

## COLONIZACIÓN MICROBIANA DE YESO E INGNIMBRITA EN LA REGIÓN HIPERÁRIDA DEL DESIERTO DE ATACAMA

**Autor:** Beatriz Cámara Gallego.

**Directores:** Asunción de los Ríos Murillo y Carmen Ascaso Ciria.

**Centro de realización:** Grupo de Ecología Microbiana y Geomicrobiología del Sustrato Lítico (ECO-GEO), Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC).

**Centro de presentación:** Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid.

El Desierto de Atacama, que se extiende 1000 km a lo largo de la Costa Pacífica de América del Sur, abarcando el sur de Perú y el norte de Chile, es uno de los desiertos más áridos y antiguos del planeta y por estas características constituye uno de los ambientes más extremos para la vida. En este desierto, el yeso y la ignimbrita son sustratos líticos que aparecen ampliamente distribuidos a lo largo del mismo y constituyen hábitats potenciales para los microorganismos.

En esta tesis doctoral se ha podido demostrar que en ciertas zonas del Desierto de Atacama, incluidas en la región hiperárida, donde prevalecen condiciones de escasa disponibilidad de agua y nutrientes, variaciones drásticas de temperatura y radiación ultravioleta intensa, condiciones que hacen que la colonización epilítica no sea viable o que sea escasa, existe una colonización microbiana endolítica abundante en yesos e ignimbrita. Esta colonización contiene distintos grupos de microorganismos incluyendo bacterias no fotosintéticas, cianobacterias y algas y hongos tanto de vida libre como liquenizados, y las características físico-químicas del yeso y de la ignimbrita (especialmente porosidad y transparencia), se han revelado como factores que pueden facilitar esta colonización y que contribuyen a su habitabilidad.

A lo largo de este estudio se ha comprobado, por una combinación de técnicas de microscopía, principalmente con abordaje *in situ*, y técnicas de biología molecular, que todas las comunidades litobióticas analizadas en la región hiperárida del Desierto de Atacama, comparten una baja diversidad genética pero difieren en el tipo de colonización según la localidad de origen. Estas diferencias radican fundamentalmente en que los yesos e ignimbritas del área de la Depresión Preandina mostraron una colonización estrictamente endolítica, en forma de distintos patrones, con microorganismos fotosintéticos como principales colonizadores, siendo las cianobacterias relacionadas con el género *Chroococcidiopsis* los microorganismos más predominantes. En contraste, los yesos, en forma de costras, procedentes del área de la Cordillera de la Costa revelaron, en posiciones epilíticas y endolíticas, la presencia abundante de hongos, tanto en su forma de vida libre como en forma de asociaciones líquénicas. Por todo ello, se ha podido concluir que el tipo de aporte de agua propio de cada una

de las localidades muestreadas (alta humedad relativa, niebla marina y escasas precipitaciones) es uno de los factores más determinantes en cuanto al tipo de colonización (endolítica y/o epilítica) y a la presencia o ausencia de hongos.

Dada la abundancia de hongos de vida libre con ciertas características de pigmentación y morfología presentes en los microhábitats líticos de las costras de yeso de la Cordillera de la Costa, se llevó a cabo su aislamiento y crecimiento en medios de enriquecimiento, siendo especialmente destacable la convergencia morfológica en cuanto a pigmentación oscura, tasa de crecimiento lenta y morfología irregular de las colonias mostrada en la fracción fúngica obtenida. El análisis filogenético multi-génico de los aislados ha permitido determinar que se trata de hongos ascomicetos que mayoritariamente se asignan al orden *Capnodiales* (clase *Dothideomycetes*), relacionados con hongos litobióticos de distintos ambientes y conocidos también por su alta tolerancia a periodos de deshidratación. Además, se pudo determinar un comportamiento halófilo y halotolerante en dos de los aislados fúngicos durante los ensayos de tolerancia a condiciones de salinidad, capacidades que les pueden conferir ventaja para colonizar los yesos del Desierto de Atacama.

Por último, en esta tesis doctoral no solo se ha demostrado que el yeso facilita la supervivencia de los microorganismos en el Desierto de Atacama, sino que es capaz de preservar señales o huellas de la presencia y/o actividad de comunidades microbianas, en forma de precipitados de carbonato cálcico y estructuras enriquecidas en silicio y magnesio y en forma de cristales de oxalato cálcico monohidratado, y por tanto pueden ser considerados como biomarcadores.

