communities fed with lipid-rich liquid effluents from fish-canning industries. *Polymers* 14:1396

Cubero-Cardoso J, Jiménez-Páez E, Trujillo-Reyes Á, Serrano A, Urbano J, Rodríguez-Gutiérrez G, Borja R y Feroso FG. (2023). Valorization of strawberry extrudate waste: Recovery of phenolic compounds by direct-hydrothermal treatment and subsequent methane production by mesophilic semi-continuous anaerobic digestion. *J Waste Manag* 169: 310-318.

Díaz V, Maza-Márquez P, Antiñolo L, Poyatos JM, Martín-Pascual J y Muñio MDM. (2024). Effect of urban wastewater ratio in the influent of a membrane photobioreactor for microalgae cultivation and nutrient removal. *J Environ Chem Eng* 12: 112527

Gallardo-Altamirano MJ, Maza-Márquez P, Montemurro N, Pérez S, Rodelas B, Osorio F y Pozo C. (2021). Insights into the removal of pharmaceutically active compounds from sewage sludge by two-stage mesophilic anaerobic digestion. *Sci Total Environ* 789:147869.

González-Martínez A, Muñoz-Palazon B, Kruglova A, Vilpanen M, Kuokkanen A, Mikola A y Heinonen M. (2021). Performance and microbial community structure of a full-scale ANITATMMox bioreactor for treating reject water located in Finland. *Chemosphere* 271: 129526

Hkiri N, Olicón-Hernández DR, Pozo C, Chouchani C, Asses N y Aranda E. (2023). Simultaneous heavy metal-poly-

cyclic aromatic hydrocarbon removal by native Tunisian fungal species. *J Fungi* 9(3): 299.

Hurtado-Martínez M, Castellano-Hinojosa A, Strauss S.L, González-López J y González-Martínez A. (2024). Application of full-scale aerobic granular sludge technology for removing nitrate from groundwater intended for human consumption. *J Water Process Eng* 57:104601

Jiménez-Páez E, Serrano A, Purswani J, Correa-Galeote D, Cubero-Cardoso J y Feroso FG. (2023). Impact on the microbial population during biological volatile fatty acid production from olive mill solid waste. *Environ Technol Innov* 32:103409.

Muñoz-Palazón B, Rosa-Masegosa A, Vilchez-Vargas R, Link A, Gorrasi S, González-López J y González-Martínez A. (2022). Biological removal processes in aerobic granular sludge for treating synthetic hospital wastewater: Effect of temperature. *J Water Process Eng* 47:102691.

Olicón Hernández DR, Gómez-Silván C, Pozo C, Andersen GL, González-López J y Aranda E. (2019). *Penicillium oxalicum* XD-3.1 removes pharmaceutical compounds from hospital wastewater and outcompetes native bacterial and fungal community in fluidized batch bioreactors. *Int Biodeterior Biodegradation* 158:105179.

Pérez-Bou L, González-Martínez A, González-López J y Correa-Galeote D. (2024). Promising bioprocesses for the efficient removal of antibiotics and antibiotic-resistance genes from urban and hospital wastewaters: Potentialities of aerobic granular systems. *Environ Pollut* 342:123115.

Purswani J, Romero-Zaliz RC, Martín-Platero AM, Guisado IM, González-López J y Pozo C. (2017). BSocial: deciphering social behaviours within mixed microbial populations. *Front Microbiol* 8:919.

Purswani J, Guisado IM, Coello-Cabezas J, González-López J y Pozo C. (2019). Social microbial inocula confer functional stability in a methyl tert-butyl ether extractive membrane biofilm bioreactor. *Environ Pollut* 244:855-860

Grupo de Ecología Microbiana de la Universidad Autónoma de Barcelona

ANTONIO SOLÉ

Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Edifici C, Campus de la UAB, Bellaterra (Cerdanyola del Vallés), 08193, Barcelona.

✉ Antoni.sole@uab.cat



De izquierda a derecha; Dr. Eduard Villagrasa, Nadia Bahavar, Dra. Isabel Esteve, Dr. Antonio Solé, Dra. Laia Millach, Neus Bonet, Cristina Sosa.

El grupo de Ecología Microbiana de la Universidad Autónoma de Barcelona (UAB), está especializado en el aislamiento y cultivo de los microorganismos fototrófos, sobre todo cianobacterias, de ambientes extremos. Nuestros principales objetivos son: el estudio del efecto tóxico que producen los metales en dichas poblaciones; su potencial como bioindicadores/biorremediadores de ambientes contaminados por metales pesados, y la optimización, aplicación y validación de técnicas tanto de microscopía óptica como

de microscopía electrónica de alta resolución para llevar a cabo tales estudios. Todo ello aplicado a diferentes niveles: cultivo, microcosmos y ambiente natural ya sea contaminado o no por metales pesados.

El equipo de investigación está coordinado actualmente por el **Dr. Antonio Solé** (profesor contratado doctor) y anteriormente por la **Dra. Isabel Esteve** (catedrática-profesora honoraria) hasta su fallecimiento en octubre de 2020 y en él se han formado en los últimos 5 años:

el **Dr. Eduard Villagrasa** (doctorado en microbiología), la **Dra. Laia Millach** (doctorado en microbiología) y diferentes estudiantes de doctorado (**Nadia Bahavar**), máster (**Neus Bonet**, **Diana Gutiérrez**) y prácticas de grado (**Anna Roviroso**, **Anna Rosado**). Actualmente, el grupo lo completa la técnica de laboratorio **Judit Carbonell** que recientemente ha sustituido a **Cristina Sosa**.

La contaminación ambiental por metales pesados, a causa de su elevado potencial

tóxico, es un problema grave que afecta a los seres vivos y altera la microbiota de los ecosistemas acuáticos y terrestres, teniendo en cuenta que son especialmente liberados al medio por actividades antropogénicas. Un ejemplo de hábitat donde la agricultura y la industria son las principales fuentes de contaminación es el delta del río Ebro. En esta área se encuentran los tapetes microbianos, ecosistemas naturales costeros formados por comunidades microbianas bentónicas verticalmente estratificadas en capas, donde los microorganismos se hallan en constante interacción con el material inorgánico que los rodea y según los microgradientes de parámetros fisicoquímicos predominantes: luz, temperatura, salinidad, oxígeno y sulfhídrico, entre otros. Las cianobacterias y las microalgas, microorganismos fototrófos, son los más abundantes e importantes productores primarios de la zona, y se ubican en sus capas superiores, mostrando una especial capacidad tanto para adaptarse a condiciones muy limitantes para la vida como para tolerar o resistir la presencia de los metales pesados.

El grupo de Ecología Microbiana de la UAB, ha aislado diferentes consorcios microbianos de dichos tapetes microbianos, y estudiado, durante mucho tiempo, la capacidad de dichos aislados, tanto fototrófos como heterótrofos, para superar el estrés producido por metales pesados mediante, entre otros, mecanismos de biosorción y bioacumulación. En este sentido, se han optimizado y aplicado distintas técnicas tanto de microscopía óptica y electrónica, como de análisis químico, con el principal objetivo de estudiar el efecto de los metales pesados en dichos microorganismos, y de determinar y evaluar su capacidad para biorremediar ambientes contaminados por éstos. El análisis conjunto de los resultados obtenidos ha permitido valorar qué microorganismos podrían ser considerados buenos bioindicadores de contaminación según el metal y cuáles presentan un mayor potencial para ser ensayados en biorremediación.

En esta línea de investigación, y por primera vez, se ha analizado el estado fisiológico y la viabilidad de *Scenedesmus* sp. DE2009 (microalga) en condiciones de estrés por la presencia de mezclas de metales pesados (Pb, Cr y Cu; tesis doctoral Laia Millach). Para ello, se ha aplicado una

combinación de técnicas de CLSM (microscopía confocal láser de barrido) rápidas, no invasivas e *in vivo*, y sin interferencia de la comunidad heterótrofa. Entre ellas, la CLSM-DL, basada en la aplicación de un láser dual para evaluar de manera rápida e *in vivo* la viabilidad celular sin necesidad de protocolos de tinción ni software de análisis de imagen, que es útil para determinar la relación células vivas/muertas de microorganismos fototrófos; y la CLSM- λ -scan, que analiza el estado fisiológico de los pigmentos usando la clorofila *a* como biomarcador permitiendo, además, calcular la mínima concentración inhibitoria como un test sensible a la toxicidad por metales. En este caso, los resultados demostraron que la microalga era más resistente al Pb que al Cr y Cu pero que, en mezclas, la presencia de Cu afectaba negativamente su crecimiento. Se observó que el efecto interactivo de los metales individuales *versus* la mezcla trimetálica era sinérgica, indicando que el Pb solo es 36.52 veces menos tóxico que en la combinación de los 3 metales, seguramente debido a la presencia del Cu en la mezcla que, incluso en la concentración más baja (100 nM), es muy nocivo para esta microalga. La alta sensibilidad de estos métodos de CLSM para detectar bajas concentraciones de metales permite considerar *Scenedesmus* sp. DE2009 como un buen bioindicador de la contaminación metálica en entornos naturales.

Por otro lado, *Ochrobactrum anthropi* DE2010, aislado heterótrofo del consorcio de microorganismos *Scenedesmus* sp. DE2009, ha sido estudiado como modelo experimental por su potencial como biorremediador (tesis doctoral Eduard Villagrasa y artículos derivados). En dicha bacteria, de la cual se ha secuenciado su genoma completo, se ha analizado: el efecto citotóxico y su capacidad de respuesta para superar el estrés ocasionado por la exposición a concentraciones individuales crecientes de Cd, Pb(II), Cu(II), Cr(III), y Zn; su habilidad de secuestrarlos y con qué eficiencias, y sus estrategias de remoción y vías de detoxificación utilizadas. Todo ello utilizando diferentes técnicas actuales, algunas de ellas optimizadas por el propio grupo de investigación, de microscopía óptica, perfilómetro y confocal (FLU-CLSM-IA, utilizando un programa de análisis de imagen (IA) y fluorocromos vitales específicos) y electrónica, técnicas de análisis químico y bioquímico y de

análisis molecular. Como resultados destacados indicar que *O. anthropi* DE2010 es altamente resistente a todos los metales ensayados (hasta 20 mM de Zn y 10 mM para Cd, Pb(II), Cu(II), y Cr(III)) mostrando una alta capacidad de remover metales (el 90 % de Pb(II) y el 40% de Cr(III)); que presenta 6 genes relacionados con el metabolismo del polifosfato y que la síntesis y acumulación intracelular de inclusiones de polifosfato depende de la concentración del metal analizado, observándose tres patrones claros de localización celular: extracelular en gránulos de polifosfato (Cu(II)); en el espacio periplasmático formando cristales con fósforo (Pb(II)); e intracelular en inclusiones de polifosfato (Pb(II), Cr(III) y Zn), demostrando por primera vez que *O. anthropi* DE2010 genera respuestas celulares específicas para cada metal como estrategia de supervivencia, (bioacumulación en el caso de Pb(II), Cu(II), Cr(III) y Zn, biosorción para Cd y Cr(III), y biomineralización para Pb(II)). Su alta resistencia y capacidad de secuestrar metales ponen de manifiesto su gran potencial como agente biorremediador, especialmente en zonas contaminadas por Pb(II) y Cr(III).

Entre las técnicas de microscopía electrónica aplicadas por el grupo, hay que destacar la utilización, por primera vez, del microscopio electrónico HAADF-STEM EDX, cuyos resultados la señalan como técnica prometedora para localizar con precisión metales inmovilizados en las células (Fig. 1), además de SEM, FESEM y TEM utilizadas para analizar las respuestas morfológicas al estrés por metales, y SEM-EDX, TEM-EDX y TEM-SAED para los diversos ensayos analíticos.

Actualmente también se está llevando a cabo el aislamiento y cultivo de microorganismos fototrófos y/o consorcios microbianos provenientes de muestras de ambientes polares (Antártida e Islandia) y la realización de experimentos de biometeriorización de lavas/rocas de origen polar por parte de los microorganismos aislados seleccionados, analizando la interacción microorganismo-sustrato lítico a lo largo del tiempo, principalmente mediante microscopía láser confocal (λ scan CLSM, CLSM-DL y CLSM-IA) y estereomicroscopía de fluorescencia (proyecto nacional IPs: Dra. Asunción de los Ríos y Dr. Fernando Garrido).

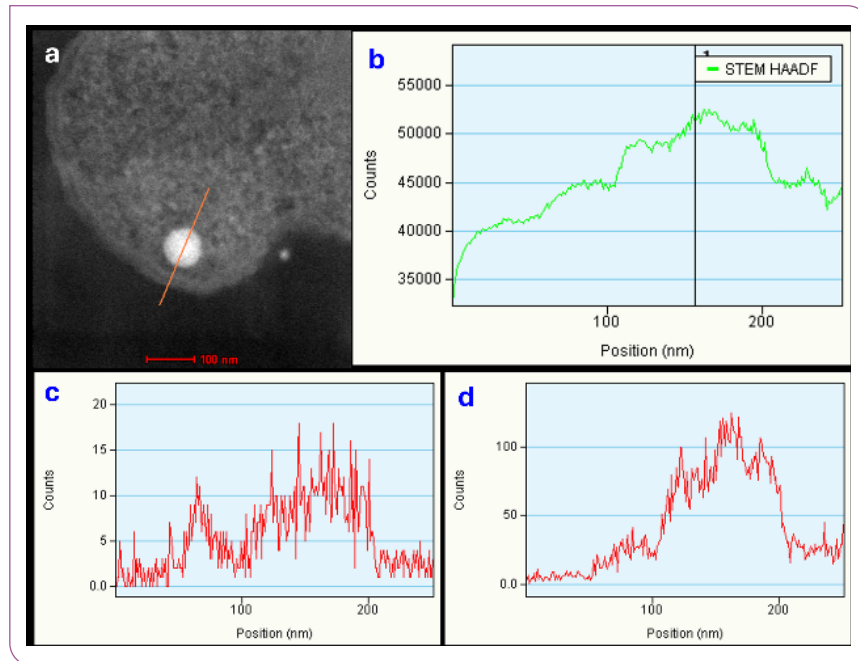


Figura 1. Análisis elemental por HAADF-STEM de *Ochrobactrum anthropi* DE20120 creciendo a 5 mM de Cr (III). Imagen HAADF-STEM con inclusión polifosfato (a); análisis HAADF-STEM EDX y perfiles lineales (escala 250 nm) a lo largo de la línea verde que muestra la intensidad de la imagen HAADF (b) y lo mismo a lo largo de la línea roja para el cromo (c) y fósforo (d). Cortesía: Eduard Villagrasa.

Publicaciones destacadas de los últimos 5 años

Shen X, Zhao J, Bonet-Garcia N, Villagrasa E, Solé A, Liao X y Palet C. (2023). Insights of microorganisms role in rice and rapeseed wastes as potential sorbents for metal removal. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 20(1), 801-814. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13762-022-04000-6>

Solé A, Calvo MA, Lora MJ y Sánchez-Chardi A. (2019). Electron microscopy techniques applied to bioremediation and biodeterioration studies with moulds: State of the art and future

perspectives. Chapter 12, pp.354-386. In: *Fungal bioremediation: fundamentals and Applications*. Tomasini A, León-Santesteban HH (Eds). CRC Press Taylor & Francis Group, Boca Raton, FL. DOI: <https://doi.org/10.1201/9781315205984>

Millach L, Villagrasa E, Solé A y Esteve I. (2019). Combined confocal laser scanning microscopy techniques for a rapid assessment of the effect and cell viability of *Scenedesmus* sp. DE2009 under metal stress. *Microscopy and Microanalysis*, 25(4), 998-1003. DOI: <https://doi.org/10.1017/S143192761901465X>

Villagrasa E, Bonet-Garcia N y Solé A. (2021). Ultrastructural evidences for chromium (III) immobilization by

Escherichia coli K-12 depending on metal concentration and exposure time. *Chemosphere*, 285, 131500. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.131500>

Villagrasa E, Palet C, López-Gómez I, Gutiérrez D, Esteve I, Sánchez-Chardi A y Solé A. (2021). Cellular strategies against metal exposure and metal localization patterns linked to phosphorus pathways in *Ochrobactrum anthropi* DE2010. *Journal of Hazardous Materials*, 402, 123808. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.123808>

Villagrasa E, Ballesteros B, Obiol A, Millach L, Esteve I y Solé, A. (2020). Multi-approach analysis to assess the chromium(III) immobilization by *Ochrobactrum anthropi* DE2010. *Chemosphere*, 238,124663. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2019.124663>

Villagrasa E, Egea R, Ferrer-Miralles N y Solé A. (2020). Genomic and biotechnological insights in stress-linked polyphosphate production induced by chromium(III) in *Ochrobactrum anthropi* DE2010. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 36(7), 97. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11274-020-02875-6>

Villagrasa E, Ferrer-Miralles N, Millach L, Obiol A, Creus J, Esteve I y Solé, A. (2019). Morphological responses to nitrogen stress deficiency of a new heterotrophic isolated strain of Ebro Delta microbial mats. *Protoplasma*, 256(1), 105-116. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00709-018-1263-8>

Grupo BIO175: La Vida Secreta de los Residuos como Herramienta de Biorremediación

MARÍA JOSÉ LÓPEZ LÓPEZ; FRANCISCA SUÁREZ ESTRELLA; JUAN ANTONIO LÓPEZ GONZÁLEZ; MACARENA DEL MAR JURADO RODRÍGUEZ; MARÍA JOSÉ ESTRELLA GONZÁLEZ; MARÍA ROSA MARTÍNEZ GALLARDO; ANA TORIBIO GALLARDO; JESÚS SALINAS NIETO; ROSARIO LERMA MOLIZ; VÍCTOR CARPENA ISTÁN; RAUL JIMÉNEZ RODRÍGUEZ; MARTÍN SEGADO PÉREZ; DANIEL LORENTE ESCÁNEZ.

Área de Microbiología; Departamento de Biología y Geología; Facultad de Ciencias Experimentales; Universidad de Almería. Carretera de Sacramento S/N, 04120, Almería (España).

✉ mllopez@ual.es (responsable del grupo) | macarenajurado@ual.es (persona de contacto)



Figura 1. A) Joaquín Moreno Casco (05/04/1960 – 11/09/2020), fundador del Grupo de Investigación BIO175 de la Universidad de Almería. **B)** Integrantes del Grupo BIO175 en la actualidad.

El Grupo BIO175: “Desarrollo de Técnicas Microbiológicas para la Mejora de Suelos de Interés Agrícola” de la Universidad de Almería (UAL), liderado por la Dra. María José López, está adscrito al Área de Microbiología, a su vez perteneciente al Departamento de Biología y Geología. Su ámbito docente comprende asignaturas de diferentes Grados pertenecientes a la Facultad de Ciencias Experimentales, principalmente, así como a la Escuela Superior de Ingeniería y la Facultad de Ciencias de la Salud. Todas ellas impartidas en un privilegiado Campus universitario único situado junto al Mar Mediterráneo. El personal docente e investigador del Grupo lo componen: dos Catedráticas de Universidad, dos Titulares de Universidad, dos Profesoras Ayudantes Doctoras, una Profesora Sustituta Interina y seis investigadores contratados predoc-

torales (Figura 1B). Asimismo, cada curso el equipo se incrementa incorporando la efímera, pero inestimable, participación de numerosos estudiantes de Trabajos Fin de Grado y Fin de Máster (TFG y TFM).

El Grupo, consolidado por el Sistema Andaluz de Información Científica, fue fundado en 1989 por el Catedrático de Microbiología Joaquín Moreno Casco (Figura 1A), quien lo dirigió durante casi 3 décadas y dio inicio a diversas líneas relacionadas con la Microbiología del Compostaje. Las contribuciones del equipo guiado por el Dr. Moreno dieron lugar a avances significativos en el conocimiento de la dinámica de poblaciones y de las capacidades exhibidas por los microorganismos asociados al proceso de compostaje. Partiendo de esta sólida base, en esta segunda etapa, con la Dra. López

como responsable, el equipo ha dado un paso más para alcanzar los niveles de excelencia e internacionalización que hoy lo distinguen.

Las fructíferas relaciones que el Grupo mantiene con investigadores nacionales e internacionales de diferente naturaleza científica han dado como resultado la participación del equipo en proyectos competitivos muy diversos que han permitido explorar nuevas líneas de investigación. En este sentido, destaca la coordinación de un impactante Proyecto Europeo, RECOVER (H2020 GA 887648), cuyo objetivo ha sido el desarrollo de un “cóctel” biológico basado en la combinación de lombrices o insectos junto con microorganismos y enzimas para lograr una solución innovadora que potencie la biodegradación de residuos plásticos

(Carpena-Istán *et al.*, 2023; Salinas *et al.*, 2023). También merece especial mención por su impacto el proyecto LIFE+REGROW (LIFE16 ENV/ES/000331) en el que se aplicaron estrategias de biorremediación para la recuperación de terrenos ocupados por balsas de almacenamiento de alpechín (Martínez-Gallardo *et al.*, 2020; Martínez-Gallardo *et al.*, 2021).

No obstante, las principales líneas de investigación en las que el Grupo ha trabajado desde sus comienzos, y que se han seguido manteniendo y reforzando, son las siguientes: 1) Biodegradación y reutilización de residuos agrícolas; 2) Valorización de residuos agrícolas mediante compostaje; 3) Biorremediación de metales pesados y plaguicidas (y otros compuestos xenobióticos); 4) Microorganismos lignocelulolíticos; y 5) Antagonismo y supresividad de microorganismos fitopatógenos. En definitiva, el equipo ha venido desarrollando una labor directamente relacionada con la investigación sobre el empleo de microorganismos en tareas de gestión y valorización de residuos orgánicos mediante tratamientos de biodegradación y biorremediación, esencialmente asociados a procesos de compostaje que, a su vez, se han convertido en una fuente inagotable de recursos valiosos para su empleo en el seno del Grupo como herramientas de base biotecnológica a nivel agrícola y ambiental (Figura 2).

Sin perder de vista, por tanto, este eje principal de investigación en el que el Grupo BIO175 ha sido pionero desde su fundación, la Microbiología del Compostaje, así como siendo conscientes del contexto socioeconómico actual donde los recursos son cada vez más escasos y los residuos más copiosos, e incluso peligrosos, el equipo sigue explorando y apostando por proponer nuevas alternativas de valorización de residuos gracias a la intervención microbiana. En la actualidad, una de las líneas de trabajo que está generando más interés es la obtención de extractos acuosos procedentes de compost, formulados para su empleo en los modernos sistemas agrícolas intensivos y de precisión, con el objetivo de mejorar el bienestar de los agrosistemas y, por ende, la salud ambiental y de los consumidores, en general (Jiménez *et al.*, 2023; Lerm-Moliz *et al.*, 2024). Este trabajo, financiado a través del proyecto COMPOBIOTICS (PID2023-149455OB-I00), está permitiendo diversificar y acrecentar las aplicaciones habituales del compost, beneficiosas de por sí como enmiendas agronómicas, incorporando conceptos

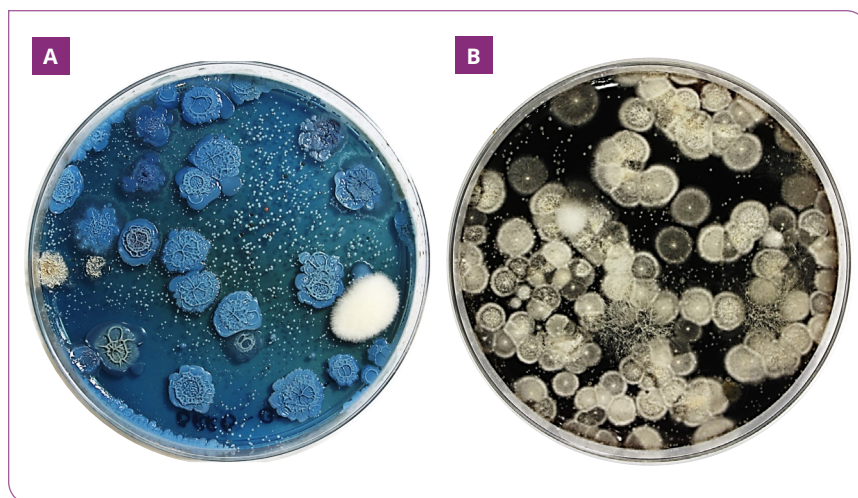


Figura 2. Fotografías, derivadas del proyecto LIFE+REGROW, que participaron en el Concurso Fotográfico "Federico Uruburu" en el XXVII Congreso Nacional de Microbiología-SEM 2019 (autora M.R. Martínez-Gallardo). **A)** Fotografía ganadora del concurso: "Mar de Lacre". **B)** Fotografía seleccionada en el concurso para el mes de Diciembre 2020 del calendario especial SEM: "Obsidiana Nevada".

como el de probióticos y prebióticos para la promoción de la salud de los suelos agrícolas de una forma sostenible.

En resumen, el Grupo BIO175 de la UAL continúa expandiendo su trabajo en aras de contribuir al desarrollo científico aplicado, con el empeño de conseguir una transferencia real, y a corto plazo, hacia la sociedad, demostrando que la ciencia y la tecnología basadas en el empleo de los secretos ocultos de los residuos, los microorganismos, tiene un enorme y prometedor potencial.

