

HISTORIA DE LA MICROBIOLOGÍA

LOS PREMIOS NOBEL Y LA MICROBIOLOGÍA: DOS NACIMIENTOS COETÁNEOS QUE MARCARON EL DESARROLLO Y LA VISIBILIDAD DE LA CIENCIA EN EL SIGLO XX

Informa: M^a Francisca Colom.

El nacimiento de los premios Nobel en los comienzos del siglo xx coincidió con lo que se denomina *la edad de oro* de la Microbiología, en la que se sentaron las bases del conocimiento de los microorganismos y de las herramientas fundamentales para su estudio.

Durante la primera década de su existencia (1901-1910) el premio Nobel de Fisiología o Medicina recayó en seis microbiólogos. Casi todos ellos relacionados con los laboratorios fundados por Louis Pasteur y Robert Koch. Este último fue uno de los premiados (1905) después de una carrera investigadora extensa e intensa. A él le debemos el concepto de «cultivo puro» y en su laboratorio se desarrollaron técnicas y métodos de trabajo todavía hoy vigentes para el cultivo de microorganismos (el uso del agar-agar, las placas de Petri y otros). Desarrolló algunas de las tinciones más importantes en bacteriología y describió las esporas bacterianas y su elevada resistencia. Pero su mayor contribución fue formular los postulados propuestos por Jacob Henle para demostrar la implicación de un microorganismo en una enfermedad infecciosa. La aplicación de los postulados de Koch-Henle llevó la microbiología a su zénit, permitiendo la descripción de los agentes causales específicos de muchas enfermedades contagiosas.

Además de Koch, otros cinco microbiólogos fueron galardonados con el Nobel en la primera década del siglo xx. Emil A. von Behring (1901) fue premiado por el desarrollo de la inmunoterapia (terapia sérica). Demostró que la capacidad para resistir frente a la difteria (y otras enfermedades) residía en la parte no celular de la sangre (el suero), trabajo que desarrolló junto con el japonés S. Kitasato. Al año siguiente (1902) Ronald Ross recibió el Nobel por su estudio de la malaria. Describió el papel del mosquito *Anopheles* en la transmisión y en el ciclo biológico del parásito. También en el campo de los protozoos parásitos trabajaba Charles L. A. Laveran que fue premiado en 1907. Los últimos microbiólogos premiados en la década fueron Ilya Metchnikov y Paul Ehrlich (1908). Ambos trabajaron en diferentes aspectos de la respuesta a la infección, aunque Ehrlich se considera el padre de la quimioterapia por el desarrollo de compuestos con actividad antimicrobiana y baja toxicidad celular (salvarsán), mientras que la contribución más relevante de Metchnikov fue sin duda la teoría general de la fagocitosis.

Juan-Carlos Argüelles. (2013) *The early days of the Nobel Prize and Golden Age of Microbiology*. Hektoen International. 5(1). <http://www.hekint.org/the-early-days-of-the-nobel-prize.html>.

MICROBIOLOGÍA MOLECULAR

CÓMO *BACILLUS SUBTILIS* “REGALA» COPIAS DE SU ADN A SUS COMPAÑEROS

Informa: Manuel Sánchez.

El equipo, formado por Olga Zafra, María Lamprecht y Carolina González, y dirigido por Eduardo González-Pastor, del Departamento de Evolución Molecular del Centro de Astrobiología, ha demostrado que una población de *Bacillus subtilis* es capaz de coordinar la liberación de ADN al medio y su captación por otros individuos de la población, lo cual es muy importante desde un punto de vista evolutivo.

En ciencia no es raro que fenómenos que parecen ya explicados del todo revelen sorpresas cuando se miran con más detalle. Ese es el caso de los fenómenos de transferencia genética horizontal. Es decir, de cómo un microorganismo captura un fragmento de ADN que hay en el medio extracelular y lo mete en su interior, insertándolo en su genoma de tal forma que es capaz de expresar la información genética codificada en dicho ADN. El ejemplo más comentado es el caso de la transformación genética bacteriana con genes que codifican resistencias a los antibióticos.

¿Cuál es el origen de dicho ADN extracelular? Generalmente se asume que proviene de células que han sido lisadas y han liberado su contenido al medio ambiente. Ese ADN vagará por el medio ambiente, y probablemente será destruido o degradado, pero en ocasiones puede provocar un fenómeno de transformación genética si es captado por una bacteria.

En la bacteria *B. subtilis* también estaba descrito que en cultivos que se encontraban en la fase tardía de crecimiento exponencial se podían detectar cantidades apreciables de ADN extracelular. Se suponía que ello era debido a algún tipo de lisis de una subpoblación de las bacterias, pero lo que se han encontrado los investigadores del CAB es algo muy distinto.

Resulta que las bacterias secretan ADN al medio de manera activa cuando se encuentran en la fase tardía de crecimiento exponencial. Los fragmentos secretados corresponden a todo el genoma del microorganismo, lo que indica que no hay una región cromosómica con preferencia para exportar sobre otra región del genoma. Y no solo eso, también son más susceptibles a captar ADN extracelular. Es lo que se conoce como estado de competencia para los fenómenos de transformación genética.

El descubrimiento puede tener varias implicaciones para explicar diversas pautas evolutivas, sobre todo el papel de los fenómenos de transferencia horizontal en la aparición de nuevas especies microbianas. A nivel más práctico, podría ser muy útil para estudiar la dispersión de los genes de resistencia a los antibióticos y poder así poner un freno a dicho proceso tan importante desde el punto de vista de la salud pública.