Por todo ello, consideramos que este trabajo de tesis doctoral contribuye a la caracterización geomicrobiológica y ecológica de la colonización microbiana litobiótica en desiertos, en concreto aportando nuevos datos sobre la diversidad genética y morfológica de los microorganismos de comunidades litobióticas en yeso e ignimbrita de la región hiperárida del Desierto de Atacama

## PREVENCIÓN DE LA CONTAMINACIÓN POR FUMONISINAS EN MAÍZ

**Autor:** Ana Cao Camaño.

**Directores:** Dra. Ana M<sup>a</sup> Butrón Gómez, Dr. Rogelio Santiago Carabelos y Dr. Antonio J. Ramos Girona.

**Centro de realización:** Misión Biológica de Galicia (CSIC)-Universidad de Lleida.

**Centro de defensa:** Universidad de Vigo.

Las especies del género *Fusarium* son los mohos encontrados más frecuentemente en cultivos de cereales en las regiones templadas. Muchas de estas especies poseen la capacidad de producir micotoxinas, un grupo diverso de sustancias tóxicas para seres humanos y animales.

### Publicación de resúmenes de Tesis Doctorales

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

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

Las fumonisinas son una familia de micotoxinas que se encuentran predominantemente en maíz y sus productores principales son *F. verticillioides* y *F. proliferatum*. Estas micotoxinas han sido clasificadas como «agente posiblemente carcinogénico en humanos» por la Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer y se han regulado sus contenidos máximos en los alimentos destinados al consumo humano y animal en la Unión Europea y en otros países.

En Galicia, a pesar de existir un clima favorable para el desarrollo de mohos, apenas se ha investigado la presencia de especies micotoxigénicas o la contaminación con micotoxinas en maíz u otros cereales. Actualmente, no existe información concreta sobre qué factores ambientales y/o genotípicos determinan el nivel de infección fúngica y el contenido de fumonisinas en los granos en el momento de cosecha. Este conocimiento es importante y necesario a la hora de valorar el riesgo y tomar decisiones de prevención de la contaminación con fumonisinas. Por esta razón, se ha estudiado cuáles son estos factores, el peso que tiene cada uno de ellos y en qué momentos a lo largo del periodo de cultivo son críticos para la infección por *F. verticillioides* y la contaminación con fumonisinas de los granos de maíz. También se ha determinado el grado de presencia de otras especies de *Fusarium* en los granos para valorar el riesgo de contaminación con otras micotoxinas. Al mismo tiempo, se ha querido averiguar cómo influyen los factores ambientales, bióticos y abióticos, en el proceso de infección fúngica y de acumulación de fumonisinas a lo largo del desarrollo fisiológico y secado del grano en campo. Por último, y de forma paralela, se ha evaluado la resistencia a la acumulación de fumonisinas de cuatro híbridos de maíz blanco tras inoculación artificial con un aislado local de *F. verticillioides*.

Como resultado de este trabajo, podemos confirmar que *F. verticillioides* es la especie más abundante y la principal productora de fumonisinas en los granos de maíz cultivado en Pontevedra. Con menor frecuencia, se detectaron otras especies micotoxigénicas del género *Fusarium* por lo que existe un riesgo potencial de contaminación con otras micotoxinas. Las siembras tardías y las cosechas tempranas fueron menos favorables para la infección por *F. verticillioides*, su desarrollo y la acumulación de fumonisinas en los granos, por lo que su aplicación es recomendable para reducir la contaminación con estas micotoxinas. Se observó que la contaminación con fumonisinas estuvo especialmente influenciada por las condiciones ambientales durante la floración y durante el secado del grano. Es necesario ser cauteloso cuando las condiciones climáticas durante la floración son más secas y calurosas, y tratar de evitar, mediante recolecciones tempranas, las precipitaciones intensas antes de la cosecha y daños mayores en los granos, producidos principalmente por insectos. El uso de variedades con cierta resistencia a la polilla, al taladro y con una buena cobertura de brácteas puede ser una herramienta útil para reducir el riesgo de contaminación con fumonisinas.

A lo largo del desarrollo de los granos, el aumento significativo de la concentración de fumonisinas se produjo a partir de la madurez fisiológica y durante el secado en campo. Este aumento fue favorecido por la disminución de las temperaturas y por el crecimiento fúngico, favorecido, a su vez, por el daño de polilla, e indicando que, además del estado de desarrollo del grano, las condiciones ambientales locales durante el secado en campo pueden ser decisivas en la acumulación de fumonisinas.

Finalmente, se ha verificado el comportamiento estándar de un aislado local de *F. verticillioides* y su capacidad de producir fumonisinas, y se ha confirmado, mediante inoculación artificial, la resistencia parcial del híbrido de maíz blanco EP10 x EC22 a la acumulación de fumonisinas en los granos.