Bibliografía

Carpena-Istán, V., Jurado, M. M., Estrella-González, M. J., Salinas, J., Martínez-Gallardo, M. R., Toribio, A. J., López-González, J.A., Suárez-Estrella, F., Saez, Jose A., Moral, R. & Lopez, M. J. (2024). Enhancing earthworm (*Lumbricus terrestris*) tolerance to plastic contamination through gut microbiome fortification with plastic-degrading microorganisms. *Journal of Hazardous Materials*, 463, 132836.

Jiménez, R., Suárez-Estrella, F., Jurado, M.M., López-González, J.A., Estrella-González, M.J., Toribio, A.J., Martínez-Gallardo, M.R., Lerma-Moliz, R., López, M.J. (2023). Sustainable approach to the control of airborne phytopathogenic fungi by application of compost extracts. *Waste Management*, 171,143-154.

Lerma-Moliz, R., López-González, J.A., Suárez-Estrella, F., Martínez-Gallardo, M.R., Jurado, M.M., Estrella-González, M.J., Toribio, R., A.J., Jiménez, R. & López, M.J. (2024). Antioxidant and bio-fertilizing effect of compost extracts on horticultural crops to minimize the use of agrochemicals, *Environmental Technology & Innovation*, 36, 103776.

Martínez-Gallardo, M. R., López, M. J., Jurado, M. M., Suárez-Estrella, F., López-González, J. A., Sáez, J. A., Moral, R. & Moreno, J. (2020). Bioremediation of Olive Mill Wastewater sediments in evaporation ponds through in situ composting assisted by bioaugmentation. *Science of the Total Environment*, 703, 135537.

Martínez-Gallardo, M. R., López, M. J., López-González, J. A., Jurado, M. M., Suárez-Estrella, F., Pérez-Murcia, M. D., Sáez, J. A., Moral, R. & Moreno, J. (2021). Microbial communities of the olive mill wastewater sludge stored in evaporation ponds: The resource for sustainable bioremediation. *Journal of Environmental Management*, 279, 111810.

Salinas, J., Carpena, V., Martínez-Gallardo, M. R., Segado, M., Estrella-González, M. J., Toribio, A. J., Jurado, M.M., López-González, J.A., Suárez-Estrella, F. & López, M. J. (2023). Development of plastic-degrading microbial consortia by induced selection in microcosms. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1143769.

Descifrando las redes metabólicas microbianas implicadas en la restauración funcional de suelos y aguas contaminados

JOAQUIM VILA, SALVADOR LLADÓ, MARIA JORDÁN, POL MARTÍN, NÚRIA FORNS Y MAGDALENA GRIFOLL

Grupo de Biodegradación y Biorremediación, Departamento de Genética, Microbiología y Estadística, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona.

✉ mgrifoll@ub.edu

Nuestro grupo (figura 1), integrado en el Grupo de investigación interuniversitario Biotecnología Sostenible y Biorremediación (2021 SGR 00852, Generalitat de Catalunya), posee una trayectoria de más de 30 años en el estudio de los procesos bacterianos de degradación de contaminantes orgánicos, y su aplicación en el desarrollo de estrategias de biorremediación de aguas y suelos contaminados. Esta actividad se ha desarrollado en gran parte en estrecha colaboración con el grupo de investigación en Biorremediación y Biodisponibilidad del IRNAS-CSIC, liderado por el Dr. José Julio Ortega-Calvo, a lo largo de 9 proyectos del Plan Nacional. Utilizando las mezclas de hidrocarburos, especialmente hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs), como contaminante modelo, buscamos soluciones a las limitaciones actuales de la biorremediación. El objetivo final es consolidar esta estrategia basada en la naturaleza como una alternativa segura, fiable y sostenible a las metodologías físico-químicas para la descontaminación de suelos y aguas, restaurando sus funciones ecosistémicas. La base para alcanzar este objetivo es comprender el funcionamiento de las redes metabólicas microbianas que operan en estos ambientes para i) identificar mecanismos que permitan modular su actividad, disminuyendo el riesgo asociado a la formación de productos de transformación y a la presencia de fracciones residuales de contaminante; ii) desarrollar nuevas herramientas para monitorizar los procesos de biodegradación; iii) mejorar la evaluación del riesgo, actualmente limitada a determinar la concentración de un número limitado de dianas analíticas; y iv) restaurar el microbioma del suelo y su funcionalidad. Además de esta vertiente de investigación básica, el grupo mantiene una importante



Figura 1. Miembros del Grupo de Investigación en Biodegradación y Biorremediación de la UB. La imagen incluye los componentes senior Joaquim Vila (Profesor agregado), Salvador Lladó (Profesor Agregado), y Magdalena Grifoll (Catedrática), así como el técnico responsable de transferencia, Pol Martín, la investigadora predoctoral Maria Jordán, y varios estudiantes de TFM y TFG. La investigadora post-doctoral Núria Fornas no aparece en la foto.

actividad de transferencia tecnológica al sector medioambiental, evaluando la viabilidad de la biorremediación en diferentes escenarios, asesorando en la elección de la estrategia más apropiada, y monitorizando el éxito de su implementación.

El estudio de las redes metabólicas microbianas que operan en ambientes contaminados se realiza mediante un abordaje polifásico (figura 2) iniciado a principios de los 90 con el aislamiento de las primeras cepas con capacidad para degradar HAPs.

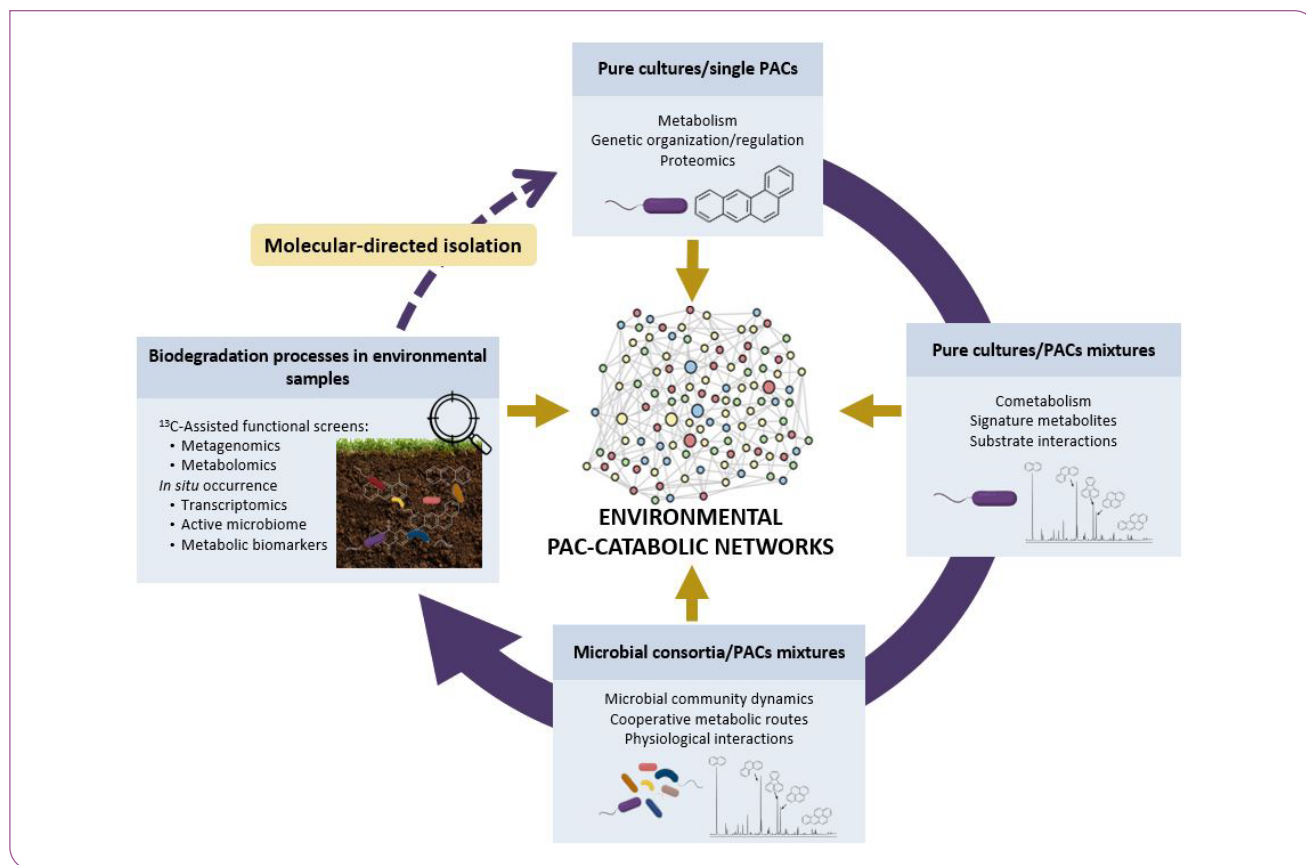


Figura 2. Flujo de información en el abordaje polifásico implantado por el grupo de investigación para comprender las redes metabólicas microbianas implicadas en la biodegradación de hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAPs) en suelos y aguas contaminados. La integración de información taxonómica y funcional de cultivos puros, consorcios microbianos y comunidades ambientales tras su exposición a HAPs o sus mezclas debe permitir reconstruir los procesos microbianos que tienen lugar en ambientes contaminados. La información obtenida de los abordajes metagenómicos debe permitir definir dianas y estrategias para el aislamiento dirigido de nuevos filotipos clave detectados. Adaptado de Vila et al., 2015.

El aislamiento ha dado como resultado la obtención de una amplia colección de estirpes Gram negativas asociadas a la degradación de compuestos de 2 y 3 anillos aromáticos, y de micobacterias de crecimiento rápido asociadas a la degradación de compuestos de mayor peso molecular. A partir de la identificación de metabolitos acumulados durante el crecimiento de estas cepas frente a sustratos individuales, se ha podido reconstruir nuevas rutas para la utilización de HAPs como el fluoreno, el pireno o el fluoranteno. Actualmente, estos estudios metabolómicos se complementan con el análisis genómico y transcriptómico de los aislados, permitiendo una reconstrucción multiómica de los procesos de degradación a nivel celular.

Sin embargo, en el medio ambiente los contaminantes orgánicos generalmente no se encuentran como compuestos puros individuales, sino formando parte de mezclas complejas. Por este motivo, el

siguiente paso en el abordaje del grupo ha sido investigar las acciones de estas estirpes aisladas sobre mezclas de hidrocarburos. Estos trabajos han demostrado la versatilidad de estos microorganismos que, utilizando sustratos específicos para el crecimiento, actúan simultáneamente sobre un amplio espectro de análogos estructurales, poniéndose de manifiesto la importancia de los fenómenos de oxidación parcial y cometabolismo durante la degradación de mezclas ambientales. Estos procesos dan lugar a la formación y acumulación de productos de transformación microbiana, como cetonas y quinonas aromáticas, cuya presencia se ha observado en suelos y matrices ambientales contaminadas. De hecho, las mejoras en las metodologías analíticas han permitido identificar no solo productos de oxidación, sino también una amplia diversidad de co-contaminantes asociados a los HAPs, como son los metil derivados y los compuestos heterocíclicos, que actual-

mente son obviados durante los análisis de riesgo. La presencia de estos productos, algunos con mayor toxicidad y biodisponibilidad que los HAPs, y cuyo destino ambiental se desconoce, supone un riesgo a considerar durante la biorremediación de emplazamientos contaminados.

Los estudios con cultivos puros aportan una información fundamental sobre los mecanismos implicados en la degradación de contaminantes orgánicos y son clave para nutrir las bases de datos que permiten enfoques -ómicos. Sin embargo, infraestiman la diversidad real de las comunidades naturales y no permiten conocer las interacciones entre los distintos componentes que contribuyen a los flujos de carbono que determinan la eventual eliminación de los contaminantes orgánicos. La introducción de herramientas de metagenómica basadas en la amplificación del gen del ARNr 16S ha permitido identificar nuevas poblaciones asociadas a la degradación de

hidrocarburos, ya sea a partir del análisis de los cambios estructurales del microbioma de muestras ambientales en respuesta a la presencia de contaminantes o del estudio de consorcios microbianos. Estas estrategias permiten asignar un posible rol a las poblaciones detectadas mediante inferencia filogenética basada en aislados degradadores conocidos. Sin embargo, la función de una fracción importante de las comunidades ambientales, para las que todavía no existen representantes aislados, permanece desconocida. Actualmente, la utilización de herramientas de metagenómica funcional ha supuesto un paso adelante en la comprensión de estas poblaciones, permitiendo la reconstrucción de los genomas de bacterias no aisladas a partir de datos metagenómicos. Un avance adicional en esta estrategia es la utilización de estas herramientas metagenómicas combinadas con la aplicación de isótopos estables (normalmente ^{13}C para contaminantes orgánicos) a muestras ambientales (*DNA-stable isotope probing*, en inglés). Esta aproximación permite recuperar específicamente los genomas de las poblaciones ligadas a la utilización de un contaminante concreto introducido como trazador, permitiendo la reconstrucción *in situ* de rutas metabólicas de contaminantes diana sin necesidad del aislamiento de los microorganismos implicados.

El análisis genómico de bacterias todavía no aisladas proporciona, además, información sobre sus potenciales auxotrofías o requerimientos nutricionales específicos, lo que permite el diseño de nuevas estrategias de aislamiento dirigido. Recientemente, se ha aplicado con éxito esta estrategia para la recuperación en cultivo puro de aislados especializados en la degradación de productos de transformación de HAPs, que hasta el momento se habían mostrado elusivos al cultivo. Mediante el posterior análisis multiómico de estos cultivos hemos reconstruido rutas metabólicas para la degradación de compuestos polares, identificando enzimas clave para su degradación atípicos en el metabolismo de HAPs. Estas poblaciones, altamente especializadas en la degradación de compuestos polares, ponen de manifiesto la importancia de las complejas redes catabólicas microbianas para la eliminación completa del riesgo asociado a los contaminantes orgánicos y sus productos de transformación.

Como se ha comentado, nuestro grupo de investigación, además de realizar investigación básica en el campo de la

biodegradación y biorremediación de contaminantes orgánicos, tiene una elevada actividad de transferencia tecnológica al sector medioambiental. Realizamos tareas de diseño y evaluación de estrategias de biorremediación en emplazamientos contaminados, facilitando la toma de decisiones en relación a los tratamientos más adecuados para cada emplazamiento específico. Estas estrategias incluyen tanto aproximaciones de bioestimulación, como el desarrollo y escalado de inóculos microbianos *ad-hoc* para su aplicación en estrategias de bioaumentación con poblaciones autóctonas. Posteriormente, para garantizar la efectividad de los tratamientos propuestos, llevamos a cabo una monitorización diagnóstica del proceso en base a la detección de indicadores de biodegradación activa. Estos indicadores incluyen el recuento de poblaciones degradadoras específicas, la aplicación de una batería de biomarcadores moleculares por qPCR para la cuantificación de genes clave ligados a procesos de biodegradación, el seguimiento de cambios en el microbioma en respuesta al tratamiento, o la identificación de marcadores químicos. Entre estos últimos se incluye la elaboración de ratios diagnóstico a partir de cambios en la composición de mezclas de contaminantes atribuibles a degradación microbiana, el enriquecimiento isotópico mediante CSIA (*compound specific isotopic analysis*, en inglés), o la detección de productos de transformación microbiana.

Publicaciones seleccionadas (últimos 10 años)

Jiménez-Volkerink SN, Jordán M, Smidt H, Minguillón C, Vila J, Grifoll M. (2023). Metagenomic insights into the microbial cooperative networks of a benz(a)anthracene-7,12-dione degrading community from a creosote-contaminated soil. *Sci. Tot. Environ.* 907: 167832.

Jiménez-Volkerink SN, Jordán M, Smidt H, Singleton DR, Grifoll M, Vila J. (2023). Bacterial benz(a)anthracene catabolic networks in contaminated soils and their modulation by other co-occurring HMW-PAHs. *Environ. Pollution.* 328: 121624.

Jiménez-Volkerink SN, Vila J, Jordán M, Minguillón C, Smidt H, Grifoll M. (2023). Multi-omic profiling of a newly isolated oxy-PAH degrading specialist from

PAH-contaminated soil reveals bacterial mechanisms to mitigate the risk posed by polar transformation products. *Environ. Sci. Technol.* 57: 139-149.

Lundstedt S, Bandowe BAM, Wickle W, Boll E, Christensen J, Vila J, Grifoll M, Faure P, Bianche C, Lorgeoux C, Larsson M, Irgum KF, Ivarsson P, Ricci M. (2014). First intercomparison study on the analysis of oxygenated polycyclic aromatic hydrocarbons (oxy-PAHs) and nitrogen heterocyclic polycyclic aromatic compounds (N-PACs) in contaminated soil. *TrAC, Trends Anal. Chem.* 57: 83-92.

Posada-Baquero R, Jiménez-Volkerink SN, García JL, Vila J, Cantos M, Grifoll M, Ortega-Calvo JJ. (2020). Rhizosphere-enhanced biosurfactant action on slowly desorbing PAHs in contaminated soil. *Sci. Tot. Environ.* 720: 137608.

Posada-Baquero R, Grifoll M, Ortega-Calvo JJ. (2019). Rhamnolipid-enhanced solubilization and biodegradation of PAHs in soils after conventional bioremediation. *Sci Total Environ.* 668: 790-796.

Tian Z, Vila J, Yu M, Bodnar W, Aitken MD. (2018). Tracing the biotransformation of PAHs in contaminated soil using stable isotope-assisted metabolomics. *Environ. Sci. Technol. Let.* 5: 103-109.

Tian Z, Gold A, Nakamura J, Zhang Z, Vila J, Singleton DR, Collins LB, Aitken MD. (2017). Nontarget analysis reveals a bacterial metabolite of pyrene implicated in the genotoxicity of contaminated soil after bioremediation. *Environ. Sci. Technol.* 51, 7091-7100.

Tauler M, Vila J, Nieto JM, Grifoll M. (2016). Key high molecular weight PAH-degrading bacteria in a soil consortium enriched using a sand-in-liquid microcosm system. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 100(7):3321-3336.

Vila J, Tauler M, Grifoll M. (2015). Bacterial PAH degradation in marine and terrestrial habitats. *Curr. Op. Biotechnol.* 33:95-102.

Vila J, Tian Z, Wang H, Bodnar W, Aitken MD. (2020). Isomer-selective biodegradation of high-molecular-weight azaarenes in PAH-contaminated environmental samples. *Sci. Tot. Environ.* 707: 135503.

Biorremediación y procesos de economía circular empleando haloarqueas

ROSA MARÍA MARTÍNEZ ESPINOSA Y CARMEN PIRE GALIANA

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular y Edafología y Química Agrícola. Facultad de Ciencias. Instituto Multidisciplinar para el Estudio del Medio Ambiente "Ramón Margalef" Universidad de Alicante, Ap. 99, E-03080 Alicante, Spain.

✉ rosa.martinez@ua.es | carmen.pire@ua.es

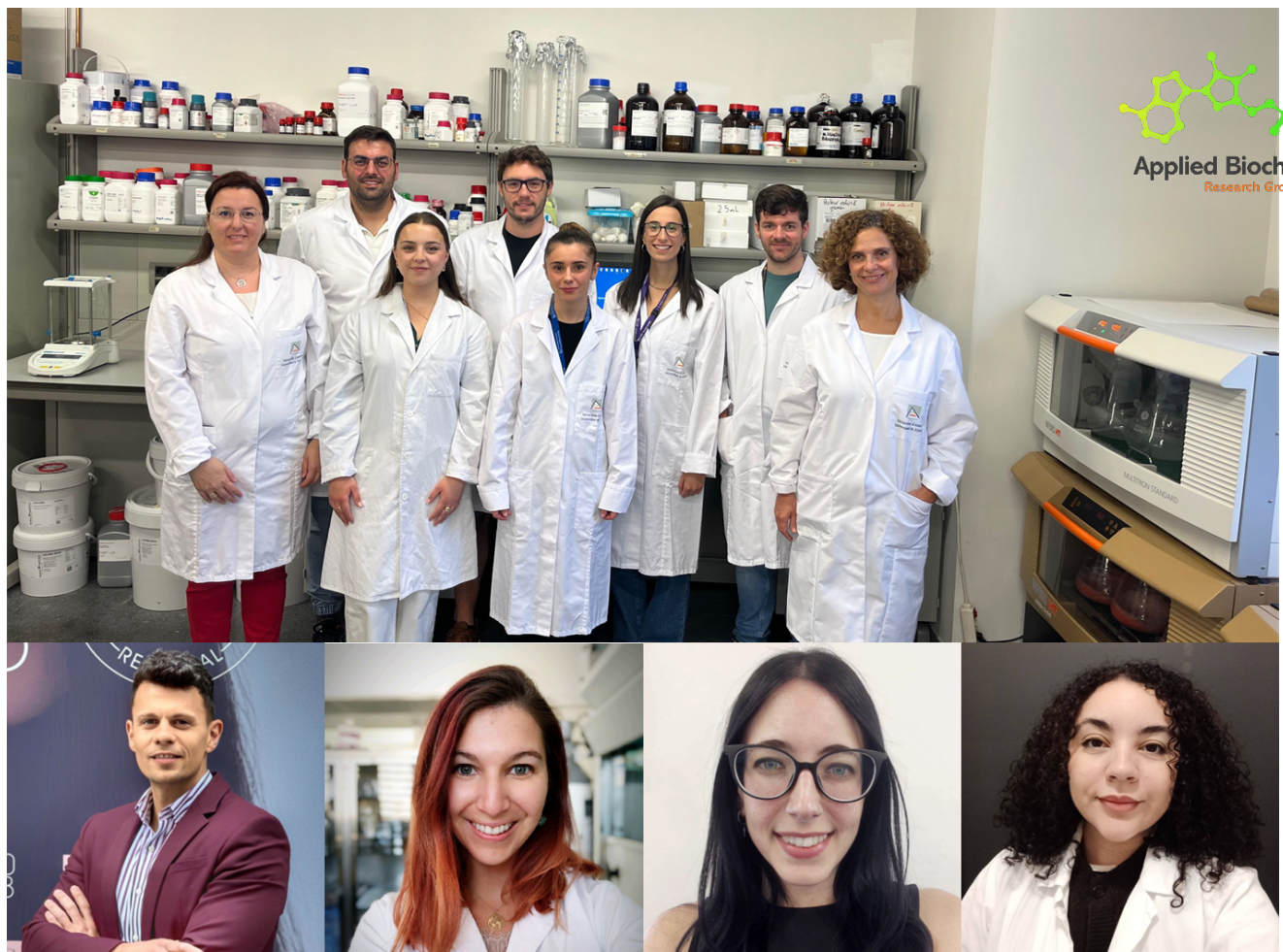


Figura 1. Logotipo del grupo de investigación y fotografía de los miembros del grupo (en la web que se indica abajo se puede encontrar información también sobre colaboradores externos del grupo). Fotografía superior (de izquierda a derecha): Rosa María Martínez Espinosa (investigadora principal), Guillermo Martínez Martínez, Alexandra Simica, Eric Bernabeu Sempere, Iraide Saez Zamacona, Elena Valdes Perpiña, José María Miralles Robledillo, Carmen Pire Galiana. Fotografías inferiores (de izda a derecha): Javier Torregrosa Crespo, Micaela Giani Alonso, Lorena Simó Cabrera y Nadia Harfi.

El grupo "Bioquímica Aplicada" fue creado oficialmente en la Universidad de Alicante en 2017 ([https://cvnet.cpd.ua.es/curriculum-breve/grp/es/bioquimica-aplicada-applied-biochemistry-\(appbiochem\)/659](https://cvnet.cpd.ua.es/curriculum-breve/grp/es/bioquimica-aplicada-applied-biochemistry-(appbiochem)/659), <https://www.flamingoua.com/>), como un

equipo de investigación multidisciplinar cuyos principales objetivos son:

- i) caracterizar microorganismos halófilos del dominio Archaea (haloarqueas) aislados principalmente de ecosistemas hipersalinos de la provincia de

Alicante, España (salinas costeras y de interior, así como lagunas saladas con concentraciones de sal superiores a las del agua de mar: saleros de Villena, salinas de Santa Pola y Laguna de Torrevieja) (Martínez *et al.*, 2022).



Figura 2. Esquema resumen del proceso de economía circular diseñado y desarrollado a escala laboratorio y prepiloto.

ii) explorar posibles aplicaciones biotecnológicas de dichos microorganismos y/o sus moléculas (en particular enzimas, carotenoides y biopolímeros de naturaleza plástica, o bien rutas metabólicas que permiten diseñar procesos de biorremediación de aguas residuales salinas y salmueras contaminadas) (Moopantakath *et al.*, 2023).

El objetivo último es diseñar e implementar procesos de economía circular que permitan realizar tratamientos de biorremediación de suelos y aguas salinas contaminadas empleando haloarqueas, así como valorizar residuos de otros procesos industriales al ser usados como materia prima para crecer haloarqueas que se emplean como factorías celulares para producir pigmentos naturales, enzimas y biopolímeros de naturaleza plástica.

