

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

Taxonomía de microorganismos de moluscos y peces

Jesús López Romalde.

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

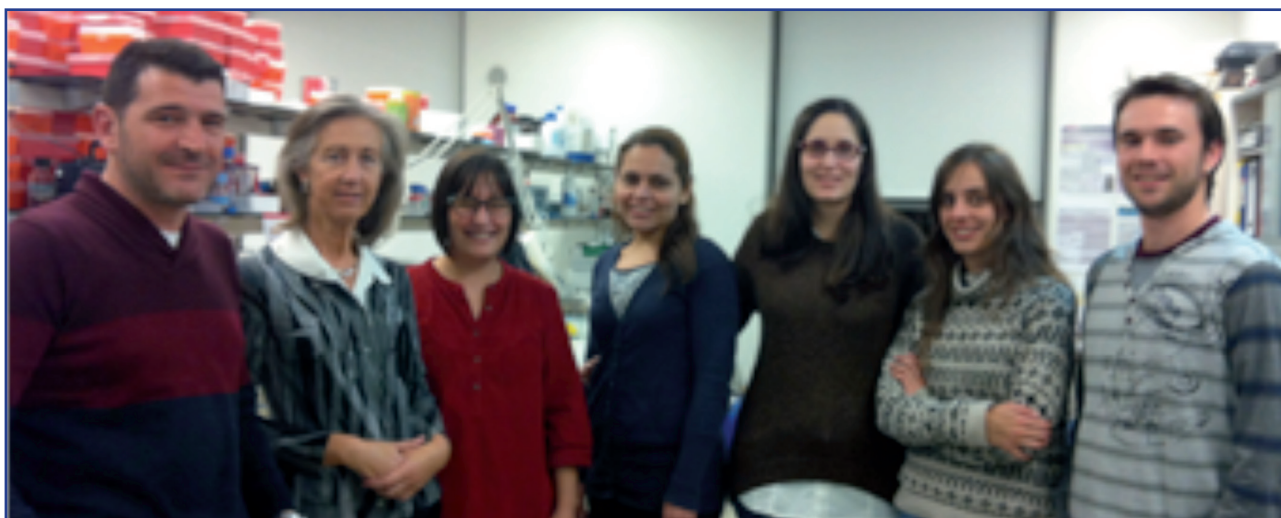
El equipo de la Universidad de Santiago comenzó sus trabajos de patología de peces y moluscos en la década de los 80, con el análisis de vibrios patógenos para ostra y rodaballo. Desde entonces y gracias a la obtención de diferentes proyectos del Plan Nacional, Europeos y Autonómicos hemos avanzado en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

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

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

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

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



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

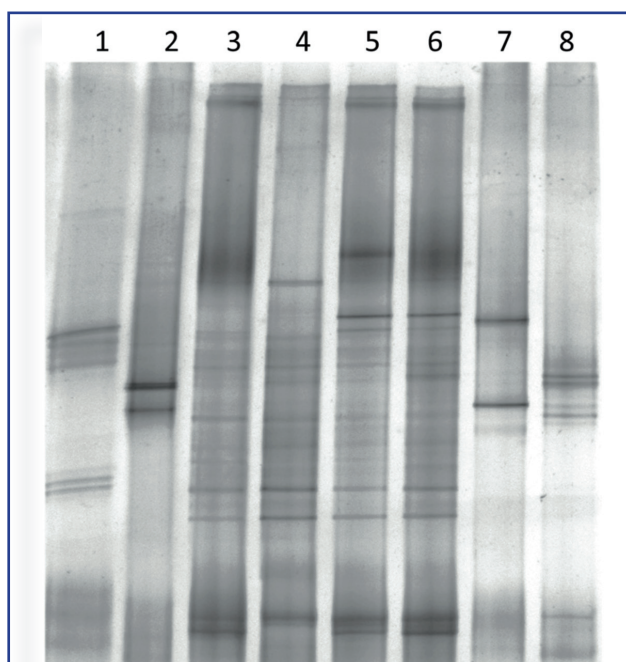


Fig. 1. Análisis de DGGE de las poblaciones microbianas asociadas a reproductores de vieira antes y después de la puesta. Líneas: 1, 2, 7 y 8, controles de peso molecular; 3 y 4, perfiles obtenidos para gónada femenina antes y después de la puesta respectivamente; 5 y 6, perfiles obtenidos para gónada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