Zafra O, Lamprecht-Grandío M, de Figueras CG, González-Pastor JE. (2012) Extracellular DNA release by undomesticated *Bacillus subtilis* is regulated by early competence. *PLoS One* 7 (11) PMID: 23133654.

TAXONOMÍA, FILOGENIA Y BIODIVERSIDAD

¿NI UNA SOLA BACTERIA HUÉRFANA!

Informa: David R. Arahal.

Entre otras cosas, la Taxonomía bacteriana (de procariotas) es una disciplina altamente pragmática, consigo misma y como vehículo para el avance de otros campos de la Ciencia. Un buen ejemplo lo hallamos en el trabajo que se reseña.

Entre los años 1930 y 1980 se sentaron las bases de la Taxonomía bacteriana moderna que tiene como uno de sus elementos más significativos la necesidad de hacer disponible al público un referente (la cepa tipo) para cada especie reconocida. Por otra parte, y desde el punto de vista metodológico, el análisis de secuencias de 16S rRNA, irrumpe a partir de 1980 y sobre todo 1990 como método de rutina para hacer reconstrucciones genealógicas entre procariotas y para sustentar identificaciones. Pese a contar con algunas limitaciones (baja resolución a niveles taxonómicos inferiores, variabilidad entre operones) es con diferencia el gen que cuenta con un mayor repositorio de secuencias. Algunos de estos repositorios son revisados de forma automatizada y de forma manual por expertos y ofrecen ventajas como herramientas de análisis, datos de estructura secundaria, alineamientos, etc. En plena era de la secuenciación genómica masiva, a la que naturalmente también se ha sumado la Taxonomía bacteriana, la genialidad de este trabajo está tratar de cerrar una brecha detectada en el proyecto Living Tree Project (LTP): aproximadamente el 5,7% de las especies procariotas carecían de una secuencia pública de este gen (o si la tenían, esta no era de suficiente calidad). Así, estas especies «huérfanas» de secuencia pública de 16S rRNA, fueron el objetivo de la iniciativa «Sequencing the Orphan Species» (SOS), liderada por el equipo LTP y asistida por 12 centros colaboradores (en su mayoría colecciones de cultivos públicas como la CECT) y cuyos resultados han sido publicado a principios de este año.

Yarza P, Spröer C, Swiderski J, Mrotzek N, Spring S, Tindall BJ, Gronow S, Pukall R, Klenk HP, Lang E, Verborg S, Crouch A, Lilburn T, Beck B, Unosson C, Cardew S, Moore ER, Gomila M, Nakagawa Y, Janssens D, De Vos P, Peiren J, Suttels T, Clermont D, Bizet C, Sakamoto M, Iida T, Kudo T, Kosako Y, Oshida Y, Ohkuma M, Arahal DR, Spieck E, Pommerening Roeser A, Figge M, Park D, Buchanan P, Cifuentes A, Munoz R, Euzéby JP, Schleifer KH, Ludwig W, Amann R, Glöckner FO, Rosselló-Móra R. (2013) Sequencing orphan species initiative (SOS): Filling the gaps in the 16S rRNA gene sequence database for all species with validly published names. *Syst Appl Microbiol* 36: 69-73.

MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

¿PODEMOS CONTROLAR EL RIESGO DE TRANSMISIÓN DE SALMONELLA EN ALIMENTOS A TRAVÉS DE MODELOS MATEMÁTICOS?

Informa: Aitor Rementeria.

Existe una tendencia en la industria alimentaria a evitar tratamientos drásticos finales para eliminar los microorganismos en los alimentos (alterantes o patógenos, como *Salmonella*). El control de los microorganismos se lograría mediante la aplicación de tratamientos sucesivos o combinados más leves (*hurdle technology*) que actúan como obstáculos (o barreras) que la microbiota debe superar para comenzar a crecer. En estas condiciones de los alimentos, las bacterias deben invertir sus energías en su mantenimiento (equilibrio homeostático) en vez de en su crecimiento. La microbiología predictiva consiste en el desarrollo de modelos matemáticos de crecimiento/no crecimiento, que recojan los efectos individuales y combinados de cada una de dichas barreras para confirmar el control microbiano alcanzado mediante combinaciones de las mismas y poder así diseñar nuevos sistemas de control eficaces. Sin embargo, los mecanismos de acción de cada tratamiento no son completamente conocidos, lo que complica estos estudios.

Un grupo de investigación español ha publicado una buena revisión de cinco de estos modelos de crecimiento/no crecimiento desarrollados entre 2001 y 2011 y los ha comparado utilizando algunos de los factores de barrera implicados (temperatura, pH y actividad de agua) con dos puntos de corte en las probabilidades calculadas. Esto les permite asignar un grado de conservación a cada uno de los cinco modelos analizados. Además, comentan las principales herramientas predictivas en microbiología de alimentos (o modelos terciarios) incluyendo un software para modelaje de crecimiento/no crecimiento (*Microbial Responses Viewer*). Por último, incluyen algunas advertencias sobre este tipo de modelos matemáticos para que se tengan en cuenta en investigaciones posteriores.

Carrasco E, del Rosal S, Racero JC y García-Gimeno RM. (2012) A review on growth/no growth *Salmonella* models. *Food Research International* 47: 90-99.

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

sem.microbiologia@gmail.com
semaforo@semicrobiologia.org
noticiasem@semicrobiologia.org