En esta línea de investigación, inicialmente se llevó a cabo la caracterización a nivel bioquímico y molecular de la ruta metabólica denominada “Desnitrificación” en varias especies del género *Haloferax* (perteneciente a la familia *Haloferacaceae* del Dominio Archaea). Gracias a esta ruta, las haloarqueas desnitrificantes completas son capaces de utilizar el nitrato y el nitrito como aceptores terminales de electrones

en un proceso respiratorio anaeróbico que produce finalmente dinitrógeno como gas inocuo emitido a la atmósfera. Estos compuestos son tóxicos para la mayor parte de seres vivos cuando sus concentraciones en suelo y/o agua superan valores de 10 mg/L (ppm) para el nitrato y 1 mg/L (ppm) para el nitrito. En algunas regiones del sur y del litoral Mediterráneo Español, dichas concentraciones en suelos y aguas son elevadas por el uso excesivo de fertilizantes. Eso sumado a la aridez y la salinización de los suelos, está desembocando en un proceso de deterioro ecosistémico significativo, siendo el Mar Menor un claro ejemplo de ello (Bernabeu *et al.*, 2021; Miralles-Robledillo *et al.*, 2021).

Gracias al empleo de haloarqueas desnitrificantes completas, hemos demostrado que tanto el amonio (gracias a la ruta metabólica de reducción asimilativa de nitrato y asimilación de amonio), como el nitrato y el nitrito (vía desnitrificación) pueden ser eficientemente usados por las haloarqueas como fuente de nitrógeno en la primera de las rutas y para respirar en la segunda. Como consecuencia, estas especies nitrogenadas son eliminadas de suelos y salmueras, junto con otros compuestos como cloratos y percloratos (frecuentes en las formulaciones de mate-

rial pirotécnico, por ejemplo), ya que la primera enzima de la ruta de desnitrificación es capaz de reconocer también estos compuestos como sustratos.

El análisis molecular de los genomas de estas especies ha mostrado que tiene capacidad para metabolizar compuestos de azufre (muchos de los cuales son también tóxicos a baja concentración para la mayor parte de seres vivos), así como metales pesados y metaloides como el selenio. De entre todas las especies analizadas, *Haloferax mediterranei* ha resultado ser la más eficiente metabolizando los compuestos mencionados (Miralles-Robledillo *et al.*, 2019; Torregrosa-Crespo *et al.*, 2019; Torregrosa-Crespo *et al.*, 2020a; 2020b; Llorca *et al.*, 2022; Saez-Zamarcona *et al.*, 2023; Miralles Robledillo *et al.*, 2024). Eso nos llevó a planificar estudios para monitorizar el crecimiento de las haloarqueas en residuos de diversos procesos industriales para explorar la valorización de los mismos y en paralelo monitorizar la capacidad de biorremediación de dichos residuos por parte de las haloarqueas. De esta manera hemos utilizado mezclas eutécticas ampliamente utilizadas en diversos procesos catalíticos, salmueras de una empresa de explotación minera de la sal, residuos de empresas de encurtidos

y salazones, textil, así como residuos de industrias de golosinas (en este caso para emplearlos como fuente de carbono) (Torregrosa-Crespo *et al.*, 2020c; Martínez-Espinosa 2024).

La biomasa de haloarqueas que se obtenía en los procesos de estudio de capacidades metabólicas y posible uso en biorremediación, ha sido analizada encontrando que varias especies de haloarqueas producen moléculas de interés como pigmentos naturales (en particular el carotenoides raro C₅₀ denominado bacteriorrubrina), biopolímeros plásticos (polihidroxialcanoatos), además de nanopartículas (cuando crecen en salmueras contaminadas con metales pesados y metaloides) (Simó-Cabrera *et al.*, 2021; Rodrigo-Baños *et al.*, 2021; Moopantakath *et al.*, 2022). De esta forma, ha sido posible empezar a diseñar y desarrollar procesos basados en economía circular (figura 2)

Dichos procesos permiten integrar la biorremediación de suelos, salmueras contaminadas y residuos de determinadas empresas con la producción de compuestos de alto valor añadido en el mercado como pigmentos naturales (que se emplean posteriormente para formulaciones cosméticas, farmacológicas y en alimentos procesados), bioplásticos con propiedades fisicoquímicas genuinas que los hacen idóneos para la fabricación de material quirúrgico y prótesis, así como nanopartículas (en estos momentos utilizadas entre otros sectores en el de electricidad, administración de fármacos, industria de las pinturas y cristales) (Martínez-Espinosa 2024; Simó-Cabrera *et al.*, 2024).

Bibliografía

- Bernabeu E, Miralles-Robledillo JM, Giani M, Valdés E, Martínez-Espinosa RM, Pire C.** (2021). In silico analysis of the enzymes involved in haloarchaeal denitrification. *Biomolecules*. 11(7):1043. doi: <https://doi.org/10.3390/biom11071043>
- Llorca MG, Martínez-Espinosa RM.** (2022). Assessment of *Haloferax mediterranei* genome in search of copper-molecular machinery with potential applications for bioremediation. *Front Microbiol*. 13:895296. doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.895296>
- Martínez GM, Pire C, Martínez-Espinosa RM.** (2022). Hypersaline environments as natural sources of microbes with potential applications in biotechnology: The case of solar evaporation systems to produce salt in Alicante County (Spain). *Curr Res Microb Sci*. 3:100136. doi: <https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2022.100136>
- Martínez-Espinosa RM.** (2024). Halophilic archaea as tools for bioremediation technologies. *Appl Microbiol Biotechnol*. 108(1):401. doi: <https://doi.org/10.1007/s00253-024-13241-z>
- Miralles-Robledillo JM, Martínez-Espinosa RM, Pire C.** (2024). Transcriptomic profiling of haloarchaeal denitrification through RNA-Seq analysis. *Appl Environ Microbiol*. 90(6):e0057124. doi: <https://doi.org/10.1128/aem.00571-24>
- Miralles-Robledillo JM, Bernabeu E, Giani M, Martínez-Serna E, Martínez-Espinosa RM, Pire C.** (2021). Distribution of denitrification among haloarchaea: a comprehensive study. *Microorganisms*. 9(8):1669. doi: <https://doi.org/10.3390/microorganisms9081669>
- Miralles-Robledillo JM, Torregrosa-Crespo J, Martínez-Espinosa RM, Pire C.** (2019). DMSO Reductase Family: Phylogenetics and applications of extremophiles. *Int J Mol Sci*. 20(13):3349. doi: <https://doi.org/10.3390/ijms20133349>
- Moopantakath J, Imchen M, Anju VT, Busi S, Dyavaiah M, Martínez-Espinosa RM, Kumavath R.** (2023). Bioactive molecules from haloarchaea: Scope and prospects for industrial and therapeutic applications. *Front Microbiol*. 14:1113540. doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1113540>
- Moopantakath J, Imchen M, Sreevalsan A, Siddhardha B, Martínez-Espinosa RM, Kumavath R.** (2022). Biosynthesis of silver chloride nanoparticles (AgCl-NPs) from extreme halophiles and evaluation of their Biological Applications. *Curr Microbiol*. 79(9):266. doi: <https://doi.org/10.1007/s00284-022-02970-x>
- Rodrigo-Baños M, Montero Z, Torregrosa-Crespo J, Garbayo I, Vílchez C, Martínez-Espinosa RM.** (2021). Haloarchaea: A promising biosource for carotenoid production. *Adv Exp Med Biol*. 1261:165-174. doi: https://doi.org/10.1007/978-981-15-7360-6_13
- Saez-Zamacona I, Grindlay G, Martínez-Espinosa RM.** (2023). Evaluation of *Haloferax mediterranei* Strain R4 capabilities for cadmium removal from brines. *Mar Drugs*. 21(2):72. doi: <https://doi.org/10.3390/md21020072>
- Simó-Cabrera L, García-Chumillas S, Benitez-Benitez SJ, Cánovas V, Monzó F, Pire C, Martínez-Espinosa RM.** (2024). Production of Poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) (PHBV) by *Haloferax mediterranei* using candy industry waste as raw materials. *Bioengineering (Basel)*. 11(9):870. doi: <https://doi.org/10.3390/bioengineering11090870>
- Simó-Cabrera L, García-Chumillas S, Hagagy N, Saddiq A, Tag H, Selim S, AbdElgawad H, Arribas Agüero A, Monzó Sánchez F, Cánovas V, Pire C, Martínez-Espinosa RM.** (2021). Haloarchaea as cell factories to produce bioplastics. *Mar Drugs*. 19(3):159. doi: <https://doi.org/10.3390/md19030159>
- Torregrosa-Crespo J, Pire C, Richardson DJ, Martínez-Espinosa RM.** (2020a). Exploring the molecular machinery of denitrification in *Haloferax mediterranei* through proteomics. *Front Microbiol*. 11:605859. doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.605859>
- Torregrosa-Crespo J, Pire C, Bergaust L, Martínez-Espinosa RM.** (2020b). *Haloferax mediterranei*, an archaeal model for denitrification in saline systems, characterized through integrated physiological and transcriptional analyses. *Front Microbiol*. 11:768. doi: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00768>
- Torregrosa-Crespo J, Maset X, Guillena G, Ramón DJ, Martínez-Espinosa RM.** (2020c). New guidelines for testing "Deep eutectic solvents" toxicity and their effects on the environment and living beings. *Science of The Total Environment*, 704, 135382, doi: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.135382>
- Torregrosa-Crespo J, Pire C, Martínez-Espinosa RM, Bergaust L.** (2019). Denitrifying haloarchaea within the genus *Haloferax* display divergent respiratory phenotypes, with implications for their release of nitrogenous gases. *Environ Microbiol*. 21(1):427-436. doi: <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14474>

Degradación de disruptores endocrinos

JUAN IBERO, BEATRIZ GALÁN Y JOSÉ LUIS GARCÍA

Grupo de Biotecnología Medioambiental. Departamento de Biotecnología. Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas. Consejo Superior de Investigaciones Científicas. C/ Ramiro de Maeztu 9. 28040 Madrid.

✉ jicaballero@cib.csic.es | bgalan@cib.csic.es | jlgarcia@cib.csic.es



Grupo de Biotecnología Medioambiental.

Los esteroides son compuestos ampliamente distribuidos en la naturaleza, involucrados en muy diversas funciones biológicas y cuya estructura química los hace especialmente recalcitrantes a la degradación microbiana. Desde un punto de vista medioambiental los esteroides tienen relevancia por estar entre los medicamentos más producidos por la industria farmacéutica y porque su liberación al medio ambiente supone un riesgo para la salud humana y animal.

En los últimos años la contaminación ambiental producida por los esteroides denominados como disruptores endocrinos (EDCs) ha recibido una enorme atención, ya que son sustancias capaces de afectar la salud a nivel sistémico y cuya ubicuidad supone un riesgo a nivel global. Dentro de estos compuestos destacan por su creciente presencia en diferentes nichos ecológicos los estrógenos, un tipo de hormonas esteroideas, que poseen una alta toxicidad a muy bajas concentraciones.

Aunque se ha propuesto que la degradación microbiana de los EDCs podría ser un método eficaz para eliminar estos compuestos, apenas se conocen la genética y la bioquímica de las rutas metabólicas microbianas implicadas en estos procesos de degradación.

Las bacterias de la familia Sphingomonadaceae, caracterizadas por su capacidad de metabolizar diferentes compuestos contaminantes, se han propuesto como

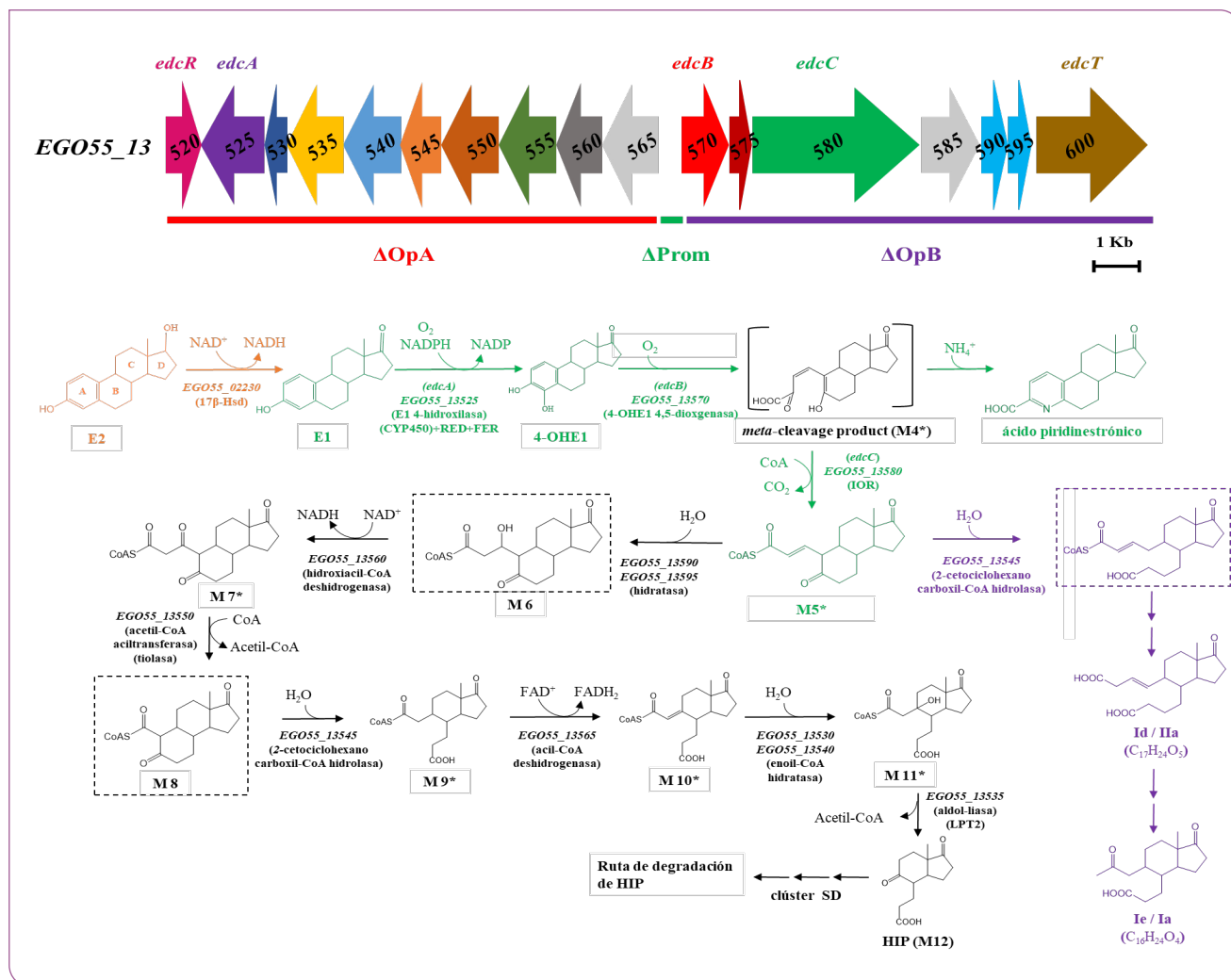


Figura 1. Clúster génico responsable de la degradación del estradiol y la estrona en *C. tardaogens* y esquema de la ruta metabólica propuesta (Ibero et al., 2020).

modelos para estudiar la degradación de estrógenos, sin embargo, la dificultad para producir modificaciones genéticas en las cepas naturales descritas complica las tareas de caracterización de las rutas.

Nuestros trabajos para caracterizar las rutas bacterianas de degradación de EDCs se iniciaron con la caracterización genómica de una bacteria inicialmente denominada como *Novosphingobium tardaogens* NBRC 16725 que fue aislada a partir de lodos de depuradora por su capacidad de degradar EDCs (Fujii et al., 2022). Esta alfaproteobacteria actualmente se ha reclasificado como *Caenibius tardaogens* (Hördt et al., 2020).

Un primer estudio comparativo del genoma de *C. tardaogens* (Ibero et al., 2019a) reveló la existencia de un clúster de genes

cuya organización era similar a la del clúster de genes implicados en la degradación de la testosterona en la bacteria modelo *Comamonas testosteroni* TA441. La identidad de secuencia de las proteínas codificadas en este clúster permitió asignar una función a cada uno dentro de la ruta de degradación de testosterona en *C. tardaogens*. El desarrollo por primera vez de herramientas de ingeniería genética en esta bacteria ha permitido realizar estudios para asignar funciones a los genes de las rutas metabólicas realizando modificaciones en su genoma, facilitando su uso para el estudio de la degradación aeróbica de la testosterona en esta bacteria (Ibero et al., 2019b).

Por otro lado, el estudio del transcriptoma completo de *C. tardaogens* cultivada en estradiol como única fuente de carbono reveló la existencia de un clúster de genes

inducido específicamente por estradiol (clúster *edc*, *EGO55_13520-EGO55_13600*) (Ibero et al., 2020). La mutagénesis de la región promotora y de los dos operones que componían el clúster mostró que efectivamente estaba implicado en el metabolismo del estradiol. La mutagénesis dirigida de genes concretos del clúster sirvió para demostrar que, al menos 3 de ellos, eran esenciales para la degradación del estradiol. Especialmente, los ensayos enzimáticos llevados a cabo con el citocromo P450 *EdcA*, codificado por el gen *EGO55_13525* contenido en este clúster, demostraron por primera vez que este citocromo tenía una actividad estrona 4-hidroxilasa que constituye el primer paso de la degradación metabólica de la estrona (Figura 1).

El estudio de la regulación transcripcional de la ruta de degradación del estradiol

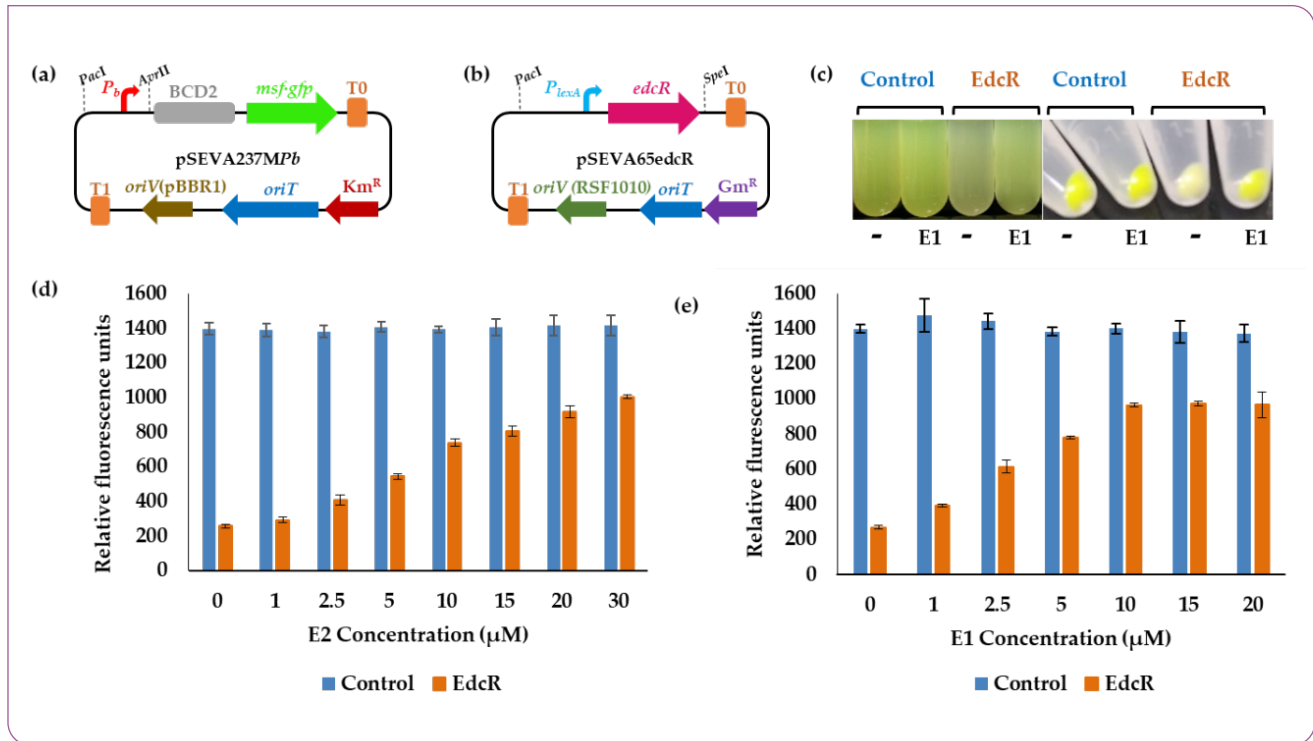


Figura 2. Construcción de un biosensor celular basado en el regulador EdcR para detectar estradiol (E2) y estrona (E1) en aguas contaminadas con estos compuestos. Se muestran los plásmidos utilizados para la detección mediante la proteína fluorescente verde (gfp) (Ibero et al., 2021).

reveló también la existencia de un represor, EdcR, codificado por el gen *EGO55_13520*, asociado al clúster. Este regulador responde específicamente a estrona y estradiol, que actúan como inductores específicos (Ibero et al., 2021). Con este regulador, que de momento es el único regulador bacteriano conocido capaz de reconocer estrógenos de manera selectiva, hemos diseñado un biosensor celular de fluorescencia en *Escherichia coli* que permite detectar la presencia de estrona o estradiol en aguas contaminadas con estos EDCs a simple vista (Figura 2).

Otro resultado curioso de estos estudios, ha sido la demostración de que *C. tardaugens* acumula polihidroxicanoatos (PHAs) en forma de gránulos, al crecer en condiciones de desbalance de nitrógeno, utilizando esteroides como única fuente de carbono (Ibero et al., 2022) (Figura 3). El PHA producido es un copolímero de polihidroxibutirato y polihidroxivalerato.

Por último, hay que señalar que esta bacteria tiene la capacidad de degradar, además de estrona, estradiol y testosterona, sales biliares como el colato y el desoxico-

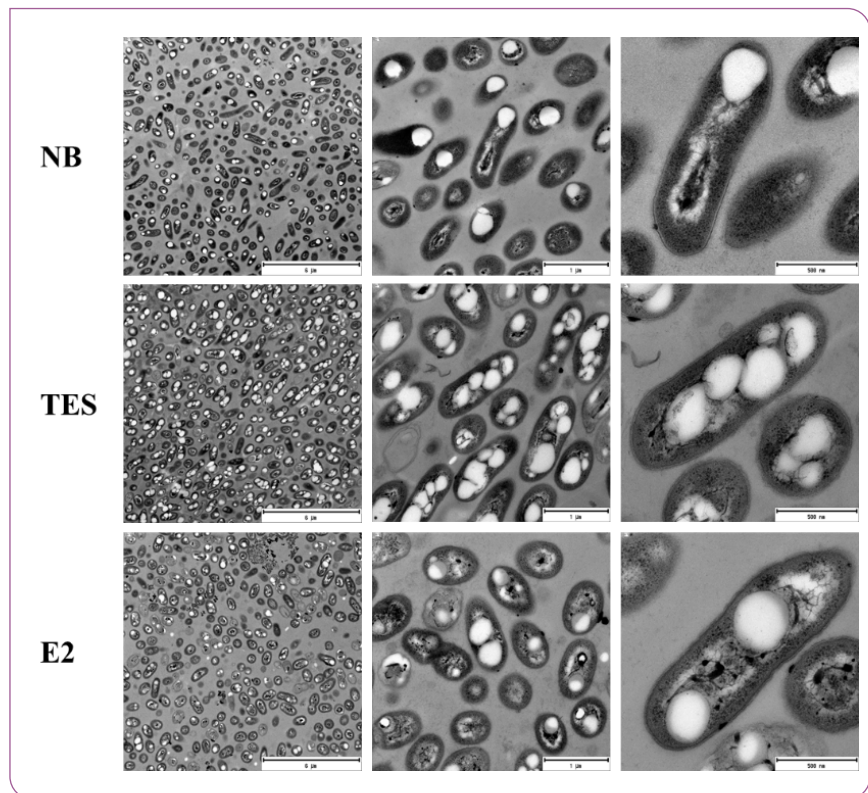


Figura 3. Producción de gránulos de polihidroxicanoatos en *C. tardaugens* utilizando como sustratos los esteroides, testosterona (TES) y estradiol (E2). NB, control de Nutrient Broth (Ibero et al., 2022).

lato, y otros esteroides como progesterona y pregnenolona. Por lo tanto, *C. tardaogens* es una bacteria con amplias posibilidades para ser utilizada en consorcios microbianos artificiales para depurar aguas contaminadas con diferentes compuestos esteroideos.

Pero lo más sorprendente de estos estudios es que esta bacteria es capaz de utilizar el colesterol como fuente de carbono y energía para crecer, una característica poco común en bacterias Gram-negativas. *C. tardaogens* utilizaría una nueva ruta de degradación aún desconocida, y que actualmente estamos estudiando. La caracterización de una ruta no descrita presenta una prometedora oportunidad de producir esteroides y sintonas útiles para la semisíntesis de nuevos esteroides de uso farmacéutico. El conocimiento adquirido permitiría el desarrollo de un nuevo proceso biotecnológico de biotransformación de esteroides naturales, ya sea en esta bacteria o en otra bacteria que actúe como hospedadora de la nueva ruta metabólica.

Estos trabajos han sido financiados mediante los proyectos ELISA de la Fundación Ramón Areces, Intramural-202220E018 del CSIC, y PID2019-110612RB-I00 y

PID2021-125370OB-I00 del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades.

Referencias

Fujii K, Kikuchi S, Satomi M, Ushio-Sata N, y Morita N. (2002). Degradation of 17 β -estradiol by a gram-negative bacterium isolated from activated sludge in a sewage treatment plant in Tokyo, Japan. *Appl Environ Microbiol* 68: 2057-60.