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

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

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

ÚLTIMAS PUBLICACIONES DEL GRUPO INVESTIGADOR

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

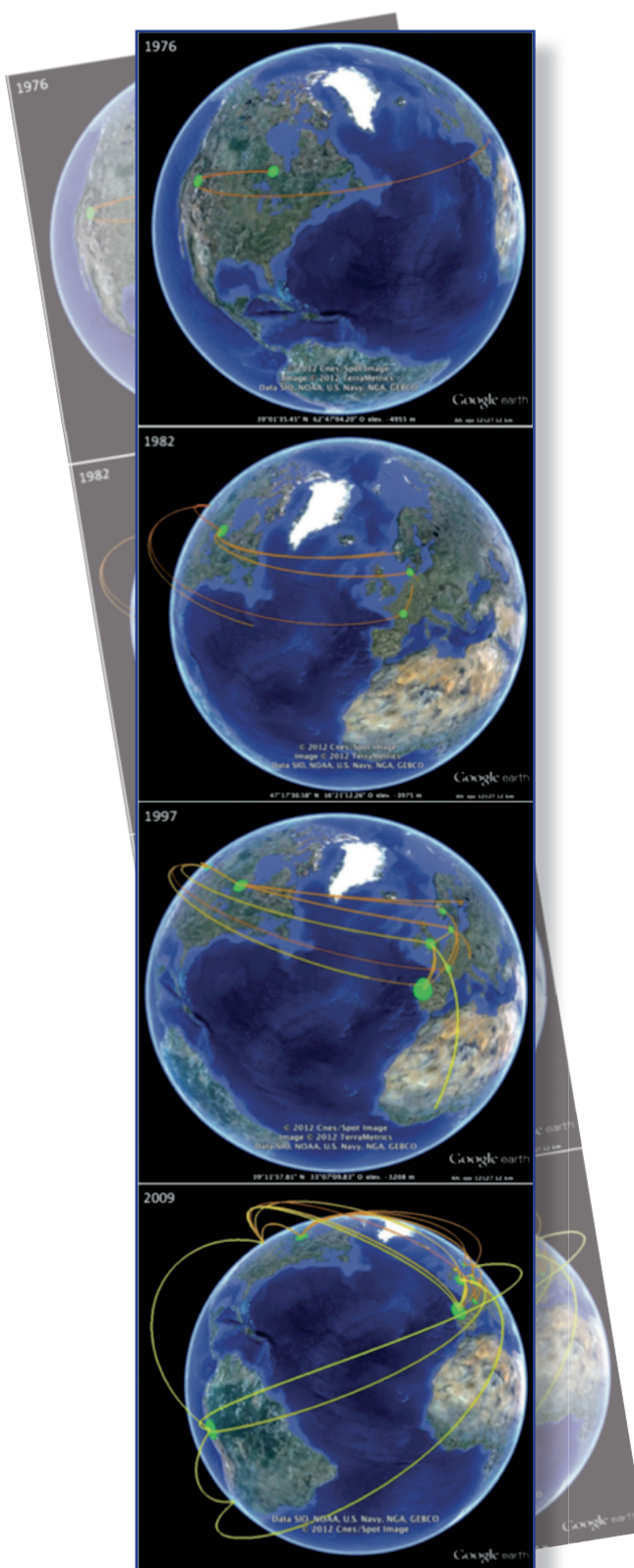


Fig. 2. Dinámica temporal de la diseminación espacial de *Y. ruckeri* estimada tras análisis bayesiano de la población.