Hördt A, López MG, Meier-Kolthoff JP, Schleuning M, Weinhold LM, Tindall BJ, et al. (2020). Analysis of 1,000+ type-strain genomes substantially improves taxonomic classification of alphaproteobacteria. *Front Microbiol* 11: 468.

Ibero J, Sanz D, Galán B, Díaz E, y García JL. (2019a). High-quality whole-genome sequence of an estradiol-degrading strain, *Novosphingobium tardaogens* NBRC 16725. *Microbiol Resour Announc* 11: e01715-18.

Ibero J, Galán B, Díaz E, y García JL. (2019b). Testosterone degradative pathway of *Novosphingobium tardaogens*. *Genes* 10: 871.

Ibero J, Galán B, Rivero-Buceta V, y García JL. (2020). Unraveling the 17 β -estradiol degradation pathway in *Novosphingobium tardaogens* NBRC 16725. *Front Microbiol*. 11: 588300.

Ibero J, Galán B, y García JL. (2021). Identification of the EdcR estrogen-dependent repressor in *Caenibius tardaogens* NBRC 16725: Construction of a cellular estradiol biosensor. *Genes* 12: 1846.

Ibero J, Rivero-Buceta V, García JL, y Galán B. (2022). Polyhydroxyalkanoate production by *Caenibius tardaogens* from steroidal endocrine disruptors. *Microorganisms* 10: 706.



Grupo de Microbiología Ambiental y Sostenibilidad del IRTA

MARC VIÑAS¹, FRANCESC X PRENAFETA-BOLDÚ¹; MIRIAM GUIVERNÀU¹, GEMMA BURÓN¹; BELÉN FERNÁNDEZ¹, AMAIA NOGALES² Y CARMEN BIEL²

Institut de Recerca i Tecnologia Agrolimentàries (IRTA). ¹Programa de Sostenibilitat en Biosistemes. Torre Marimón, 08140 Caldes de Montbui (Barcelona). ²Programa de Protecció Vegetal Sostenible, 08348 Cabriels (Barcelona).

✉ marc.vinas@irta.cat

El grupo de investigación de Microbiología Ambiental y Sostenibilidad (MAS) inició su actividad en 2007, y se compone en la actualidad de un equipo multidisciplinar de investigadores del IRTA que incluye biólogos, microbiólogos, biotecnólogos, químicos, ingenieros químicos e ingenieros agrónomos. La mayoría de sus integrantes forman parte del grupo de investigación consolidado “Sostenibilidad en Biosistemas” (Generalitat de Catalunya, AGAUR, 2021 SGR 01568). Las líneas de investigación del Grupo están focalizadas principalmente en el ámbito de la biodegradación microbiana y las comunidades microbianas complejas asociadas a estos bioprocesos, y su aplicación en la biorremediación de ambientes afectados por diferentes tipologías de contaminantes. Estos ambientes contaminados incluyen las aguas superficiales y subterráneas, los suelos, y las emisiones gaseosas, tanto en el ámbito industrial como en el agrícola.



Integrantes del grupo de investigación MAS (de izquierda a derecha, y de arriba abajo): Francesc Prenafeta; Marc Viñas, Carmen Biel; Miriam Guivernau; Belén Fernández y Gemma Burón (Amaia Nogales, ausente).

Biodegradación y ecología microbiana en ambientes impactados por contaminantes de origen industrial

En este ámbito destacan los estudios de bioestimulación, bioaumentación y ecología microbiana de las poblaciones nativas (bacterias y hongos) en suelos contaminados por mezclas complejas de hidrocarburos pesados, principalmente HAPs, de baja degradabilidad y biodisponibilidad en emplazamientos de origen industrial (Lladó *et al.*, 2013; Viñas *et al.*, 2005), donde también se observó el efecto diferencial de

ciertos tensioactivos frente a la diversidad y función degradadora de comunidades microbianas con potencial degradador (Lladó *et al.*, 2015). También, se han realizado estudios de biodegradación de compuestos monoaromáticos en fase volátil para el tratamiento de emisiones gaseosas industriales de compuestos TEX y otros volátiles mediante técnicas de biofiltración (Prenafeta-Boldú *et al.*, 2012; Prenafeta-Boldú *et al.*, 2019). Los estudios más recientes se han centrado en comprender mejor la interacción sinérgica entre las poblaciones fúngicas y bacterianas en suelos contaminados, pudiendo mejorar el potencial microbiano

de degradación de hidrocarburos pesados del suelo mediante la bioaumentación de hongos nativos del suelo (Medaura *et al.*, 2021). Asimismo, en la actualidad también se está trabajando en la bioestimulación de aguas subterráneas por aditivos etoxilados de la gasolina, y en la generación de consorcios microbianos sintéticos y su estudio a nivel metagenómico. También se realiza en colaboración con otros grupos de investigación, y/o empresas, el seguimiento de procesos de bioestimulación y bioaumentación in-situ de aguas contaminadas por organoclorados e hidrocarburos y derivados (Gil-Villalba *et al.*, 2024).

Biorremediación de suelos y aguas subterráneas en el ámbito agrícola

La aplicación inadecuada de fertilizantes sintéticos y orgánicos en la agricultura, conjuntamente con el uso de pesticidas, ha resultado en el ampliamente conocido problema de la contaminación difusa de los acuíferos por nitratos, que a menudo se ve agravado por la presencia de microcontaminantes. Gracias a diferentes estudios colaborativos, hemos podido identificar a los principales microorganismos desnitrificantes heterótrofos y autótrofos en diferentes estudios en aguas subterráneas reales (Calderer *et al.*, 2014; Torrentó *et al.*, 2011). En los últimos años hemos coordinado el proyecto SPOT LIFE18 ENV/ES/000199 (<https://lifepotproject.eu/>), para la eliminación de nitratos y microcontaminantes en aguas subterráneas en zonas rurales, mediante la combinación secuencial de un fotobiorreactor de microalgas y un biofiltro anaerobio. Los resultados indican que los procesos microbianos de descomposición y fermentación de residuos lignocelulósicos de la madera, y la consiguiente desnitrificación heterótrofa en el biofiltro anaerobio, son el principal mecanismo para la eliminación de nitratos y ciertos microcontaminantes del agua subterránea, (Casas *et al.*, 2023).

Asimismo, la presencia de metales pesados en suelos agrícolas es habitual debido a su utilización como plaguicidas, o por su presencia en determinados fertilizantes orgánicos, que puede dar lugar a problemas de acumulación a largo plazo. Los investigadores del equipo de Salud del Suelo del Programa de Protección Vegetal Sostenible tienen amplia experiencia en interacciones planta-suelo y planta-microorganismo, especialmente con hongos mutualistas. Sus líneas de investigación se centran principalmente en el uso de microorganismos beneficiosos del suelo (hongos formadores de micorrizas arbusculares, hongos melanizados endófitos septados - *dark septate endophytes*) para mejorar la tolerancia de las plantas a factores de estrés biótico (patógenos) y abiótico en el suelo (déficit hídrico, salinidad, incluyendo la contaminación del suelo por metales; Nogales *et al.*, 2012, 2019, 2023; proyecto RHIZOIMPROVE-PID2023-147360OR-C31), y conseguir así una mejora en la salud del suelo y las plantas en un contexto cambio climático.

Asimismo, cuenta con amplia experiencia en el estudio de la diversidad microbiana de endófitos radiculares, suelo y rizosfera, especialmente en microorganismos beneficiosos, y en el aislamiento y caracterización de microorganismos adaptados a estrés abiótico (salinidad y metales), y la producción de inóculos para su aplicación en contextos agrícolas y en suelos degradados (Navarro-Torre *et al.*, 2023).

Mejora de la sostenibilidad en agrosistemas: secuestro de carbono, mitigación de GEI y recuperación de nutrientes

La mejora de la huella de carbono en diferentes agrosistemas mediante el estudio de diferentes bioprocesos microbianos es una línea emergente del grupo, sustanciada gracias a diferentes proyectos de investigación en curso. Destaca el proyecto MIC-RICE (PID2019-111572RB-I00) en el que se han estudiado estrategias avanzadas para la mitigación de las emisiones de metano en arrozales, mediante el uso de (bio)materiales electroconductores que incentivan el metabolismo exoelectrogénico de la microbiota del suelo. Se ha identificado que la melanina fúngica es un material de interés con potencial bioelectroquímico sinérgico con bacterias electroactivas como *Geobacter* sp. (Medina-Armijo *et al.*, 2024b), y con potencial para la mitigación de emisiones de metano (Medina-Armijo *et al.* 2024c) (accepted). Asimismo, actualmente estamos iniciando nuevas líneas de investigación para estudiar estrategias microbianas innovadoras para el secuestro del carbono en suelos agrícolas en diferentes cultivos. También se están desarrollando trabajos en la recuperación de nutrientes y de biogás en subproductos agrícolas para una mayor sostenibilidad de los cultivos y para la mejora de la calidad del suelo. En el proyecto SUSTAINOLIVE (<https://sustainolive.eu/>), se recuperó estruvita, compost enriquecido en P, y biogás, a partir de subproductos del sector olivarero-aceite de oliva. En el proyecto CIRCULAR AGRONOMICS (<https://cordis.europa.eu/project/id/773649>), se han evaluado productos fertilizantes orgánicos a partir de digeridos de deyecciones ganaderas y residuos agroindustriales (Morey L., *et al.*, 2023).

Líneas de investigación emergentes: Nuevas biotecnologías fúngicas basadas en hongos melanizados

Estos organismos, conocidos en inglés como *black yeasts* o *black fungi*, constituyen un grupo diverso de hongos (predominantes en las subclases Chaetothyriomycetidae y Dothideomycetidae) caracterizados por su capacidad para producir melanina en sus paredes celulares, lo que les otorga un color oscuro y una notable resistencia a condiciones ambientales extremas. Esta extremotolerancia les permite colonizar hábitats hostiles como suelos contaminados y participar en procesos de biodeterioro (Baron *et al.*, 2021; Prenafeta-Boldú *et al.*, 2022; Madrid *et al.*, 2023). Hemos podido observar que estos organismos son muy abundantes en entornos ricos en hidrocarburos (Isola *et al.*, 2021), y que diversas especies tienen la capacidad de utilizar determinados hidrocarburos aromáticos y alifáticos como única fuente de carbono, pero su aislamiento requiere de técnicas selectivas específicas (Prenafeta-Boldú *et al.*, 2018). También son tolerantes a concentraciones tóxicas de metales pesados (Medina-Armijo *et al.* 2024a), fenómeno en el que la capacidad de absorción de la melanina parece jugar un papel importante (Melina Armijo *et al.*, 2024b). También se ha podido verificar que ciertos hongos melanizados endófitos septados (*dark septate endophytes*) pueden establecer relaciones sintróficas con las raíces de una gran variedad de vegetales (Quan *et al.*, 2024), ofreciendo nuevas alternativas para una agricultura más resiliente y para diseñar nuevos procesos de biorremediación.

Líneas de investigación emergentes: (Bio)degradación de plásticos en agrosistemas

El polietileno es un plástico común en suelos agrícolas, cuya contaminación afecta la calidad del suelo y la productividad. Los microplásticos ingresan al suelo principalmente a través de biosólidos y compost, usados como fertilizantes y ahora identificados como fuentes de contaminación. Esto destaca la necesidad de prácticas agrícolas

responsables, dirigiendo nuestros objetivos hacia el estudio de la (bio)degradación microbiana de plásticos en distintos entornos. Para ello se optimizarán combinación de tratamientos físico-químicos con el empleo de consorcios microbianos obtenidos mediante Evolución Adaptativa en Laboratorio (ALE) para seleccionar microorganismos con alto potencial degradativo. Esta línea está siendo impulsada mediante un contrato Ramón y Cajal, en continuidad con proyectos previos [MSCA-IF 2019-2022 (No. 840038) SOLFORPLAS y Beatriu de Pinós (BP-2021-00069)].

Referencias

- Baron, N.C., Pagnocca, F.C., Otsuka, A.A., Prenafeta-Boldú, F.X., Vicente, V.A. and Attili de Angelis, D. (2021). Black fungi and hydrocarbons: an environmental survey for alkylbenzene assimilation. *Microorganisms* 9(5), 1008.
- Calderer, M., Martí, V., De Pablo, J., Guivernau, M., Prenafeta-Boldú, F. X., & Viñas, M. (2014). Effects of enhanced denitrification on hydrodynamics and microbial community structure in a soil column system. *Chemosphere*, 111, 112-119.
- Casas, M. E., Guivernau, M., Viñas, M., Fernández, B., Cáceres, R., Biel, C., & Matamoros, V. (2023). Use of wood and cork in biofilters for the simultaneous removal of nitrates and pesticides from groundwater. *Chemosphere*, 313, 137502.
- Gil-Villalba, S., Palau, J., Soder-Walz, J. M., Vallecillo, M. A., Corregidor, J., Tirado, A., ... Guivernau, M.; Viñas, M.; Soler, A., & Rosell, M. (2024). Use of isotopic (C, Cl) and molecular biology tools to assess biodegradation in a source area of chlorinated ethenes after biostimulation with Emulsified Vegetable Oil (EVO). *Science of the Total Environment*, 951, 175351.
- Isola, D., Scano, A., Orrù, G., Prenafeta-Boldú, F.X. and Zucconi, L. (2021). Hydrocarbon-contaminated sites: Is there something more than *Exophiala xenobiotica*? New insights into black fungal diversity using the long cold incubation method. *Journal of Fungi* 7(10), 817.
- Lladó, S., Covino, S., Solanas, A. M., Petruccioli, M., D'annibale, A., & Viñas, M. (2015). Pyrosequencing reveals the effect of mobilizing agents and lignocellulosic substrate amendment on microbial community composition in a real industrial PAH-polluted soil. *Journal of hazardous materials*, 283, 35-43.
- Lladó, S., Gràcia, E., Solanas, A. M., & Viñas, M. (2013). Fungal and bacterial microbial community assessment during bioremediation assays in an aged creosote-polluted soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 67, 114-123.
- Madrid, H., Gené, J., Quijada, L., Cantillo, T., Gacitúa, R., Valdés, J., Sánchez, C., Prenafeta-Boldú, F.X., Wijayawardene, N., Silva, V. and Godoy, P. (2023). *Exophiala atacamensis*, sp. nov., and *E. crusticola* from the Atacama Desert, northern Chile. *Sydowia* 75, 181-192.
- Medaura, M. C., Guivernau, M., Moreno-Ventas, X., Prenafeta-Boldú, F.X., & Viñas, M. (2021). Bioaugmentation of native fungi, an efficient strategy for the bioremediation of an aged industrially polluted soil with heavy hydrocarbons. *Frontiers in Microbiology*, 12, 626436.
- Medina-Armijo, C., Isola, D., Illa, J., Puerta, A., Viñas, M. and Prenafeta-Boldú, F.X. (2024a). The metallotolerance and biosorption of As(V) and Cr(VI) by black fungi. *Journal of Fungi* 10(1), 47.
- Medina-Armijo, C., Yousef, I., Berná, A., Puerta, A., Esteve-Núñez, A., Viñas, M. and Prenafeta-Boldú, F.X. (2024b). Characterization of melanin from *Exophiala mesophila* with the prospect of potential biotechnological applications. *Frontiers in Fungal Biology* 5.
- Medina-Armijo, C., Fernández, B., Lucas, Y., Guivernau, M., Noguero, J., Marchesi, M., Martínez-Eixarch, M., Alcaraz, C., and Viñas, M. (accepted) Utilizing conductive materials for reducing methane emissions in postharvest paddy rice soil microcosms. *Science of the Total Environment*. Recently accepted (3 Dec 2024).
- Morey L., Fernández B., Tey L., Biel C., Robles-Aguilar A., Meers E., Soler J., Porta R., Costs M., Riau V. (2023). Acidification and solar drying of manure-based digestate to produce improved fertilizing products. *Journal of Environmental Management*, 336, 117664.
- Navarro-Torre S.; Ferrario S.; Caperta A.D.; Victorino G.; Bailly M.; Sousa V.; Viegas W.; Nogales A. (2023). Halotolerant endophytes promote grapevine regrowth after salt-induced defoliation. *Journal of Plant Interactions*. 18 - 1, pp. 2215235. DOI: <https://doi.org/10.1080/17429145.2023.2215235>
- Nogales A.; Cortés A.; Velianos K.; Camprubí A.; Estaún V.; Calvet C. (2012). *Plantago lanceolata* growth and Cr uptake after mycorrhizal inoculation in a Cr amended substrate. *Agricultural and Food Science*. 21 - 1, pp. 72 - 79. DOI: <https://doi.org/10.23986/afsci.5007>
- Nogales, A.; Navarro-Torre, S.; Abreu, M.M.; Santos, E.S.; Cortinhas, A.; Fors, R.; Bailly, M.; Róis, A.S.; Caperta, A.D. (2023). Unravelling the combined use of soil and microbial technologies to optimize cultivation of halophyte *Limonium algarvense* (Plumbaginaceae) using saline soils and water. *Soil Syst.* 7, 74. <https://doi.org/10.3390/soilsystems7030074>
- Nogales, A., Santos, E.S., Abreu, M.M., Arán, D., Victorino, G., Pereira, H.S., ... & Viegas, W. (2019). Mycorrhizal inoculation differentially affects grapevine's performance in copper contaminated and non-contaminated soils. *Frontiers in plant science*, 9, 1906. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01906>
- Prenafeta-Boldú, F.X., de Hoog, G.S. and Summerbell, R.C. (2018). Fungal communities in hydrocarbon degradation. In: *Microbial communities utilizing hydrocarbons and lipids: Members, metagenomics and ecophysiology*. McGenthy, T.J. (ed), pp. 1-36, Springer International Publishing, Cham.
- Prenafeta-Boldú, F.X., Medina-Armijo, C. and Isola, D. (2022). Black fungi in the built environment—The good, the bad, and the ugly. In: *Viruses, Bacteria and Fungi in the Built Environment*. Pacheco-Torgal, F., Ivanov, V. and Falkinham, J.O. (eds), pp. 65-99, Woodhead Publishing.
- Quan, Y., Deng, S., Prenafeta-Boldú, F.X., Mayer, V.E., Muggia, L., Cometto, A., Vicente, V.A., da Silva, N.M., Grisolia, Y., Ahmed, S.A., Niu, X., de Souza Lima, B.J.F., Feng, P., Vitale, R.G., Teixeira, M., Sudhadham, M., de Azevedo, C.P.e.S., Bocca, A., Haase, G., Selbmann, L., Shi, D., Kang, Y. and de Hoog, S. (2024). The origin of human pathogenicity and biological interactions in Chaetothyriales. *Fungal Diversity* 125, 99-120. <https://doi.org/10.1007/s13225-023-00518-3>
- Torrentó, C., Urmeneta, J., Otero, N., Soler, A., Viñas, M., & Cama, J. (2011). Enhanced denitrification in groundwater and sediments from a nitrate-contaminated aquifer after addition of pyrite. *Chemical Geology*, 287(1-2), 90-101.
- Viñas, M., Sabaté, J., Espuny, M. J., & Solanas, A. M. (2005). Bacterial community dynamics and polycyclic aromatic hydrocarbon degradation during bioremediation of heavily creosote-contaminated soil. *Applied and environmental microbiology*, 71(11), 7008-7018.

Estudio de la diversidad y función de comunidades microbianas marinas

ELENA HERNÁNDEZ DEL AMO, NÚRIA VIGUÉS, ONA DEULOFEU-CAPO, JORDI MAS Y OLGA SÁNCHEZ

Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), Spain.

✉ olga.sanchez@uab.es



Miembros del grupo de investigación. De izquierda a derecha: Mireia Núñez (técnica de laboratorio), Néstor Pérez (estudiante de máster), Sofía Calatayud (estudiante de grado), Dra. Núria Vigués (profesora lectora), Dr. Jordi Mas (IP), Dra. Olga Sánchez (IP), Ona Deulofeu (investigadora predoctoral), Dra. Elena Hernández del Amo (profesora lectora) y Pablo Rodríguez (investigador predoctoral colaborador).

Nuestra unidad de investigación está constituida por dos investigadores principales, la Dra. Olga Sánchez y el Dr. Jordi Mas, dos profesoras lectoras (ayudantes doctoras), las Dras. Elena Hernández del Amo y Núria Vigués, así como una investigadora predoctoral, Ona Deulofeu Capo, que han aunado sus conocimientos y experiencia para llevar a cabo dos líneas de investigación especializadas en el aislamiento y el estudio de la estructura y función de comunidades microbianas marinas. Además, forman parte del grupo dos técnicas de laboratorio, Mireia Núñez y Cristina Sosa, así como distintos alumnos de grado y de máster realizando prácticas de investigación. Nuestra primera línea de investigación está actualmente

centrada en el estudio de la fisiología de un consorcio bacteriano marino aislado capaz de biorremediar el mercurio, mientras que en una segunda línea se realizan estudios sobre la colonización microbiana y la degradación de materia orgánica en partículas marinas.

Hoy en día, el estudio de la diversidad microbiana constituye una de las líneas de investigación más relevantes en el área de la Ecología Microbiana, la Oceanografía y la Biotecnología. El conocimiento de la diversidad microbiana es clave no sólo por su papel en la comprensión de la estructura, la función y la evolución de las poblaciones bacterianas en los ecosistemas

marinos, sino también como una fuente importante de investigación médica y biotecnológica. En este contexto, el desarrollo de métodos moleculares y genómicos ha sido crucial para proporcionar una visión más realista de la gran diversidad existente en cualquier ecosistema. Por otra parte, el aislamiento de microorganismos sigue siendo fundamental para obtener información sobre su fisiología y para probar hipótesis sobre su ecología y función, que no se puede conseguir únicamente mediante técnicas de secuenciación. Por ello, nuestras líneas de investigación combinan tanto la utilización de técnicas moleculares y genómicas como de cultivo clásicas para el estudio de los microorganismos marinos.

Biorremediación de mercurio

Las actividades antropogénicas son una de las principales causas de contaminación de los sedimentos marinos, siendo éstos importantes reservorios de las formas más tóxicas de mercurio. Algunos microorganismos presentes en estos sedimentos son capaces de transformar este contaminante a formas menos tóxicas, gracias al operón *mer*. En el contexto del proyecto europeo MERCLUB, en el cual participaron 7 grupos distintos, se aisló un consorcio microbiano de un sedimento marino contaminado por mercurio, constituido principalmente por tres especies bacterianas (*Marinobacter* sp., *Roseibium* sp. y *Thalassospira* sp.). Mediante PCR se comprobó que dos de estas especies eran portadoras del gen *merA* (*Marinobacter* y *Roseibium*) y a partir de cultivos en *batch* se determinaron las tasas de crecimiento y de detoxificación de mercurio del consorcio. Además, se evaluó la tasa de crecimiento óptima en cultivo continuo para lograr una eliminación más eficiente. Para ello, se utilizaron biorreactores (Fig. 1) con tres tasas de dilución distintas (0.2, 0.1 y 0.05 h⁻¹) hasta que los cultivos alcanzaron estado estacionario. Posteriormente, se añadió mercurio en los cultivos y se comprobó la capacidad de detoxificación en cada caso. Nuestros resultados evidenciaron que el consorcio bacteriano era capaz de eliminar entre el 75 y el 86% del mercurio total, mientras que la tasa específica de detoxificación de mercurio se mantenía constante independientemente de la tasa de crecimiento. Mediante secuenciación masiva del gen 16S rRNA por Illumina Miseq se determinó que, para las tasas de dilución analizadas, la especie dominante en estado estacionario fue la que no contenía el operón *mer* (*Thalassospira* sp.). Sin embargo, después de la aplicación de mercurio al cultivo, *Roseibium* sp. se vio favorecida y aumentó sustancialmente su abundancia relativa en todos los casos. Por otra parte, se aislaron por separado cada uno de los miembros del consorcio para evaluar su eliminación de mercurio y nuestros resultados preliminares mostraron que independientemente de la tasa de crecimiento aplicada, el consorcio presentaba tasas específicas de detoxificación superiores a los aislados. Los resultados obtenidos destacan pues la capacidad inherente de algunas bacterias de sedimentos para detoxificar el mercurio y señalan el potencial de los consorcios microbianos para biorremediación.

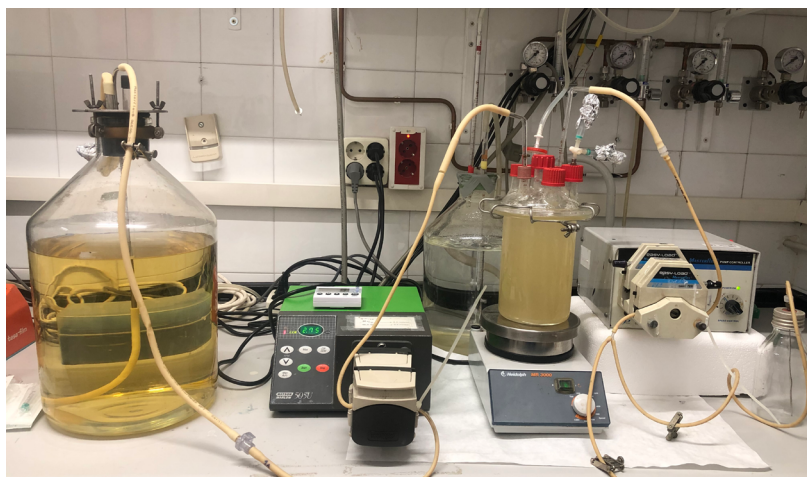


Figura 1. Imagen del montaje del biorreactor que muestra la botella con el medio de cultivo, la bomba peristáltica de entrada de medio, el recipiente de cultivo con el consorcio de microorganismos creciendo en su interior y la bomba peristáltica de salida. Se burbujeó aire dentro del recipiente de cultivo para asegurar condiciones aerobias y se agitó continuamente mediante un agitador magnético.

Colonización microbiana de partículas marinas

Las partículas oceánicas son cruciales como mediadoras de la bomba biológica de carbono, que es un mecanismo relevante por el cual el océano regula las concentraciones atmosféricas de CO₂. Estas partículas son degradadas por comunidades microbianas mientras se encuentran en tránsito hacia las profundidades oceánicas. En el marco del proyecto MICOLOR y en colaboración con el Dr. Josep M. Gasol del Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC) y la Dra. Laura Alonso-Sáez de AZTI, nuestro grupo en particular pretende entender cómo las partículas marinas son colonizadas por microorganismos estudiando los mecanismos de unión a partículas modelo de laboratorio embebidas en diferentes tipos de materia orgánica, así como determinar los perfiles temporales de colonización tanto en partículas naturales como artificiales mediante técnicas de secuenciación masiva y de observación microscópica. Otro de los objetivos importantes del proyecto es el aislamiento y el análisis de genomas de los microorganismos colonizadores de partículas a distintas profundidades y en diferentes condiciones ambientales como herramientas fundamentales para entender la diversidad microbiana de las biopelículas e inferir funciones y roles ecológicos, como por ejemplo explorar por qué algunos microorganismos colonizan las partículas y si esto tiene que ver con sus capacidades genómicas.

Bibliografía

- Pereira-García C, del Amo EH, Vigués N, Rey-Velasco X, Rincón-Tomás B, Pérez-Cruz C, Sanz-Sáez I, Hu H, Bertilsson S, Pannier A, Soltmann U, Sánchez P, Acinas SG, Bravo AG, Alonso-Sáez L, Sánchez O. (2024). Unmasking the physiology of mercury detoxifying bacteria from polluted sediments. *J. Hazard. Mat.* 467:133695.
- Punset Gálvez, R. (2024). Obtención de micropartículas de alginato mediante emulsión en fase inversa y análisis de su interacción con *Escherichia coli* y *Pseudomonas* sp. Trabajo de Máster, Universitat Autònoma de Barcelona.
- Rey-Velasco X, Lucena T, Belda A, Gasol JM, Sánchez O, Arahall DR, Pujalte MJ. (2024) Genomic and phenotypic characterization of 26 novel marine bacterial strains with relevant biogeochemical roles and widespread presence across the global ocean. *Front. Microbiol.* 15:1407904.
- Triolle, M. (2024) Microbial ecology of marine particle-attached microorganisms. Master thesis, Universitat Autònoma de Barcelona/Institut Polytechnique de Bordeaux.

Microbiología y cambio global

EMMA BARAHONA MARTÍN, NATALIA GONZÁLEZ-BENÍTEZ

Universidad Rey Juan Carlos. Instituto de Investigación en Cambio Global (IICG-URJC). Departamento de Biología y Geología, Física y Química Inorgánica. Calle Tulipán s/n, 28933, Madrid.

✉ emma.barahona@urjc.es | natalia.gonzalez@urjc.es



Figura 1. Grupo de Microbiología y Cambio Climático de la URJC. De izquierda a derecha y de arriba abajo. Luis Merino Martín, Silvia Pajares, Natalia González-Benítez, Emma Barahona, Mercedes Uscola, Mari Carmen Molina y Pilar Martínez Hidalgo.

Las líneas de investigación que actualmente desarrolla el grupo de Microbiología y Cambio Global, enfocadas en biodegradación, biodeterioro y biorremediación, se centran en la búsqueda de estrategias que promuevan una agricultura sostenible, con especial énfasis en el papel del microbioma de suelos y plantas.

El grupo está investigando cómo los microorganismos que establecen interacciones con las plantas (rizosfera-endófitos) pueden ser aplicados a los suelos como biofertilizantes, con el objetivo de reducir el uso de fitoquímicos, los cuales

son considerados una de las principales fuentes de contaminación ambiental en suelos y aguas. Además, estamos analizando el papel de las semillas como reservorios microbianos, fundamentales para la modificación fenotípica de las plantas y su adaptación a los actuales escenarios de Cambio Global como el estrés ambiental, estrés hídrico, térmico y la contaminación ambiental (González-Benítez *et al.*, 2021).

Otra de nuestras líneas de trabajo se centra en cómo los ecosistemas pueden mitigar las altas concentraciones de CO₂ atmosférico secuestrando carbono en el suelo.

Nuestro grupo está estudiando cuáles son los factores fisicoquímicos y biológicos que influyen en las funciones metabólicas de los microorganismos del suelo, especialmente hongos y bacterias, que favorecen la formación de agregados y materia orgánica asociada a los minerales, aumentando el almacenamiento de carbono en los suelos.

Por último, una de las líneas más recientes que estamos desarrollando es la fotoproducción biológica de hidrógeno (H₂) a partir de la valorización de residuos y que es la que vamos a desarrollar en este número: Bioproducción de H₂ a partir de residuos

alimentarios mediante fotofermentación utilizando mutantes superproductores de *Rhodobacter capsulatus*.

La mayor parte de la demanda energética mundial se satisface actualmente a partir de combustibles fósiles, como el petróleo, gas y carbón (Jacquet & Jamieson, 2016). Se estima que para el año 2050, el aumento de la población y la demanda de energía, agua y alimentos crecerán en un 50% (Kumar & Lim, 2022). Esta dependencia de los combustibles fósiles llevará al previsible agotamiento de sus recursos limitados en las próximas décadas (Al-Ghussain, 2019), lo que generaría un problema insostenible por varias razones, entre ellas el incremento del calentamiento global debido a las emisiones desmedidas de gases de efecto invernadero (Zhang *et al.*, 2023).

El H₂ representa una alternativa prometedora frente a estos desafíos ambientales, con un rendimiento energético de 143 kJ g⁻¹, casi tres veces superior al de los hidrocarburos (Ni *et al.*, 2006). Aunque actualmente más del 90% del H₂ se produce mediante reformado catalítico de gas natural o combustibles fósiles, investigaciones recientes se han centrado en la producción biológica de H₂, una tecnología verde emergente. Entre estas tecnologías, la **fotoproducción biológica de H₂** se destaca como una de las más recientes y posiblemente una de las más respetuosas con el medio ambiente (Hallenbeck & Ghosh, 2009).

Rhodobacter capsulatus es una bacteria púrpura no del azufre (BPNS), anaerobia facultativa y fijadora de nitrógeno, que puede producir H₂ mediante la actividad de sus enzimas nitrogenasas. Además, *R. capsulatus* posee una hidrogenasa de captación unida a la membrana (codificada por los genes *hupA* y *hupB*) (Vignais *et al.*, 2005). Aunque la nitrogenasa es la principal responsable de la producción de H₂, una parte considerable de este gas es reoxidado por la hidrogenasa de captación. La delección de los genes *hupAB* en *R. capsulatus* elimina completamente su capacidad de consumir H₂, permitiendo que el mutante $\Delta hupAB$ acumule 10 veces más H₂ que la cepa silvestre en condiciones de crecimiento diazotrófico, pese a mantener niveles similares de actividad nitrogenasa (Barahona *et al.*, 2016).

Las BPNS son los microorganismos más utilizados para producir H₂ a través de la nitrogenasa, ya que la fotofermentación

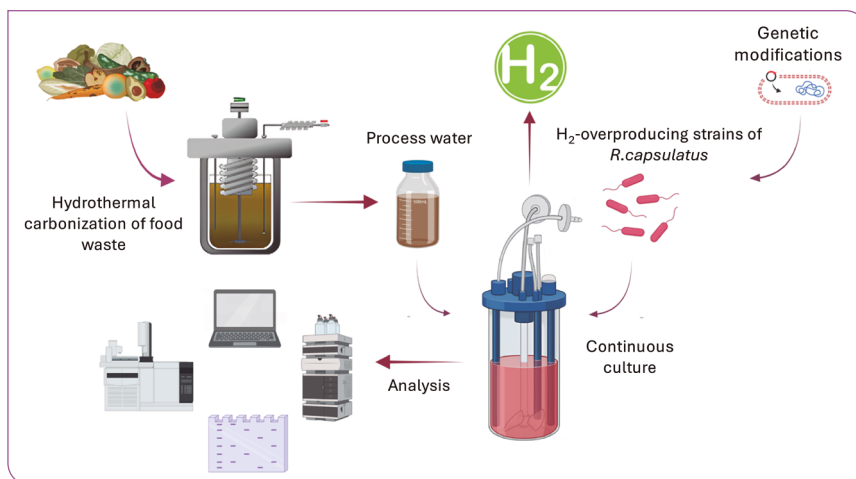


Figura 2. Optimización de la producción de H₂ a partir de agua de proceso en un sistema continuo: Las mejores cepas superproductoras de H₂ serán ensayadas bajo diferentes condiciones en un sistema continuo alimentado con agua de proceso derivada de HTC.

tiene varias ventajas sobre otros sistemas de bioproducción de H₂, tales como una alta eficiencia en la conversión de sustratos (Vasiliadou *et al.*, 2020), el uso de una amplia gama de fuentes de carbono (como melaza o remolacha azucarera), la posibilidad de operar en diferentes condiciones ambientales, reduciendo el consumo energético, y la pureza elevada del H₂ producido. Sin embargo, la baja eficiencia y rendimiento del proceso de fotofermentación (Kapdan & Kargi, 2006), debido a la baja tasa catalítica de la nitrogenasa y su represión en presencia de oxígeno o amonio (Rey *et al.*, 2007; Feng *et al.*, 2023), limitan su competitividad frente a los métodos convencionales, enfocando la investigación en mejorar la producción y el uso de fuentes de carbono más económicas.

En investigaciones previas realizadas en nuestro laboratorio, **se ha logrado incrementar en un 2000% la producción** de H₂ por *R. capsulatus* mediante la manipulación genética de la bacteria (Barahona *et al.*, 2016; Barahona *et al.*, 2022), optimizando el proceso de producción a través de la implementación de sistemas de cultivo continuo (Barahona *et al.*, 2022). No obstante, el elevado coste económico de la producción biológica de H₂ a partir de cultivos puros de *R. capsulatus* y utilizando fuentes de carbono sintéticas sigue siendo un factor limitante de este proceso (Sağır & Hallenbeck, 2019; Melitos *et al.*, 2021). Por ello, es crucial encontrar fuentes de carbono más asequibles que permitan generar H₂ a un costo reducido.

En 2019, se generaron aproximadamente 930 millones de toneladas de desperdicios alimentarios a nivel global, de los cuales un 61% provino de los hogares (PNUMA, 2021). En 2021, la Unión Europea produjo 2.200 millones de toneladas de residuos, de los cuales un 27% eran municipales, lo que equivale a 530 kg per cápita, con una tasa de reciclaje del 50% y un vertido del 18%. La UE tiene como objetivo reducir los vertidos de residuos municipales en un 90% para 2035, promoviendo la economía circular (Parlamento Europeo, 2018). Nuevas estrategias de gestión de residuos, como el compostaje y la digestión anaeróbica, han sido propuestas, aunque ambas presentan limitaciones, como la necesidad de grandes áreas y el tiempo prolongado de operación, respectivamente (Al-Obadi *et al.*, 2022; Ipiates *et al.*, 2021).

La carbonización hidrotermal (HTC) es un proceso termoquímico que ha ganado relevancia en los últimos años por su capacidad de aprovechar residuos de biomasa húmeda, como desperdicios de alimentos, lodos de depuradora o estiércol animal. Este proceso genera una fracción líquida con alta carga orgánica, conocida como agua de proceso (AP), que contiene compuestos orgánicos solubles, como ácidos orgánicos y azúcares, derivados de la descomposición de la biomasa durante la HTC (Ipiates *et al.*, 2021). Hasta ahora, el AP ha sido tratada exitosamente mediante digestión anaeróbica/codigestión para la producción de biogás (Villamil *et al.*, 2019; Mannarino *et al.*, 2022). La posibilidad de aprovechar el valor energético

del agua de proceso es una oportunidad emergente. Por este motivo, actualmente, además de continuar con el rediseño genético de *R. capsulatus* para mejorar las tasas de producción de H₂, estamos centrados en optimizar y mejorar el proceso global mediante la valorización del contenido material y energético de los residuos alimentarios, dentro del marco de una economía circular.

Hasta el momento, hemos logrado establecer las condiciones necesarias en cultivo discontinuo para que las cepas superproductoras de H₂ de *R. capsulatus* puedan fotofermentar el AP mientras producen H₂, con tasas de producción comparables a las obtenidas en procesos de fermentación oscura. A pesar de la complejidad del AP, con una demanda química de oxígeno (DQO) de aproximadamente 75 g L⁻¹, tanto *R. capsulatus* como el mutante *ΔhupAB* han demostrado ser capaces de utilizarla como sustrato para su crecimiento. Los resultados sugieren que ***R. capsulatus* puede reducir la DQO en medios que contienen AP, lo que evidencia su potencial para tratar residuos líquidos de alta carga orgánica y utilizarlos como sustrato en procesos de fotofermentación.**

Nuestro próximo objetivo es implementar el cultivo continuo a escala de laboratorio, para validar la viabilidad y eficacia del proceso antes de su escalado industrial (Fig. 2). Los experimentos realizados en cultivo continuo han mostrado un aumento significativo en la producción de H₂, con un incremento del 146% en la acumulación de H₂ en comparación con los cultivos discontinuos, lo que subraya la eficiencia y viabilidad de este enfoque para optimizar la producción a largo plazo.

Los resultados sugieren que no solo es factible generar energía verde a partir de residuos alimentarios, sino que también se logra un impacto positivo en la reducción de la DQO del AP, contribuyendo así a la descontaminación. La capacidad de *R. capsulatus* para aprovechar sustratos derivados de residuos en la producción de biohidrógeno subraya su enorme potencial para impulsar soluciones energéticas sostenibles. Esto significa que, además de generar energía limpia, se está depurando el agua utilizada, haciendo que el proceso sea aún más beneficioso para el medio ambiente. La implementación de estrategias de optimización, como la modificación genética y la mejora de las condiciones de cultivo, será clave para maximizar la eficiencia

de la fotofermentación con *R. capsulatus*, potenciando un modelo en el que la producción de energía y la descontaminación van de la mano.

Referencias

- Al-Ghussain, L.** (2019). Global warming: review on driving forces and mitigation. *Environmental Progress & Sustainable Energy*, 38(1), 13-21.
- Al-Obadi, M., Ayad, H., Pokharel, S., & Ayari, M. A.** (2022). Perspectives on food waste management: Prevention and social innovations. *Sustainable Production and Consumption*, 31, 190-208.
- Barahona, E., Jiménez-Vicente, E., & Rubio, L. M.** (2016). Hydrogen overproducing nitrogenases obtained by random mutagenesis and high-throughput screening. *Scientific Reports*, 6(1), 38291.
- Barahona, E., Isidro, E. S., Sierra-Heras, L., Álvarez-Melcón, I., Jiménez-Vicente, E., Buesa, J. M., & Rubio, L. M.** (2022). A directed genome evolution method to enhance hydrogen production in *Rhodobacter capsulatus*. *Frontiers in microbiology*, 13, 991123.
- Feng, S., Ngo, H. H., Guo, W., Chang, S. W., Nguyen, D. D., Bui, X. T., ... & Hoang, B. N.** (2023). Biohydrogen production, storage, and delivery: A comprehensive overview of current strategies and limitations. *Chemical Engineering Journal*, 144669.
- González-Benítez, N., Martín-Rodríguez, I., Cuesta, I., Arrayás, M., Francis White, J. & Molina, MC.** (2021). Endophytic microbes are tools to increase tolerance in Jasione plants against arsenic stress. *Frontiers in microbiology*, 12, 664271.
- Hallenbeck, P. C., & Ghosh, D.** (2009). Advances in fermentative biohydrogen production: the way forward?. *Trends in biotechnology*, 27(5), 287-297.
- Ipiates, R. P., Mohedano, A. F., Diaz-Portuondo, E., Diaz, E., & De la Rubia, M. A.** (2023). Co-hydrothermal carbonization of swine manure and lignocellulosic waste: a new strategy for the integral valorization of biomass wastes. *Waste Management*, 169, 267-275.
- Jacquet, J., & Jamieson, D.** (2016). Soft but significant power in the Paris Agreement. *Nature Climate Change*, 6(7), 643-646.
- Kapdan, I. K., & Kargi, F.** (2006). Biohydrogen production from waste materials. *Enzyme and microbial technology*, 38(5), 569-582.
- Kumar, S. S., & Lim, H.** (2022). An overview of water electrolysis technologies for green hydrogen production. *Energy reports*, 8, 13793-13813.
- Mannarino, G., Sarrion, A., Diaz, E., Gori, R., De la Rubia, M. A., & Mohedano, A. F.** (2022). Improved energy recovery from food waste through hydrothermal carbonization and anaerobic digestion. *Waste Management*, 142, 9-18.
- Melitos, G., Voulkopoulos, X., & Zabaniotou, A.** (2021). Waste to sustainable biohydrogen production via photofermentation and biophotolysis- A systematic review. *Renewable Energy and Environmental Sustainability*, 6, 45.
- Ni, M., Leung, M. K., Sumathy, K., & Leung, D. Y.** (2006). Potential of renewable hydrogen production for energy supply in Hong Kong. *International journal of hydrogen energy*, 31(10), 1401-1412.
- Rey, F. E., Heiniger, E. K., & Harwood, C. S.** (2007). Redirection of metabolism for biological hydrogen production. *Applied and environmental microbiology*, 73(5), 1665-1671.
- Sağır, E., & Hallenbeck, P. C.** (2019). Photofermentative hydrogen production. In *Biohydrogen* (pp. 141-157). Elsevier.
- Vasiliadou, I. A., Melero, J. A., Molina, R., Puyol, D., & Martinez, F.** (2020). Optimization of H₂ production through minimization of CO₂ emissions by mixed cultures of purple phototrophic bacteria in aqueous samples. *Water*, 12(7), 2015.
- Vignais, PM, Elsen, S. y Colbeau, A.** (2005). "Regulación transcripcional de los genes de absorción [NiFe] hidrogenasa en *Rhodobacter capsulatus*". *Bioquímica. Soc. Trans.* 33, 28-32.
- Villamil, J. A., Mohedano, A. F., Rodriguez, J. J., & De la Rubia, M. A.** (2019). Anaerobic co-digestion of the aqueous phase from hydrothermally treated waste activated sludge with primary sewage sludge. A kinetic study. *Journal of environmental management*, 231, 726-733.
- Zhang, C., Huang, H., Wang, G., Ma, Y., Ma, S., & Li, Z.** (2023). Enhancement strategies of single-stage hydrogen productivity and microbial kinetics of *Rhodospseudomonas palustris* from raw lignocellulosic residue. *Waste and Biomass Valorization*, 14(5), 1611-1623.

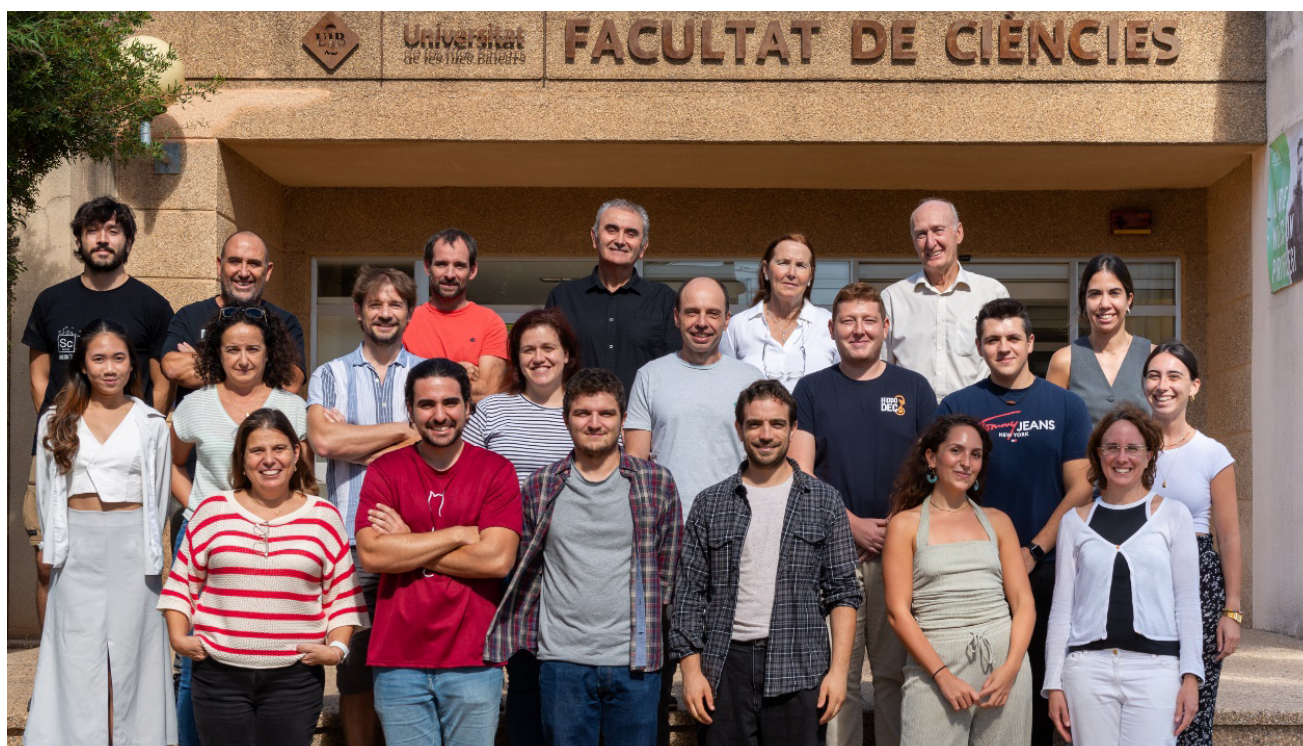
MICROBIAM: Desde la biodegradación de hidrocarburos hasta el futuro de los plásticos sostenibles

JOSEPH A. CHRISTIE-OLEZA*, **MARÍA DEL MAR AGUILÓ-FERRETJANS**, **ANTONIO BENNASAR-FIGUERAS**, **JUSTINE M. BITALAC**, **ANTONIO BUSQUETS**, **ESTEBAN BUSTOS-CAPARROS***, **CATALINA CABOT**, **IBAI CANO**, **MARIA CAÑELLAS-CIFRE**, **GUILLEM COLL-GARCÍA***, **ALBERTO CONTRERAS-MOLL**, **MARC CRESPO-CARRETERO**, **PEDRO ECHEVESTE**, **ELENA GARCÍA-VALDÉS**, **MARGARITA GOMILA**, **JOSE LAÇO**, **JORGE LALUCAT**, **ROCÍO D.I. MOLINA**, **MAGDALENA MULET**, **NIEVES M. NAVARRETE-LÓPEZ**, **THEO OBRADOR-VIEL**, **RAMON ROSSELLÓ-MORA***, **ÁLVARO SÁNCHEZ-CARABANTES**, **TOMEU VIVER***, **BALBINA NOGALES#**, **RAFAEL BOSCH#**

Grupo de Microbiología y Biotecnología Ambiental, Departamento de Biología, Universitat de les Illes Balears (UIB), Cta. Valldemossa km 7.5, 07122, Palma de Mallorca.

* Dirección actual: Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados (IMEDEA, CSIC-UIB), C/ Miquel Marqués 21, 07190, Esporles.

✉ joseph.christie@uib.eu | bnogales@uib.es | rbosch@uib.es



Miembros del grupo.

El grupo de investigación en Microbiología y Biotecnología Ambiental (MICROBIAM) de la Universidad de las Islas Baleares (anteriormente conocido como el grupo Microbiología-UIB, <https://www.uib.es/es/recerca/estructures/grups/grup/Microbio/>) es un equipo dinámico y diverso compuesto por profesores universitarios, catedráticos eméritos, investigadores postdoctorales, doctorandos, técnicos de investigación

e investigadores colaboradores. Los miembros del grupo somos responsables de la gestión académica de dos programas de posgrado en la UIB: el máster en Microbiología Avanzada (<https://cep.uib.es/es/master/MMAV/>) y el doctorado en Microbiología Ambiental y Biomédica (<https://edoctat.uib.es/es/doctorat/TMAB/>). Además, impartimos docencia en los grados de Biología, Bioquímica,

Farmacia y Medicina. Nuestro grupo, cuyo origen se sitúa a finales de los años 70 con la fundación de la UIB, centra su investigación en dos grandes líneas: i) taxonomía, filogenia y diversidad (Gomila *et al*, 2024), y ii) biodegradación y biorremediación. Adoptando siempre un enfoque multidisciplinar, utilizamos desde técnicas de cultivo tradicionales hasta modernas técnicas ómicas (genómica,

proteómica y metabolómica) aplicadas a cultivos puros y muestras ambientales.

Las primeras publicaciones del grupo sobre biodegradación se remontan a finales de los años 80, cuando se aislaron microorganismos degradadores de naftaleno, entre los que destaca *Stutzerimonas chloritidismutans* AN10 (anteriormente *Pseudomonas stutzeri*) (García-Valdés *et al*, 1988). Esta cepa fue nuestro modelo para caracterizar la vía de degradación aeróbica del naftaleno (Bosch *et al*, 1999a; 2000), mediante la cual este compuesto se convierte en salicilato y luego, a través de las salicilato 1-monooxigenasas NahG y NahW (Bosch *et al*, 1999b; Lanfranconi *et al*, 2009), a catecol, que es finalmente canalizado hacia el ciclo de Krebs. La codificación genética de la vía degradativa en el cromosoma o en plásmidos se ha aclarado recientemente con el descubrimiento de elementos integrativos y conjugativos (ICE) en ésta y otras cepas muy relacionadas, como *Stutzerimonas decontaminans* 19SMN4 (Mulet *et al*, 2023).

Hace unos 15 años, el grupo se centró en el estudio del linaje Roseobacter, componente clave del bacterioplancton marino, especialmente en aguas costeras y puerros (Nogales *et al*, 2011). Se aislaron varias cepas, casi todas capaces de degradar hidrocarburos aromáticos. El uso de técnicas genómicas permitió una comprensión más profunda de los mecanismos de degradación de hidrocarburos aromáticos, como el protocatecuato, utilizados por estos microorganismos (Alejandro-Marín *et al*, 2014). El aislado mejor caracterizado, *Salipiger aestuarii* 357, fue capaz de utilizar el naftaleno como única fuente de carbono y energía, transformándolo en salicilato, que luego se convierte en gentisato, y finalmente es dirigido hacia el ciclo de Krebs (Suárez-Suárez *et al*, 2012). En colaboración con investigadores del Departamento de Química de la UIB, se propuso el uso de esta cepa junto con microfibras magnéticas como estrategia para la eliminación de hidrocarburos poliaromáticos en agua de mar (Gutiérrez *et al*, 2021).

En los últimos años, hemos centrado nuestros esfuerzos en el estudio de la

degradación de plásticos desde perspectivas ecológicas y fisiológicas. Desde el enfoque ecológico, diseñamos métodos innovadores para la detección de microplásticos (Erni-Cassola *et al*, 2017) y definimos la distribución de los diferentes tipos de polímeros en ecosistemas marinos (Erni-Cassola *et al*, 2019), factores de vital importancia para entender el contexto ambiental en el que se produce la posible biodegradación de plásticos en medios acuáticos. Estudiamos, además, comunidades microbianas pioneras en la colonización de plásticos en dichos ecosistemas, observando rápidas sucesiones en la plastisfera marina, y un detrimento de comunidades con mayor potencial biodegradador con el paso del tiempo (Latva *et al*, 2022; Erni-Cassola *et al*, 2020). Desde el enfoque fisiológico, y utilizando técnicas proteogenómicas y metabolómicas, caracterizamos degradadores específicos, como cepas del género *Alcanivorax*, con actividad enzimática capaz de degradar poliésteres naturales y sintéticos, como PHB, PES y PBS (Zadjelovic *et al*, 2020), así como derivados de plásticos más recalcitrantes como el polietileno (Zadjelovic *et al*, 2022). Además, hemos aislado y caracterizado cepas de *Mycobacterium* y *Halomonas*, capaces de degradar plastificadores como DBP, DEHP y ATBC (Wright *et al*, 2020), así como cepas de *Thioclava* y *Bacillus* que degradan PET en ambientes marinos (Wright *et al*, 2021).

¿Qué nos depara el futuro? En nuestra publicación más reciente (Obrador-Viel *et al*, 2024), realizamos una revisión crítica de los métodos actuales para evaluar la degradación microbiana de diversos tipos de plásticos. Entre otros aspectos, destacamos la importancia de adoptar técnicas avanzadas, como la transferencia de la firma isotópica del plástico a los microorganismos, lo que ofrece un método sólido para confirmar la biodegradación de los materiales más resistentes, como el polietileno y el polipropileno. Bajo esta premisa, estamos desarrollando técnicas para estudiar los mecanismos de biodegradación de plásticos, tanto biodegradables (como poliésteres del tipo PHB, PCL, PBS, PLA o PBAT, en el marco de los proyectos AlivePlastics, TED2021-129739B-100, y POLYDEMAR,

PDC2022-133849-I00) como los más recalcitrantes (plásticos con cadenas poliméricas carbono-carbono, como el polietileno y el polipropileno, financiados por el proyecto PlasticROS, PID2022-139042NB-I00). Nuestros estudios proteogenómicos, combinados con técnicas de biología molecular, nos están permitiendo identificar y caracterizar las enzimas involucradas en la ruptura de los distintos polímeros plásticos, así como las rutas metabólicas responsables de la asimilación y mineralización de los oligómeros derivados. La colección de microorganismos biodegradadores de plásticos que estamos generando, junto con la batería de enzimas identificadas y sobreexpresadas, tiene como objetivo su futura aplicación en biorremediación. Con un enfoque aplicado, en los proyectos actuales estamos desarrollando plásticos diseñados para una biodegradación acelerada al final de su vida útil, ya sea en plantas de compostaje o en el océano.

Bibliografía

- Alejandro-Marín CM, Bosch R, Nogales B** (2014). Comparative genomics of the protocatechuate branch of the β -ketoacyl pathway in the Roseobacter lineage. *Marine Genomics*, 17: 25–33.
- Bosch R, García-Valdés E, Moore ERB** (1999a). Genetic characterization and evolutionary implications of a chromosomally encoded naphthalene-degradation upper pathway from *Pseudomonas stutzeri* AN10. *Gene*, 236: 149–157.
- Bosch R, Moore ERB, García-Valdés E, Pieper DH** (1999b). NahW, a novel, inducible salicylate hydroxylase involved in mineralization of naphthalene by *Pseudomonas stutzeri* AN10. *Journal of Bacteriology*, 181: 2315–2322.
- Bosch R, García-Valdés E, Moore ERB** (2000). Complete nucleotide sequence and evolutionary significance of a chromosomally encoded naphthalene-degradation lower pathway from *Pseudomonas stutzeri* AN10. *Gene*, 245: 65–74.
- Erni-Cassola G, Gibson MI, Thompson RC, Christie-Oleza JA** (2017). Lost, but

- found with Nile Red: a novel method for detecting and quantifying small microplastics (1 mm to 20 µm) in environmental samples. *Environmental Science & Technology*, 51: 13641–13648.
- Erni-Cassola G, Zadjelovic V, Gibson MI, Christie-Oleza JA** (2019). Distribution of plastic polymer types in the marine environment; a meta-analysis. *Journal of Hazardous Materials*, 369: 691–698.
- Erni-Cassola G, Wright RJ, Gibson MI, Christie-Oleza JA** (2020). Early colonization of weathered polyethylene by distinct bacteria in marine coastal seawater. *Microbial Ecology*, 79: 517–526.
- García-Valdés E, Cozar E, Rotger R, Lalucat J, Ursing J** (1988). New naphthalene-degrading marine *Pseudomonas* strains. *Applied and Environmental Microbiology*, 54: 2478–2485.
- Gomila M, Lalucat J, García-Valdés E, Bosch R, Nogales B, Bennisar A, Christie-Oleza JA, Mulet M, Busquets A, Seguí G, Echeveste P, Aguiló-Ferretjans MM, Molina RDI, Cañellas M, Laço J, Cano I, Martorell S, Obrador-Viel T, Contreras A, Bitalac JM, Colman-Vega PJ, Bustos-Caparrós E, Coll-García G** (2024). *Microbiología UIB: Desde la taxonomía de Pseudomonas a la diversidad como herramienta en microbiología ambiental*. *Sem@foro* 77: 42–44.
- Gutiérrez MS, León AJ, Duel P, Bosch R, Piña MN, Morey J** (2021). Effective elimination and biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons from seawater through the formation of magnetic microfibres. *International Journal of Molecular Sciences*, 22: 17.
- Lanfranconi MP, Christie-Oleza JA, Martín-Cardona C, Suárez-Suárez LY, Lalucat J, Nogales B, Bosch R** (2009). Physiological role of NahW, the additional salicylate hydroxylase found in *Pseudomonas stutzeri* AN10. *FEMS Microbiology Letters* 300: 265–272.
- Latva M, Dedman CJ, Wright RJ, Polin M, Christie-Oleza JA** (2022). Microbial pioneers of plastic colonisation in coastal seawaters. *Marine Pollution Bulletin*, 179: 113701.
- Mulet M, Gomila M, Lalucat J, Bosch R, Rossello-Mora R, García-Valdés E** (2023). *Stutzerimonas decontaminans* sp. nov. isolated from marine polluted sediments. *Systematic and Applied Microbiology* 46: 126400.
- Nogales B, Lanfranconi MP, Piña-Villalonga JM, Bosch R** (2011). Anthropogenic perturbations in marine microbial communities. *FEMS Microbiology Reviews* 35: 275–298.
- Obrador-Viel T, Zadjelovic V, Nogales B, Bosch R, Christie-Oleza JA** (2024). Assessing microbial plastic degradation requires robust methods. *Microbial Biotechnology*, 17: e14457.
- Suárez-Suárez LY, Brunet-Galmés I, Piña-Villalonga JM, Christie-Oleza JA, Peña A, Bennisar A, Armengaud J, Nogales B, Bosch R** (2012). Draft genome sequence of *Citricella aestuarii* strain 357, a member of the Roseobacter clade isolate without xenobiotic pressure from a petroleum-polluted beach. *Journal of Bacteriology*, 194: 5464–5465.
- Wright RJ, Bosch R, Gibson MI, Christie-Oleza JA** (2020). Plasticizer degradation by marine bacterial isolates: a proteogenomic and metabolomic characterization. *Environmental Science & Technology*, 54: 2244–2256.
- Wright RJ, Bosch R, Langille MGI, Gibson MI, Christie-Oleza JA** (2021). A multi-OMIC characterisation of biodegradation and microbial community succession within the PET Plasticsphere. *Microbiome*, 9: 141.
- Zadjelovic V, Chhun A, Quareshy M, Silvano E, Hernandez-Fernaund JR, Aguiló-Ferretjans MM, Bosch R, Dorador C, Gibson MI, Christie-Oleza JA** (2020). Beyond oil degradation: enzymatic potential of *Alcanivorax* to degrade natural and synthetic polyesters. *Environmental Microbiology*, 22: 1356–1369.
- Zadjelovic V, Erni-Cassola G, Obrador-Viel T, Lester D, Eley Y, Gibson MI, Dorador C, Golyshin PN, Black S, Wellington EMH, Christie-Oleza JA** (2022). A mechanistic understanding of polyethylene biodegradation by the marine bacterium *Alcanivorax*. *Journal of Hazardous Materials*, 436: 129278.
-

Estudio de los mecanismos de coagregación bacteriana en biopelículas de conducciones de agua potable mediante un enfoque proteómico

ANA C AFONSO, MANUEL SIMÕES, MARIA JOSÉ SAAVEDRA, LÚCIA SIMÕES, JUAN M. LEMA, ALBA TRUEBA-SANTISO

¹LEPABE, Laboratory for Process Engineering, Environment, Biotechnology and Energy, Faculty of Engineering, University of Porto, Rua Dr Roberto Frias, 4200-465 Porto, Portugal.

²ALiCE, Associate Laboratory in Chemical Engineering, Faculty of Engineering, University of Porto, Rua Dr Roberto Frias, 4200-465 Porto, Portugal.

³CITAB, Department of Veterinary Sciences, University of Trás-os-Montes e Alto Douro, 5000-801 Vila Real, Portugal.

⁴CEB-LABELLS, University of Minho, Campus de Gualtar, 4710-057 Braga, Portugal.

⁵CRETUS, Department of Chemical Engineering, University of Santiago de Compostela, Campus Vida, 15782 Santiago de Compostela, Galicia, Spain.

✉ albamaria.trueba@usc.es

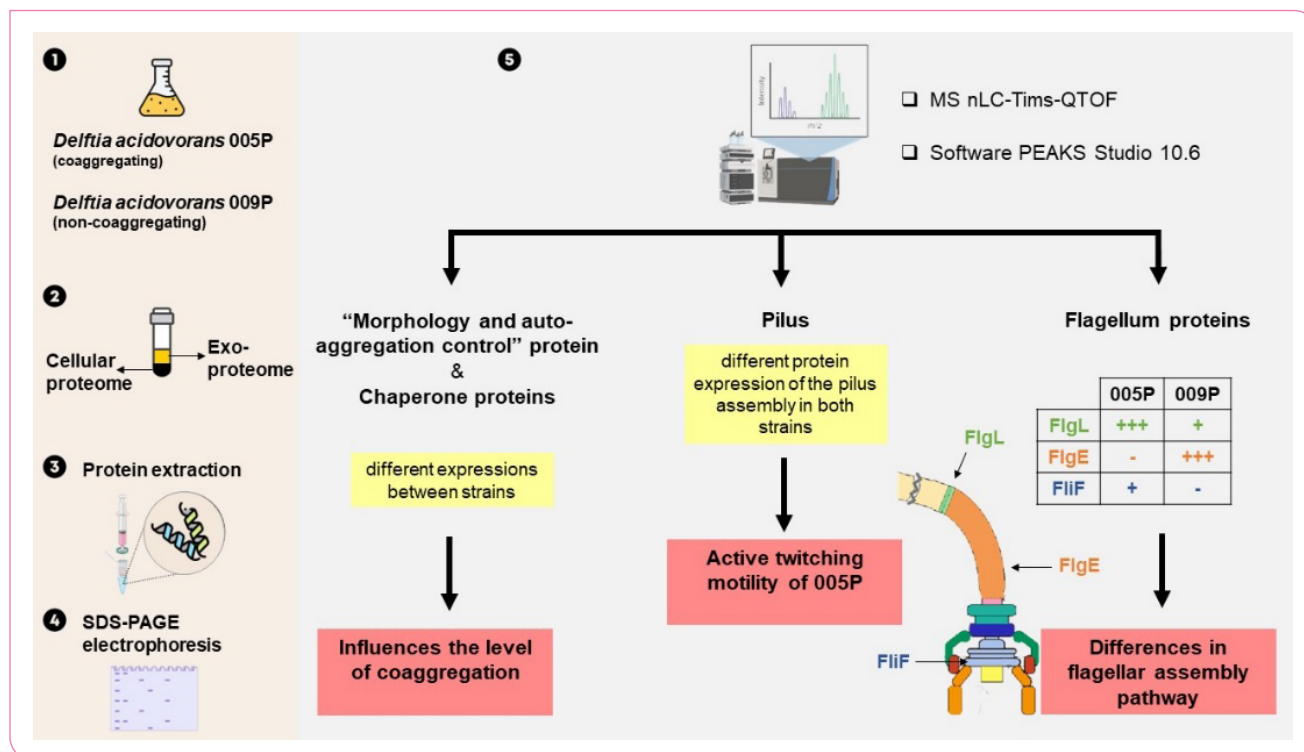


Figura 1: Diagrama explicativo de la metodología utilizada en el estudio de las expresiones proteicas de dos cepas de *Delftia acidovorans* aisladas de conducciones de agua potables en Portugal. Una de ellas presenta capacidad de coagregación (005P_C) y la otra no (009P_C).

La coagregación es un mecanismo de interacción célula-célula altamente específico, que se caracteriza por el reconocimiento y adhesión a especies bacterianas diferentes. Tiene un papel fundamental en la formación de biopelículas microbianas multiespecies (Simões *et al.*, 2008), y aunque se ha estudiado principalmente en el contexto de la microbiología oral (placa dentobacteriana), también se ha confirmado su ocurrencia en ambientes acuáticos

(Min *et al.*, 2004; Vornhagen *et al.*, 2013). La formación de biopelículas microbianas tanto en las redes de agua potable, como en los alcantarillados, depuradoras o sistemas de acuicultura tiene importantes implicaciones económicas y relacionadas con la salud (Rickard *et al.*, 2004). El desarrollo de biopelículas puede generar obstrucciones e incrementar de manera relevante los costes de mantenimiento. Además, favorece la proliferación de pató-

genos y la transmisión genética horizontal de resistencias a antibióticos.

Por otra parte, la coagregación puede ser deseable en ciertos sistemas de depuración basados en biorreactores de biomasa granular, en los que la interacción microbiana favorece la decantación y separación de la biomasa del agua tratada.

La detección de cepas coagregantes, así como un mejor entendimiento de los

mecanismos implicados, puede proporcionar información esencial para el desarrollo de nuevas estrategias de gestión del agua. Estas estrategias irían orientadas a generar soluciones antibacterianas ecológicas para la formación de biopelículas indeseadas, y a reducir riesgos patogénicos y costes económicos (Afonso *et al.*, 2021).

Tradicionalmente, la detección de cepas coagregantes se ha realizado mediante el aislamiento de dichas cepas y estudios visuales de laboratorio. Sin embargo, muchas cepas ambientales tienen requerimientos nutricionales desconocidos o peculiares en cuyo caso el desarrollo de una metodología de aislamiento y cultivo puede ser muy complejo. Con estas motivaciones, en este estudio hipotetizamos que existen diferencias trazables mediante proteómica que podrían determinar la capacidad de ciertas bacterias de coagregar.

Estudiamos dos cepas de *Delftia acidovorans*, aisladas previamente de conducciones de agua potable en Portugal (Afonso *et al.*, 2023), teniendo una de ellas capacidad coagregante (C+) y la otra no (C-). En primer lugar, mediante ensayos de motilidad *in vitro* detectamos una mayor motilidad de los tipos *swarming* y *twitching* para la cepa coagregante (C+) con respecto a C-. A través de microscopía electrónica de transmisión (TEM), confirmamos la presencia de flagelos en ambas cepas. Mediante proteómica, pudimos detectar una expresión significativamente mayor de proteínas de motilidad de pilus tipo IV (T4P) en C+, en línea con los ensayos de motilidad. Además, las proteínas del anillo flagelar fueron más abundantes en las muestras de C+, mientras que aquellas involucradas en la formación del gancho flagelar (FIE y FilG) solo se detectaron en C-. Estos resultados combinados sugieren diferencias estructurales y conformacionales entre las cepas en sus apéndices celulares. Adicionalmente, ciertas proteínas relacionadas con la morfología y el control de la autoagregación fueron más expresadas en la cepa C+. También, se detectó una expresión diferencial de chaperonas, siendo estas más abundantes en C-. La información obtenida sugiere que la habilidad para coagregar de la cepa C+

depende de más de un factor, incluyendo la estructura de sus apéndices celulares, la regulación de las chaperonas, los pilis y el control de la morfología y la agregación. Nuestros resultados están en línea con lo descrito previamente por Lima *et al.* (2017), que apuntaba a una interacción compleja de diferentes proteínas en la coagregación de una cepa aislada en ambientes orales de *Fusobacterium nucleatum*.

Este estudio introduce un enfoque alternativo para identificar biomarcadores proteicos para detectar habilidades de coagregación en cepas bacterianas acuáticas, ofreciendo una alternativa a los ensayos visuales tradicionales y generando nueva información sobre los complejos mecanismos moleculares en los que se basa este fenómeno. Este estudio se va a continuar analizando con la metodología introducida otras cepas bacterianas coagregantes y no coagregantes, incluyendo una comparativa entre bacterias gram positivas y gram negativas.

Agradecimientos

Este estudio fue financiado por el Grupo Gallego de Referencia Competitiva (GRC)_ED431C-2021/37 (J.M.L.R. y A.T.-S.), y el contrato postdoctoral Juan de la Cierva-FJC2019-041664-I (A.T.-S.). También por la i3S Scientific Platform Histology and Electron Microscopy (HEMS), miembro del PPBI (PPBI-POCI-01-0145-FEDER-022122); LEPABE, UIDB/00 511/2020 (DOI: <https://doi.org/10.54499/UIDB/00511/2020>) y UIDP/00 511/2020 (DOI: <https://doi.org/10.54499/UIDP/00511/2020>), y ALiCE, LA/P/0045/2020 (DOI: <https://doi.org/10.54499/LA/P/0045/2020>), financiado por fondos nacionales portugueses a través de FCT/MCTES (PIDDAC); CEB, UIDB/04469/2020 (DOI: <https://doi.org/10.54499/UIDB/04469/2020>) y por LABBELS—Associate Laboratory in Biotechnology, Bioengineering and Microelectromechanical Systems, LA/P/0029/2020; CITAB, UIDB/04033/2020 (DOI: <https://doi.org/10.54499/UIDB/04033/2020>); y el contrato predoctoral FCT de Ana Cristina Afonso (DOI: <https://doi.org/10.54499/2020.04773.BD>).

Referencias

- ▶ Afonso AC, Gomes IB, Saavedra MJ *et al.* Bacterial coaggregation in aquatic systems. *Water Res* **2021**; 196:43–1354. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2021.117037>
- ▶ Afonso AC, Gomes IB, Saavedra MJ *et al.* Drinking-water isolated *Delftia acidovorans* selectively coaggregates with partner bacteria and facilitates multispecies biofilm development. *Sci Total Environ* **2023**; 875 :162646. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.162646>
- ▶ Lima BP, Shi W, Lux R. Identification and characterization of a novel *Fusobacterium nucleatum* adhesin involved in physical interaction and biofilm formation with *Streptococcus gordonii*. *Microbiologyopen*. **2017**;6. <https://doi.org/10.1002/mbo3.444>
- ▶ Min KR, Zimmer MN, Rickard AH. Physicochemical parameters influencing coaggregation between the freshwater bacteria *Sphingomonas natatoria* and *Micrococcus luteus*. *Biofouling* **2010**; 26:931–40. <https://doi.org/10.1080/08927014.2010.531128>
- ▶ Rickard A, Gilbert P, Handley P. Influence of growth environment on coaggregation between freshwater biofilm bacteria. *J Appl Microbiol* **2004**; 96: 1367–73. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2004.02297.x>
- ▶ Simões L, Simões M, Vieira M. Intergeneric coaggregation among drinking water bacteria: evidence of a role for *Acinetobacter calcoaceticus* as a bridging bacterium. *Appl Environ Microb*, **2008**; 74 :1259–63. <https://doi.org/10.1128/AEM.01747-07>
- ▶ Vornhagen J, Stevens M, McCormick DW *et al.* Coaggregation occurs amongst bacteria within and between biofilms in domestic showerheads. *Biofouling* **2013**; 29 :53–68. <https://doi.org/10.1080/08927014.2012.744395>

Auxin-mediated regulation of susceptibility to toxic metabolites, c-di-GMP levels, and phage infection in the rhizobacterium *Serratia plymuthica*

MIRIAM RICO-JIMÉNEZ¹, ZULEMA UDAONDO^{1,2}, TINO KRELL¹, MIGUEL A. MATILLA¹

¹Department of Biotechnology and Environmental Protection, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Granada, Spain

²Department of Biomedical Informatics, University of Arkansas for Medical Sciences, Little Rock, Arkansas, Spain

✉ miguel.matilla@eez.csic.es

La comunicación entre las plantas y su microbiota implica una compleja red de moléculas señal. Debido a la diversidad química y estructural de estas señales, las bacterias asociadas a plantas (BAPs) cuentan con múltiples mecanismos para detectarlas y responder eficientemente a las mismas. Entre estas moléculas señal se encuentra la auxina ácido indolacético (AIA), una fitohormona esencial no solo en el crecimiento y desarrollo vegetal, sino también por su papel clave en la comunicación entre plantas y bacterias. De hecho, numerosos estudios han demostrado que el AIA actúa como una molécula señal inter-reino, regulan-

do diversos procesos en BAPs que son cruciales durante la interacción con sus hospedadores vegetales. Sin embargo, los mecanismos moleculares involucrados en estas respuestas siguen siendo en gran parte desconocidos.

Nuestras investigaciones previas, utilizando como microorganismo modelo un agente de biocontrol rizosférico de la especie *Serratia plymuthica*, permitieron determinar que el AIA regula la producción de antibióticos (Fig. 1A) (Matilla *et al.*, 2018). Este proceso resultó ser dependiente del reconocimiento de AIA por el regulador transcripcional AdmX

(Fig. 1B) (Matilla *et al.*, 2018; Gavira *et al.*, 2023). Asimismo, presentamos evidencias experimentales que respaldan la hipótesis de que la aparición de proteínas bacterianas receptoras de auxinas está vinculada con un proceso co-evolutivo mediado por las plantas (Gavira *et al.*, 2023). Como continuación a estas investigaciones, un estudio reciente nos ha permitido demostrar que el AIA provoca cambios significativos en el transcriptoma global de *S. plymuthica* (Fig. 1C), además de explorar los mecanismos mediante los cuales esta auxina modula una variedad de procesos metabólicos y fisiológicos (Rico-Jiménez *et al.*, 2024).

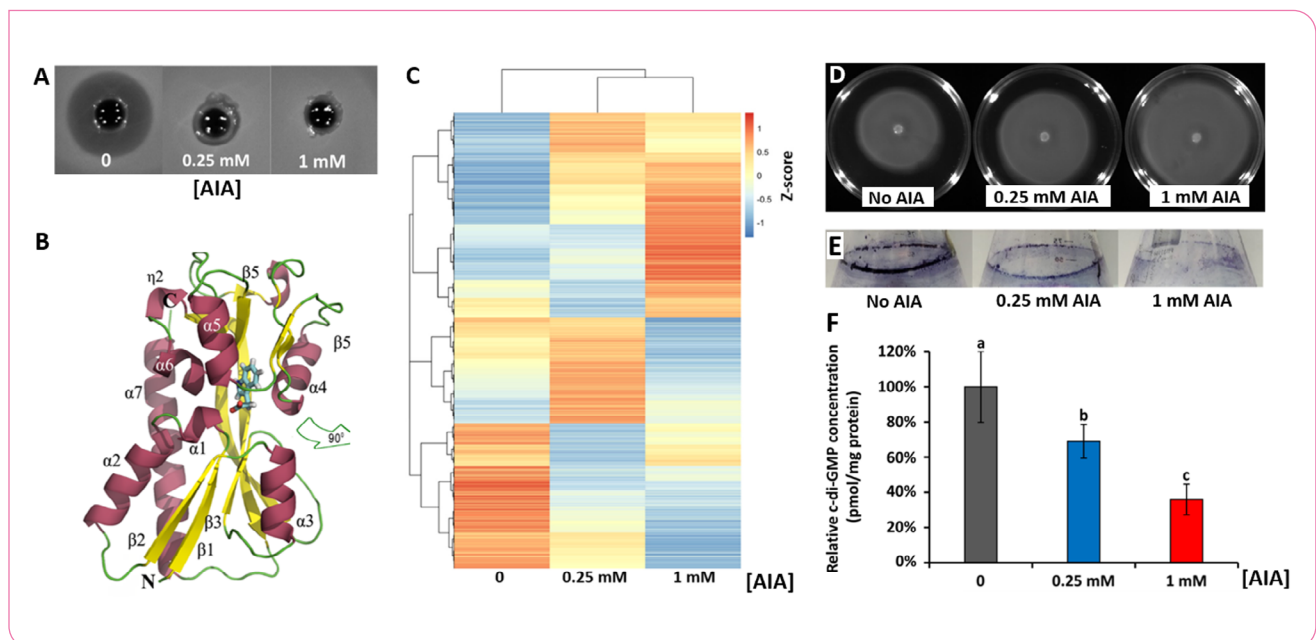


Figura 1. La auxina ácido indolacético (AIA) como molécula señal en el agente de biocontrol rizosférico *Serratia plymuthica*. **A:** Papel del AIA en la producción del antibiótico "andrimid". **B:** Estructura tridimensional del dominio sensor del regulador transcripcional AdmX con AIA unido. **C:** El transcriptoma de *S. plymuthica* en respuesta a distintas concentraciones de AIA. **D, E:** Motilidad tipo "swimming" (D) y formación de biopelículas (E) en ausencia y presencia de distintas concentraciones de AIA. **F:** Cuantificación de los niveles de c-di-GMP en *S. plymuthica* mediante espectrometría de masas en tándem acoplada a cromatografía líquida.

Un gran número de genes con expresión alterada en respuesta al AIA resultaron estar implicados en el metabolismo y el transporte de nutrientes orgánicos e inorgánicos. En relación con estos datos, la presencia de AIA provocó importantes alteraciones en las capacidades metabólicas de *S. plymuthica*, especialmente en lo que respecta al metabolismo de aminoácidos. En este contexto, se demostró que el regulador TrpR_{A1537} involucrado en la regulación del metabolismo y transporte de aminoácidos aromáticos, reconoce directamente el AIA. Asimismo, se constató que el AIA incrementó la expresión de bombas de eflujo y de genes relacionados con la resistencia a antimicrobianos, lo que confirió resistencia a distintos compuestos aromáticos tóxicos y antibióticos. Además, varios genes con expresión alterada resultaron estar implicados en el metabolismo del c-di-GMP; un segundo mensajero bacteriano que desempeña un papel clave en la transición desde un estilo de vida móvil a uno sésil. Los ensayos fenotípicos mostraron que el AIA incrementó la motilidad (Fig. 1D) e inhibió drásticamente la formación de biopelículas (Fig. 1E); fenotipos que se correlacionaron con una disminución de

los niveles del c-di-GMP (Fig. 1F). Por último, se evidenció que el AIA incrementó la expresión de un conjunto génico responsable de la síntesis de la cápsula bacteriana, lo que produjo un aumento de la sensibilidad de *S. plymuthica* a un bacteriófago que utiliza la cápsula como receptor.

La detección de señales desempeña una función primordial en la adaptación bacteriana a nichos ecológicos y hospedadores. En este sentido, el AIA está emergiendo como una molécula señal clave tanto inter- como intra-reino, regulando una amplia variedad de procesos bacterianos. Los resultados de nuestros estudios, llevados a cabo con un agente de biocontrol rizosférico, revelan la diversidad de mecanismos mediante los cuales el AIA regula el metabolismo primario y secundario, la formación de biopelículas, la motilidad, la susceptibilidad a antibióticos y la sensibilidad a bacteriófagos. Estos hallazgos tienen importantes implicaciones para la comprensión de la ecología bacteriana durante la interacción con plantas, así como para el desarrollo de aplicaciones biotecnológicas y clínicas del AIA (y otras moléculas relacionadas) (Krell *et al.*, 2023).

Referencias

- ▶ **Gavira, J.A., Rico-Jiménez, M., Ortega, A., Petukhova, N.V., Bug, D.S., Castellví, A., Porozov, Y.B., Zhulin, I.B., Krell, T., Matilla, M.A.** (2023). Emergence of an auxin sensing domain in plant-associated bacteria. *mBio* 14: e0336322.
- ▶ **Krell, T., Gavira, J.A., Roca, A., Matilla, M.A.** (2023). The emerging role of auxins as bacterial signal molecules: Potential biotechnological applications. *Microbial Biotechnology* 16: 1611-1615.
- ▶ **Matilla, M.A., Daddaoua, A., Chini, A., Morel, B., Krell, T.** (2018). An auxin controls bacterial antibiotics production. *Nucleic Acids Research* 96: 11229-11238.
- ▶ **Rico-Jiménez, M., Udaondo, U., Krell, T., Matilla, M.A.** (2024). Auxin-mediated regulation of susceptibility to toxic metabolites, c-di-GMP levels and phage infection in the rhizobacterium *Serratia plymuthica*. *mSystems* 9: e0016524.

Rico-Jiménez, M., Udaondo, U., Krell, T., Matilla, M.A. (2024). Auxin-mediated regulation of susceptibility to toxic metabolites, c-di-GMP levels and phage infection in the rhizobacterium *Serratia plymuthica*. *mSystems* 9: e0016524. <https://doi.org/10.1128/msystems.00165-24>

Las purinas como señales que regulan diversos procesos bacterianos

ELIZABET MONTEAGUDO-CASCALES¹, VADIM M. GUMEROV², MATILDE FERNÁNDEZ³, MIGUEL A. MATILLA¹, JOSÉ A. GAVIRA⁴, IGOR B. ZHULIN² AND TINO KRELL¹

¹Departamento de Biotecnología y Protección Ambiental, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada (España).

²Department of Microbiology and Translational Data Analytics Institute, The Ohio State University, Columbus, Ohio, (Estados Unidos).

³Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada (España).

⁴Laboratorio de Estudios Cristalográficos, IACT (CSIC-UGR), Armilla (España).

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

Las bacterias perciben y responden a señales ambientales y de sus hospedadores gracias a una amplia diversidad de receptores intra- y extracelulares, los cuales les permiten captar información del entorno y adaptarse eficientemente. La enorme diversidad de señales incluye aminoácidos, ácidos orgánicos, aminas, azúcares y hormonas. Las purinas (PUs) son las unidades formadoras de las principales moléculas de la vida: los ácidos nucleicos. No obstante, las PUs pueden también actuar como moléculas señal en bacterias regulando la expresión génica, el metabolismo celular, la motilidad, la homeostasis de segundos mensajeros e incluso la virulencia.

En general, los receptores bacterianos presentan dominios sensores (DS) implicados en el reconocimiento de señales. Una de las principales limitaciones que existen actualmente en el campo de la microbiología es el desconocimiento de las señales reconocidas por la mayoría de los DS. Entre estos, los dominios de tipo dCache_1 son los dominios extracelulares más abundantes en procariontes. Previamente, usando dominios dCache_1 como modelo, empleamos aproximaciones multidisciplinarias para definir motivos de secuencias responsables del reconocimiento de aminoácidos (Gumerov *et al.*, 2022) y de aminas (Cerna-Vargas *et al.*, 2023); permitiendo predecir los ligandos reconocidos por miles de receptores.

En el actual trabajo, se ha determinado la estructura tridimensional del DS del quimiorreceptor de purinas McpH de *Pseudomonas putida*. Esta estructura permitió identificar los residuos clave del reconocimiento de purinas y definir el motivo_PU (Fig. A-B) (Monteagudo-Cascales *et al.*, 2024). Este motivo, contenido exclusiva-

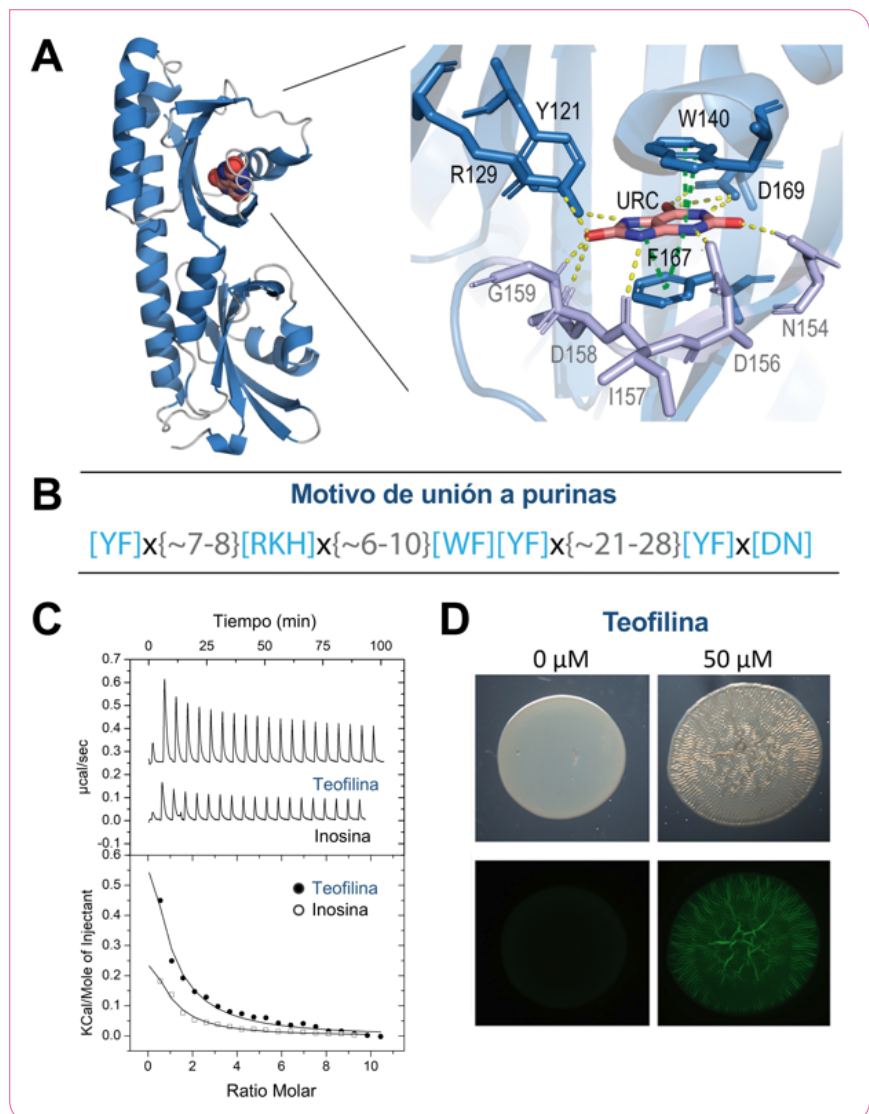


Figura 1. Identificación del dominio dCache_1PU para el reconocimiento específico de purinas. A: Estructura del dominio dCache_1PU del quimiorreceptor McpH de *P. putida* y detalles de la interacción de los residuos con el ácido úrico. B: Secuencia consenso del motivo_PU. C: Ensayos de microcalorimetría que muestran la unión de teofilina e inosina al dominio dCache_1PU de la diguanilato ciclasa VC2224 de *V. cholerae*. D: Efecto de la teofilina en la morfología de colonia y en los niveles de di-GMPc tras expresar VC2224 en *P. putida*.

mente en DS de tipo dCache_1 (denominados dCache_1PU) se encontró presente en 6,300 receptores bacterianos, incluyendo relevantes patógenos humanos y de plantas como *Vibrio cholerae*, *Clostridioides difficile* y *Dickeya zeae*. Los dominios dCache_1PU se encontraron en receptores pertenecientes a múltiples familias como quimiorreceptores, histidina quinasa, serina/treonina fosfatasa y diguanilato ciclasas. Estudios de calorimetría de titulación isotérmica realizados con dominios dCache_1PU presentes en varias familias de receptores, permitió validar las predicciones bioinformáticas. Además, se mostró que la teofilina, un compuesto abundante en el té, actuaba como señal para todos los receptores analizados. De manera notable, se demostró que las PUs modulan la actividad *in vivo* de una diguanilato ciclasa de *V. cholerae* que contiene un dCache_1PU

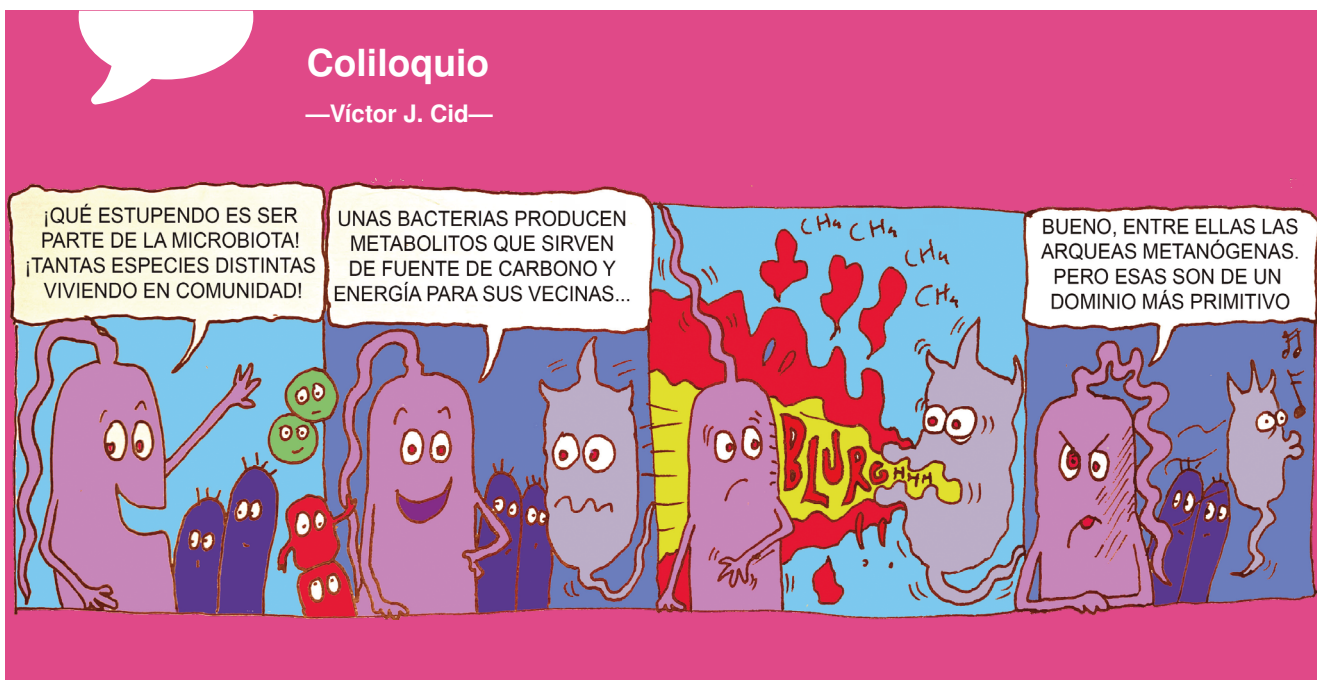
(Fig. C-D). Así, la adición de teofilina incrementó los niveles del segundo mensajero diguanilato cíclico (di-GMPc), resultando en un típico fenotipo de morfología de colonia arrugada (Fig. D).

La identificación de las señales de miles de receptores bacterianos permite sentar las bases para la búsqueda de terapias alternativas a los antibióticos como, por ejemplo, la interferencia en la señalización mediada por antagonistas. Esta aproximación puede ser complementaria al uso de antibióticos, minimizando así los problemas clínicos derivados de la multi-resistencia. Estos resultados han sido fruto de la colaboración internacional multidisciplinar entre investigadores de la Estación Experimental del Zaidín (EEZ, CSIC), el Instituto Andaluz de Ciencias de la Tierra (IACT, CSIC) y *The Ohio State University* (EEUU).

Referencias

- ▶ **Cerna-Vargas J.P., Gumerov V.M., Krell T., Zhulin I.B.** (2023). Amine-recognizing domain in diverse receptors from bacteria and archaea evolved from the universal amino acid sensor. **Proc Natl Acad Sci USA**, 120:e2305837120.
- ▶ **Gumerov V.M., Andrianova E.P., Matilla M.A., Page K.M., Monteagudo-Cascales E., Dolphin A.C., Krell T., Zhulin, I.B.** (2022). Amino acid sensor conserved from bacteria to human. **Proc Natl Acad Sci USA**, 119:e2110415119.
- ▶ **Monteagudo-Cascales E., Gumerov V.M., Fernández M., Matilla M.A., Gavira J.A., Zhulin I.B., Krell T.** (2024). Ubiquitous purine sensor modulates diverse signal transduction pathways in bacteria. **Nat Commun**, 15:5867.

Monteagudo-Cascales E., Gumerov V.M., Fernández M., Matilla M.A., Gavira J.A., Zhulin I.B., Krell T. (2024). Ubiquitous purine sensor modulates diverse signal transduction pathways in bacteria. *Nat Commun*, 15:5867. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50275-3>



Regulación cruzada de los promotores *aps* de *Lacticaseibacillus paracasei* por el regulador de respuesta PsdR en respuesta a lantibióticos

QIAN ZHANG¹, MANUEL ZÚÑIGA^{2*}, CRISTINA ALCÁNTARA², DIANA WOLF¹, THORSTEN MASCHER¹, AND AINHOA REVILLA-GUARINOS^{3*}

¹Chair of General Microbiology, Technische Universität Dresden, Dresden, Germany.

²Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA-CSIC), Valencia, España.

³Área de Genómica y Salud, Fundación FISABIO, Valencia, España.

✉ ainhoa.revilla@fisabio.es | btzman@iata.csic.es

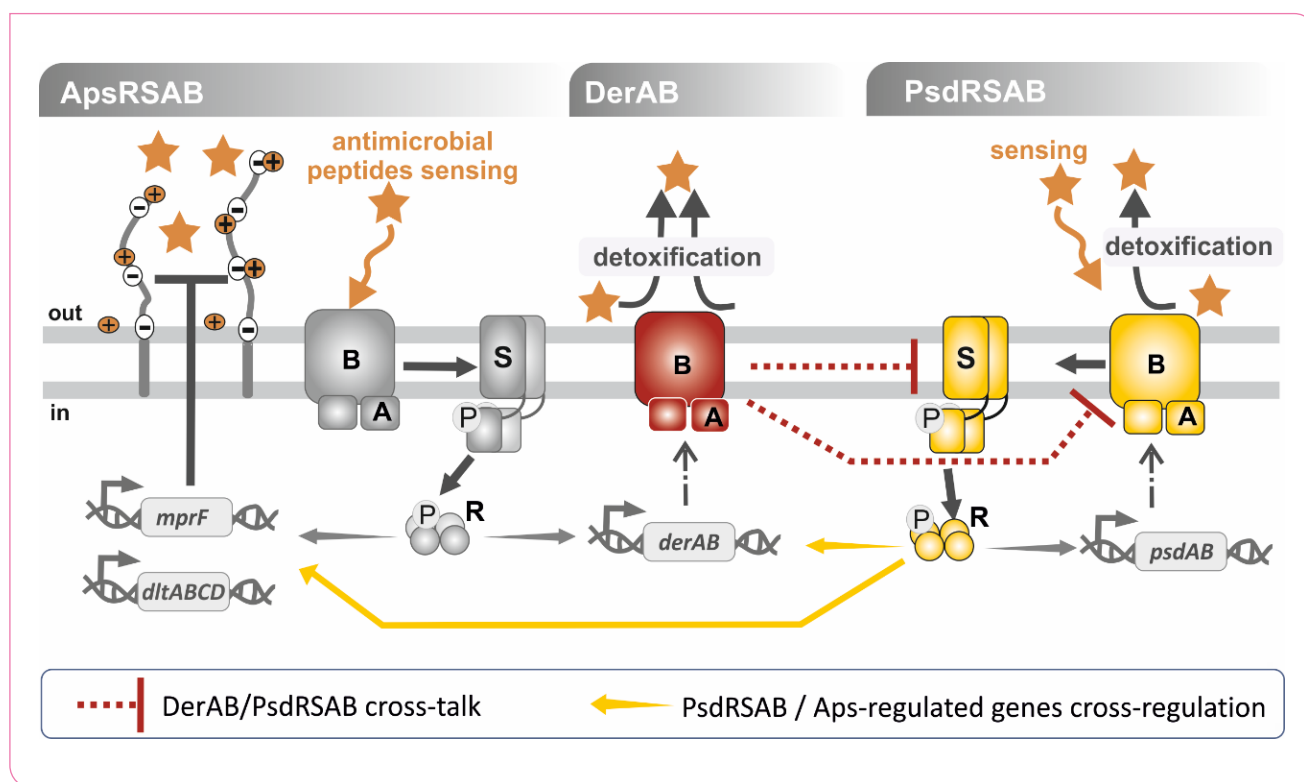


Figura 1. Sistemas involucrados en la respuesta a péptidos antimicrobianos en *Lc. paracasei* BL23.

El incremento de la diseminación de resistencias a los antibióticos clásicos ha impulsado la investigación en estrategias alternativas. Entre ellas, el empleo de péptidos antimicrobianos (PAs) constituye una de las alternativas más prometedoras por su amplio espectro de acción y baja toxicidad. Los PAs son cadenas cortas de aminoácidos que en la mayoría de los casos tienen carga neta positiva. Los PAs desempeñan un papel muy importante en

la supresión del crecimiento de microorganismos tanto si son producidos por las propias bacterias (para inhibir a competidores) como por eucariotas superiores, donde forman un componente importante de la inmunidad innata.

Dado que los PAs representan amenazas comunes para las bacterias en los hábitats microbianos, éstas han desarrollado una amplia gama de mecanismos para

atenuar su efecto tóxico (Revilla-Guarinos *et al.*, 2014). Conocer con detalle las características genéticas y bioquímicas de estos mecanismos es fundamental para prevenir el desarrollo de nuevas resistencias. Nuestro grupo ha investigado la familia de transportadores ABC tipo Bce presentes en *Lacticaseibacillus paracasei* BL23 que median resistencia a PAs: PsdAB y ApsAB (asociados genómica y funcionalmente con los sistemas de dos componentes PdsRS y

ApsRS), y el transportador huérfano DerAB (Figura 1) (Revilla-Guarinos *et al.*, 2013; Revilla-Guarinos *et al.*, 2020). El sistema PsdRSAB es una unidad funcional que percibe los PAs y confiere resistencia a ellos. Por el contrario, en el sistema ApsRSAB, el transportador ApsAB actúa sólo como sensor de los PAs pero no participa directamente en su detoxificación. En cambio, este sistema regula la expresión del operón *dlt*, el gen *mprF* y el transportador *derAB*.

Previamente, demostramos que DerAB confiere resistencia a defensinas de insectos, pero también produce interferencia de señal dentro del sistema PsdRSAB, por interacciones espurias entre DerB-PsdS y DerB-PsdA en presencia del PA lantibiótico nisina (Revilla-Guarinos *et al.*, 2020). En nuestro último trabajo, hemos investigado en detalle la respuesta al PA lantibiótico subtilina, estructuralmente similar a nisina. Nuestros resultados muestran que el efecto de interferencia es exclusivo de la nisina y que la resistencia a la subtilina está regulada exclusivamente por PsdR-

SAB y ApsRSAB. Además, mediante ensayos de unión proteína-ADN demostramos la existencia de regulación cruzada por PsdRS de los genes *derAB*, *mprF* y *dltABCD*, al menos en ausencia de ApsRSAB (Fig. 1). La posibilidad de regulación cruzada a nivel de interacción regulador de la respuesta-promotor podría servir para asegurar la expresión de sistemas involucrados en el mantenimiento de funciones críticas de la membrana celular en respuesta a los PAs de tipo lantibiótico.

Consideramos que nuestros resultados pueden ser muy útiles para el estudio de sistemas similares presentes en organismos patógenos, y nos recuerdan que debemos permanecer atentos a la posible aparición de resistencias a los PAs tras un uso clínico prolongado. Estudios futuros deberían centrarse en la búsqueda de inhibidores moleculares de estas vías de señalización, así como en moléculas derivadas de PAs modificadas químicamente y no reconocibles por los correspondientes sistemas de detoxificación bacteriana.

Referencias

- ▶ **Revilla-Guarinos, A., et al.** (2013). "Characterization of a regulatory network of peptide antibiotic detoxification modules in *Lactobacillus casei* BL23." *Appl. Environ. Microbiol.*
- ▶ **Revilla-Guarinos, A., et al.** (2014). "Defence against antimicrobial peptides: different strategies in Firmicutes." *Environ Microbiol* **16**(5): 1225-1237.
- ▶ **Revilla-Guarinos, A., et al.** (2020). "ABC transporter DerAB of *Lactobacillus casei* mediates resistance against insect-derived defensins." *Appl Environ Microbiol* **86**(14): AEM.00818-00820.

Zhang, Q., Zúñiga, M., Alcántara, C., Wolf, D., Mascher, T., and Revilla-Guarinos, A. Cross-regulation of Aps-promoters in *Lactocaseibacillus paracasei* by the PsdR response regulator in response to lantibiotics. *Sci Rep* **14**, 3319 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53592-1>



Nuevos socios de la SEM

Nuevas altas
Desde 23/05/2024 al 28/10/2024

- ▶ Balaguer Bañeras, Livia
- ▶ Barberá Rico, Jonathan
- ▶ Blasco Birlanga, Victor
- ▶ Campillo Pérez, Raúl
- ▶ Cardoza Silva, Rosa Elena
- ▶ Cholvi Simó, Maria
- ▶ Colás Medà, Pilar
- ▶ Coll I Cerezo, Francesc
- ▶ Correa Delgado, Raquel
- ▶ Cuevas Fernández, Francisco Borja
- ▶ Díaz Arinero, Esther
- ▶ Erena Ortega, Carmen
- ▶ Escolano Vico, Aitana
- ▶ Estupiñan, Julieth Andrea
- ▶ Fraga Pampín, Soraya
- ▶ Gabaldón Estevan, Toni
- ▶ García de la Camacha Selgas, Nuria
- ▶ García Gutiérrez, Enriqueta
- ▶ González Hevilla, Alba
- ▶ Gonzalo Padilla, Pablo
- ▶ Guillén Camacho, Camila Ivanova
- ▶ Guiu Moneo, Andrea
- ▶ Gullón Blanco, Sonia
- ▶ Gutiérrez León, María
- ▶ Hidalgo Rodríguez, Cristina
- ▶ Jara Pérez, Josué
- ▶ Jiménez Fernández, Adrián
- ▶ Logares, Ramiro
- ▶ Lombó Brugos, Felipe
- ▶ Lomeli Ortega, Carlos Omar
- ▶ Molina Sorribes, Carla
- ▶ Molpeceres García, Francisco Javier
- ▶ Nadal Ruiz, María
- ▶ Ortiz Rivero, Javier
- ▶ Pimentel González, Mariana Fernanda
- ▶ Ravina Pérez, Candelaria
- ▶ Rodríguez Pires, Silvia
- ▶ Rubio Portillo, Esther
- ▶ Sabando Garcia, Núria
- ▶ Salas Lastres, Isabel
- ▶ Sánchez Cañizares, Carmen
- ▶ Sánchez-Martín, Javier
- ▶ Sauca Salcedo, María
- ▶ Sebastián Lerín, Laura
- ▶ Segado Pérez, Martín
- ▶ Seguí Moll, Arnau
- ▶ Serrano Heredia, Salud María
- ▶ Sobén Urrea, María
- ▶ Vila Fajardo, Pablo

Los microbios patógenos van al cine

MANUEL SÁNCHEZ ANGULO^{1,2}

¹Departamento de Producción Vegetal y Microbiología, Universidad Miguel Hernández.

²Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL).

✉ m.sanchez@umh.es

“*Microbial pathogens in the movies*” es una revisión exhaustiva de los diferentes títulos cinematográficos en los que se representan a los microbios patógenos y las enfermedades infecciosas causadas por ellos. La principal idea del artículo es que, a pesar de que en el cine los microbios son representados como una de las peores amenazas a las que se enfrenta la humanidad, podemos hacer de la necesidad virtud y usar las películas comerciales como herramientas educativas para difundir la importancia de la microbiología a nuestros alumnos y a la sociedad.

La revisión está estructurada en tres partes principales: las enfermedades infecciosas, los científicos que las estudian y combaten, y finalmente las distopías imaginadas a causa de la acción de dichos patógenos. Viene acompañada de unas tablas en las que se nombran muchas películas representativas, pero dentro de cada parte algunas películas se discuten con algo más de detalle, no solo en el aspecto científico, también en el aspecto de cómo fue percibida por el gran público y su influencia en la cultura popular. Por ejemplo, en el caso de “Philadelphia” (Jonathan Demme, 1993), trata sobre el SIDA y cómo la sociedad trataba a las personas que padecían dicha enfermedad. Además de mostrar el padecimiento físico de los enfermos, este film ayudó a cambiar la percepción pública hacia los pacientes con SIDA, mostrando el impacto social y la discriminación que enfrentaban. Otro ejemplo lo tenemos en la película “Contagio” (Steven Soderbergh, 2011), que fue una predicción bas-



Figura. La imagen de la microbiología que tiene el gran público proviene en gran parte de las películas comerciales. A pesar de sus errores e imprecisiones, éstas pueden ser usadas para explicar diversos conceptos microbiológicos tanto a nuestros alumnos como a la sociedad.

tante acertada de los desafíos a los que nos enfrentamos durante la pandemia de COVID-19 unos años después. Finalmente, “Soy Leyenda” (Francis Lawrence, 2007) nos muestra como un virus desarrollado para curar el cáncer se transforma en una plaga que acaba casi por completo con la humanidad, lo que permite reflexionar sobre temas como la ética de la investigación científica o cómo el cine suele reflejar los potenciales peligros de la biotecnología, pero no sus múltiples beneficios para la sociedad.

Hay que entender que esta representación distorsionada del mundo microbiano

es debida a que el cine comercial apela a los sentimientos y busca emocionar al espectador. A pesar de las imprecisiones, las películas ofrecen oportunidades únicas para enseñar microbiología de una manera accesible y atractiva al poder utilizar escenas de películas famosas para discutir conceptos científicos como el mecanismo de contagio de un patógeno, el desarrollo de vacunas, o la importancia de la salud global.

Tesis

***Vibrio vulnificus* and related species: A study of the evolution and emergence of new pathogenic variants**

> **Doctorando:**

Héctor Carmona Salido

hector.salido@uv.es

> **Directores:**

Carmen Amaro González
Fernando González Candelas
Francisco José Roig Molina

> **Centro de realización:**

Universitat de València.

> **Resumen**

En los últimos años, los avances en tecnologías de secuenciación y análisis bioinformático han permitido la comprensión de la evolución de muchos patógenos. En esta tesis, hemos aplicado estas herramientas para conocer la evolución del patógeno *Vibrio vulnificus* (Vv).

El análisis de 364 genomas, algunos secuenciados *de novo* en este trabajo, reveló que:

- La especie ha estado sometida a múltiples procesos de recombinación que, incluso, han afectado al 99% de los genes del *core*, siendo uno de éstos el gen *rtxA1* que codifica la toxina más relevante en virulencia.

- Vv es una especie zoonótica cuya evolución se da de forma acelerada en las piscifactorías gracias a la transferencia de un plásmido de virulencia que codifica potencial septicémico para peces.

- El L4 es el único formado exclusivamente por cepas europeas. Este linaje está íntimamente asociado al cambio climático.

Para confirmar la presencia de Vv en la Comunidad Valenciana, lo aislamos de ecosistemas cercanos y descubrimos que el L1 en su variante peligrosa en Salud Pública está presente en nuestra Comunidad. Finalmente, la caracterización de vibrios clínicos de hospital nos permitió describir el primer caso mortal debido a *V. metoecus* (Vm), especie próxima a *V. cholerae*, y encontrar la base genética de su virulencia. Descubrimos que Vm y Vv comparten la capacidad dependiente de hierro de sobrevivir en sangre humana, pero difieren en la estrategia que utilizan y que reside en genes putativamente transferibles y, por tanto, generadores de recombinación. En conclusión, comprender mejor los mecanismos de transferencia genética horizontal es clave para controlar la aparición de nuevas variantes patógenas de las especies de *Vibrio*.



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

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

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

Envía tus reseñas a la secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o a la directora editorial (Magdalena Martínez Cañamero, correo: canamero@ujaen.es)

Publicación de resúmenes de Tesis Doctorales

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

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

Envía tus reseñas a la secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o a la directora editorial (Magdalena Martínez Cañamero, correo: canamero@ujaen.es)

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

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

Biocontrol de ocratoxina A en jamón curado utilizando cultivos protectores combinados

➤ Autor:

Eva Cebrián Cabezón

evcebianc@unex.es

➤ Directores:

Mar Rodríguez Jovita

Félix Núñez Breña

Ana Belén Peromingo Arévalo

➤ Centro de realización:

Universidad de Extremadura, Facultad de Veterinaria, Instituto Universitario de Investigación de Carne y Productos Cárnicos, Higiene y Seguridad Alimentaria. Cáceres, España

➤ Resumen:

Durante la maduración de los derivados cárnicos curado-madurados se desarrollan mohos productores de ocratoxina A (OTA) en su superficie como *Penicillium nordicum* y *Aspergillus westerdijkiae*. Una estrategia para controlar este peligro es la utilización de microorganismos autóctonos como agentes de biocontrol. El objetivo de la Tesis Doctoral fue diseñar métodos de biocontrol con cultivos protectores combinados para reducir la OTA en jamón curado. Primero, se comprobó que el uso combinado de *Penicillium chrysogenum* CECT 20922 y *Debaryomyces hansenii* 253H reducía la producción de OTA por *P. nordicum* en jamón, pero no la eliminaba totalmente. Posteriormente, se seleccionó *Staphylococcus xylosus* Sx8 por su actividad antifúngica y se demostró que su acción se debía a la competencia por nutrientes y espacio, originando cambios en el proteoma de los mohos ocratoxigénicos. La combinación de este estafilococo con *D. hansenii* 253H

fue eficaz para reducir la producción de OTA, originando cambios en el metaboloma de mohos ocratoxigénicos. Por último, se observó que el cultivo combinado con *D. hansenii* 253H, *S. xylosus* Sx8 y *P. chrysogenum* Pg222 provocó un descenso superior al 98 % de la producción de OTA por *P. nordicum* y redujo su concentración hasta valores no cuantificables en *A. westerdijkiae* en jamón curado, por lo que se pueden proponer como cultivo protector mixto para este alimento.

Esta Tesis Doctoral es parte del proyecto de I+D+i PID2019-104260GB-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033. Eva Cebrián es beneficiaria de la ayuda PRE2020-093605 (MCIN AEI/10.13039/501100011033) y "ESF Investing in your future".

Transferencia horizontal a *Salmonella* de sistemas de defensa contra bacteriófagos en el tracto intestinal de pollos de engorde y papel del gen *ibfA* codificado en plásmidos como mecanismo de defensa

➤ Autor:

Júlia López Pérez

julia.lopez@uab.cat

➤ Directores:

Montserrat Llagostera Casas

Maria Pilar Cortés Garmendia

Iván Erill Sagales

➤ Centro de realización y presentación:

Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona.

➤ Resumen:

En esta tesis se ha estudiado las causas que promueven una menor susceptibilidad fágica en siete variantes de *Salmonella*, aisladas de un estudio de terapia fágica en pollos de engorde tratados con un cóctel integrado por los fagos UAB_Phi20, UAB_Phi78 y UAB_Phi87.

Los resultados obtenidos mostraron que dichos fagos dan lugar a infecciones abortivas, si bien la adsorción del fago UAB_Phi87 fue menos eficiente que en la cepa parental. Análisis informáticos de los genomas de dichas variantes identificaron que todas ellas habían adquirido plásmidos conjugativos del grupo Inc11a por transferencia horizontal desde la microbiota intestinal de los animales, los cuales mostraron una elevada homología entre ellos. Dichos plásmidos fueron los responsables de la total interferencia de dichas variantes contra UAB_Phi20 y UAB_Phi78, y parcialmente contra UAB_Phi87.

Asimismo, se determinó que uno de dichos plásmidos, denominado pUA1135, codifica el gen *ibfA*, cuya presencia provoca la infección abortiva del fago UAB_Phi20, reduciendo la productividad del fago e

induciendo un declive de la viabilidad celular sin lisis observable. A nivel molecular, *IbfA* no interfirió con la replicación del genoma viral, pero produjo una desregulación de la expresión génica viral, conduciendo a una disminución significativa de la expresión de los genes fágicos tardíos que codifican las proteínas estructurales y de lisis celular. Se propone un modelo que explica dicha interferencia.

Finalmente, en esta tesis también se ha observado que la emergencia de variantes resistentes o con mecanismos de defensa no compromete la efectividad de la terapia fágica en nuestras condiciones de estudio.



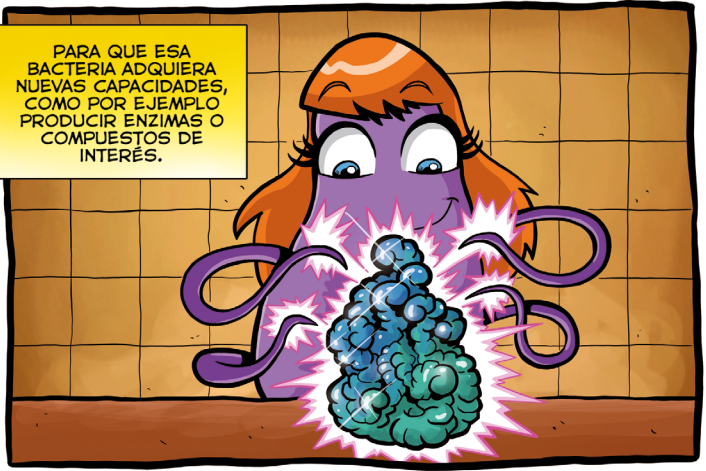
MI NOMBRE ES *ESCHERICHIA COLI*, BACTERIA E INVESTIGADORA.

HE LLEGADO A LA BASE URUGUAYA EN LA ANTÁRTIDA PARA CONTINUAR CON UNA IMPORTANTÍSIMA INVESTIGACIÓN.

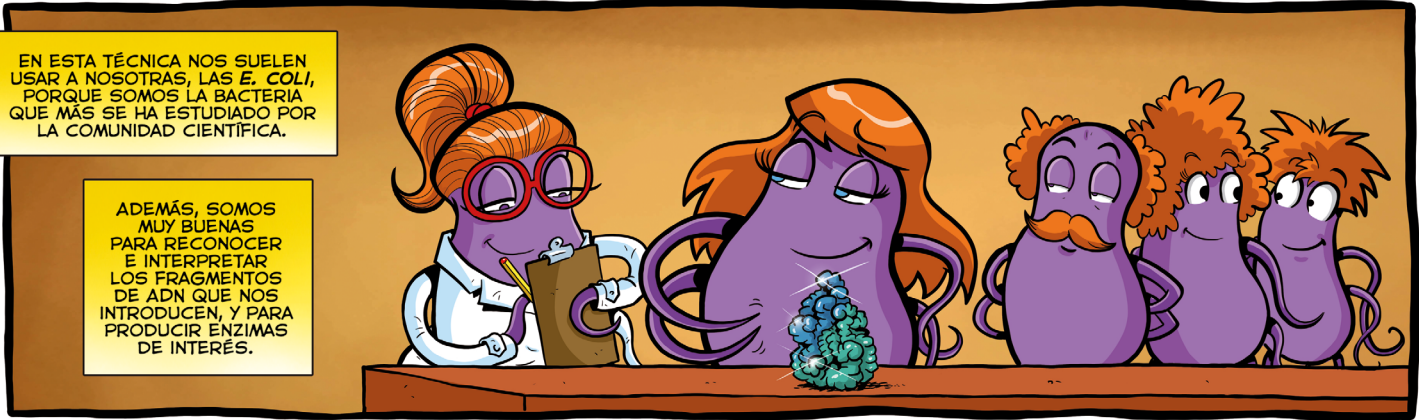


PERO PRIMERO, UN POCO DE HISTORIA.

HAY UNA TÉCNICA LLAMADA **METAGENÓMICA FUNCIONAL**, QUE CONSISTE EN INTRODUCIRLE A UNA BACTERIA INFORMACIÓN GENÉTICA, ES DECIR ADN, PROVENIENTE DE UNA COMUNIDAD BACTERIANA DIFERENTE.



PARA QUE ESA BACTERIA ADQUIERA NUEVAS CAPACIDADES, COMO POR EJEMPLO PRODUCIR ENZIMAS O COMPUESTOS DE INTERÉS.



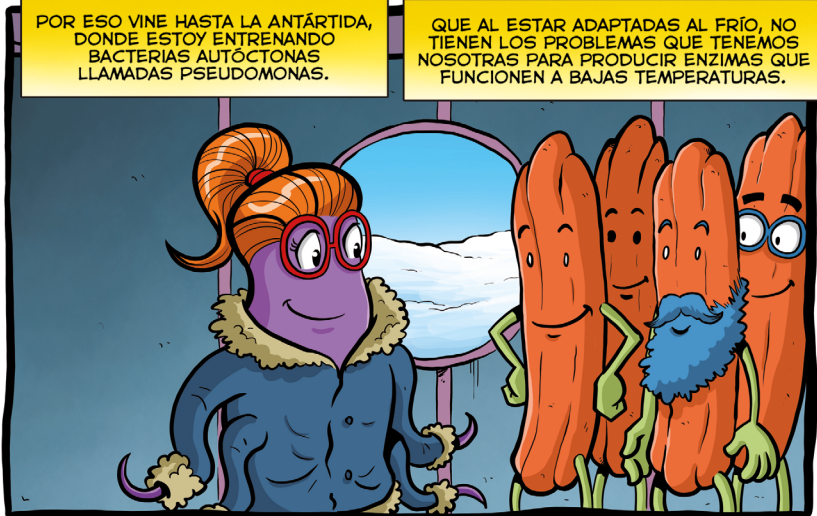
EN ESTA TÉCNICA NOS SUELEN USAR A NOSOTRAS, LAS *E. COLI*, PORQUE SOMOS LA BACTERIA QUE MÁS SE HA ESTUDIADO POR LA COMUNIDAD CIENTÍFICA.

ADEMÁS, SOMOS MUY BUENAS PARA RECONOCER E INTERPRETAR LOS FRAGMENTOS DE ADN QUE NOS INTRODUCEN, Y PARA PRODUCIR ENZIMAS DE INTERÉS.



¿PUEDEN SUBIR LA CALEFACCIÓN?

PERO TENEMOS UN PROBLEMA: NO NOS VA MUY BIEN CUANDO NOS INTRODUCEN ADN QUE VIENE DE COMUNIDADES BACTERIANAS QUE VIVEN EN EL FRÍO.



POR ESO VINE HASTA LA ANTÁRTIDA, DONDE ESTOY ENTRENANDO BACTERIAS AUTÓCTONAS LLAMADAS *PSEUDOMONAS*.

QUE AL ESTAR ADAPTADAS AL FRÍO, NO TIENEN LOS PROBLEMAS QUE TENEMOS NOSOTRAS PARA PRODUCIR ENZIMAS QUE FUNCIONEN A BAJAS TEMPERATURAS.

VAMOS A VER SI USTEDES CUMPLEN CON LO NECESARIO PARA CONVERTIRSE EN BACTERIAS DE LABORATORIO.

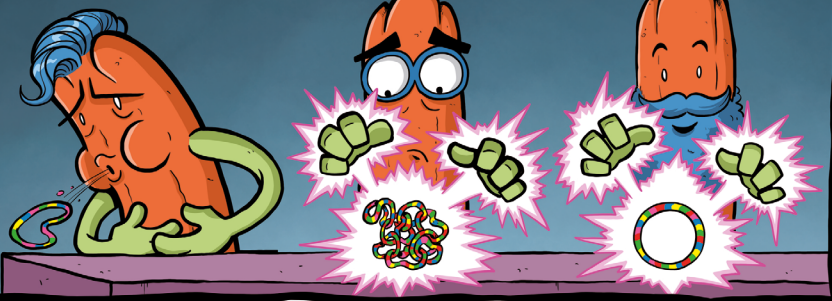
LES PONDREMOS ESTOS PLÁSMIDOS, QUE SON PEQUEÑAS MOLÉCULAS DE ADN QUE LUEGO USAREMOS PARA PONER EL ADN DE LAS COMUNIDADES DE INTERÉS E INTRODUCIRLO EN LAS BACTERIAS. LO PRIMERO ES PROBAR QUE PLÁSMIDOS FUNCIONAN.

DÍA TRES DEL ESTUDIO. LE HEMOS PUESTO A LAS PSEUDOMONAS PLÁSMIDOS DE DISTINTOS ORÍGENES.

COMO PUEDE OBSERVARSE, EN ALGUNOS CASOS LOS ELIMINAN.

OTROS HACEN UN PLÁSMIDO DE RESULTADO DECEPCIONANTE.

PERO OTROS LO MANTIENEN PERFECTO.

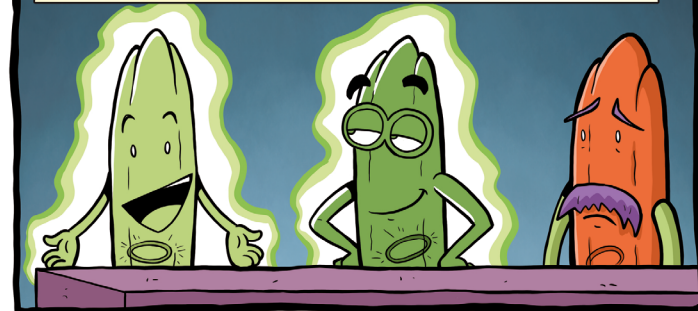


DÍA OCHO. HOY HEMOS PROBADO GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS.

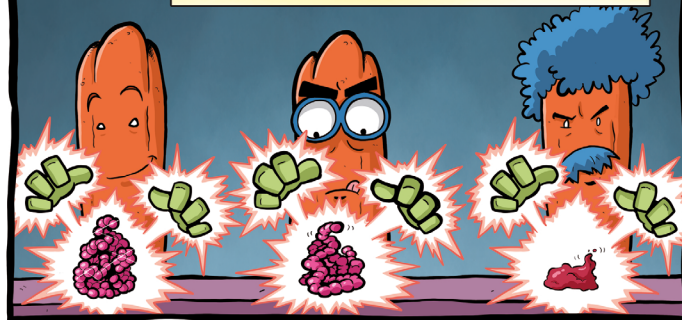
LOS RESULTADOS HAN SIDO MUY DIVERSOS: ALGUNAS PSEUDOMONAS LOS HAN DEGRADADO. OTRAS LO ELIMINAN. Y OTRAS... BUENO... OTRAS NO HAN TENIDO TANTA SUERTE...



DÍA DOCE. HEMOS EXPERIMENTADO DISTINTAS MANERAS DE EXPRESAR GENES, EVALUANDO DISTINTAS SECUENCIAS PROMOTORES Y LA PROTEÍNA GFP (PROTEÍNA VERDE FLUORESCENTE) COMO SEÑAL. SI LA BACTERIA RECONOCE LA SECUENCIA PROMOTORA, ENTONCES VA A EXPRESAR LA GFP Y LA BACTERIA SERÁ VERDE FLUO.



DÍA VEINTE. TRAS UN ARDUO PROCESO DE SELECCIÓN, LAS TRES BACTERIAS FINALISTAS SE ENFRENTAN A LA PRUEBA FINAL: EXPRESAR UNA PROTEÍNA.



SÉ QUE NO HAN SIDO DÍAS FÁCILES QUERIDAS PSEUDOMONAS, PERO LO HEMOS LOGRADO.

¡FELICITACIONES, UYIF41 Y UYIF39! ¡ESTÁN APTAS PARA SER BACTERIAS DE LABORATORIO!

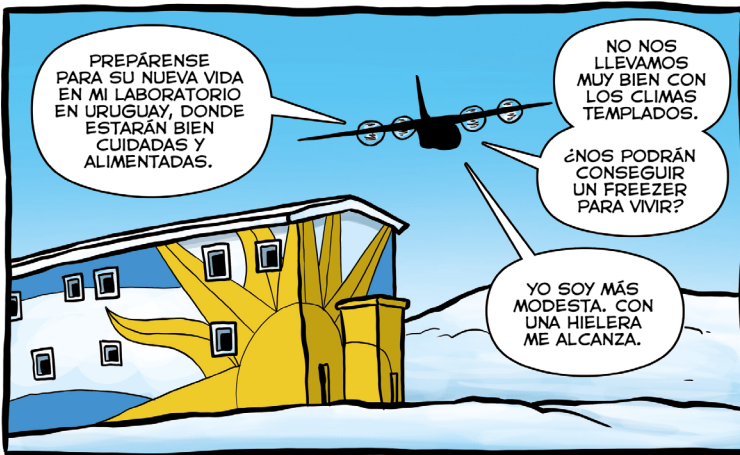


PREPÁRENSE PARA SU NUEVA VIDA EN MI LABORATORIO EN URUGUAY, DONDE ESTARÁN BIEN CUIDADAS Y ALIMENTADAS.

NO NOS LLEVAMOS MUY BIEN CON LOS CLIMAS TEMPLADOS.

¿NOS PODRÁN CONSEGUIR UN FREEZER PARA VIVIR?

YO SOY MÁS MODESTA. CON UNA HIELERA ME ALCANZA.





XXX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

Jaén 2025

*Crisol de Culturas
Crisol de Cultivos*

2025

XXX Edición del Congreso de la Sociedad Española de Microbiología en Jaén.

16 al 19 de junio de 2025



*Inscríbete ahora y consulta
toda la información en:*
congresosem.es/SEM2025



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