## TRANSLOCACIÓN DE ADN A TRAVÉS DE SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO IV DE PATÓGENOS HUMANOS INTRACELULARES

**Autora:** Esther Fernández González.

**Directores:** Matxalen Llosa Blas y Félix J. Sangari García.

**Centro:** Universidad de Cantabria-Instituto de Biotecnología y Biomedicina (IBBTEC).

Las bacterias patógenas son microorganismos capaces de causar enfermedades en el huésped. Para llevar a cabo ese proceso infeccioso, poseen una serie de factores de virulencia entre los que se encuentran los Sistemas de Secreción Tipo IV (T4SS), los cuales presentan una gran versatilidad, siendo capaces de translocar proteínas y ADN al medio extracelular u otra célula receptora que puede ser procarionota o eucariota.

En este trabajo de Tesis doctoral, hemos querido indagar en el proceso de reclutamiento de sustratos por distintos T4SS, una de las presumibles causas de su versatilidad biológica. Para ello, nos hemos centrado en el estudio de la transferencia de ADN a través de tres T4SS implicados en virulencia, los de los patógenos humanos intracelulares: *Bartonella henselae*, *Brucella suis* y *Burkholderia cenocepacia*, utilizando la maquinaria conjugativa del plásmido R388.

Los resultados obtenidos han sido muy diversos dependiendo del T4SS utilizado. Así, hemos demostrado que *Bartonella henselae* es capaz de transferir ADN tanto a células de mamífero como a otras bacterias a través de su VirB T4SS, en un mecanismo mediado por la relaxasa conjugativa del plásmido R388, TrwC. Sin embargo, los T4SS de *Brucella suis* y *Burkholderia cenocepacia* no son capaces de transferir complejos similares, lo que es una prueba más de la gran versatilidad que presentan estos sistemas.

A lo largo de este trabajo también se ha llevado a cabo la caracterización de uno de los dos T4SS para los que codifica *B. cenocepacia*, el Ptw T4SS, responsable del efecto «watersoaking» en plantas. Dicho T4SS fue de interés para nosotros debido a la presencia de una posible relaxasa conjugativa (PtwC) que presenta alta identidad con TrwC. Mediante la caracterización de este sistema, del que se poseían escasos datos, hemos podido demostrar su carácter conjugativo entre bacterias, pero no así desde *B. cenocepacia* a células de mamífero.

Estos resultados destacan de nuevo la gran versatilidad existente entre los T4SS implicados en virulencia y la diferencia existente entre unos y otros. El modelo de estudio empleado, la transferencia heteróloga de sustratos, permite indagar en las bases moleculares del reclutamiento de sustratos por los T4SS, lo que permitirá su posterior manipulación.

## MONITORING, IDENTIFICATION, GENOTYPING AND INACTIVATION OF ENTERIC VIRUSES IN THE FOOD CHAIN

**Autor:** Marta Diez Valcarce.

**Directores:** Marta Hernández Pérez y David Rodríguez Lázaro.

**Centro de realización:** Subdirección de Investigación y tecnología del instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.

**Centro de presentación:** Facultad de Veterinaria, Universidad de León.

El trabajo se centró en la estandarización de la metodología de análisis y en la evaluación de la eficacia de tecnologías

emergentes de inactivación vírica aplicables en la industria alimentaria. Para ello, se diseñaron u optimizaron tres controles analíticos para su implantación en protocolos estandarizados de detección de virus de origen alimentario mediante métodos moleculares; el control de procesado de la muestra, el control interno de amplificación, y el uso de ácidos nucleicos sintéticos como estándares de cuantificación y como controles positivos. Se llevó a cabo un estudio sobre la aplicación de tratamientos enzimáticos para la cuantificación de la capacidad infecciosa de un virus mediante métodos moleculares. Se validó la metodología mediante un ensayo inter-laboratorio en el que participaron once laboratorios de nueve países europeos diferentes, y ya que los resultados de sensibilidad y especificidad se consideraron suficientemente robustos, se procedió a realizar tres estudios de muestreo en dos cadenas alimentarias, la cadena de producción de porcino y la de producción de moluscos bivalvos. Finalmente, se llevaron a cabo ensayos con dos tecnologías emergentes para la inactivación de virus: las altas presiones hidrostáticas y la utilización de compuestos naturales presentes en los aceites esenciales de plantas.

## EFECTO DE LA ADICIÓN DE CULTIVOS INICIADORES AUTÓCTONOS SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS, MICROBIOLÓGICAS Y SENSORIALES DEL CHORIZO GALLEGO

**Autor:** Sonia Fonseca Balvis.

**Directores:** Francisco Javier Carballo García y María Inmaculada Franco Matilla.

**Centro:** Área de Tecnología de Alimentos. Facultad de Ciencias, Universidad de Vigo.

El Chorizo Gallego es un embutido crudo-curado tradicional elaborado en el noroeste de España que goza de una muy buena aceptación entre los consumidores y posee una gran presencia en los mercados locales. Para su elaboración se parte de magro (80 %) y grasa dorsal (20 %) de cerdo a los que, una vez picados, se añade sal (15 g/kg), ajo (4 g/kg), pimentón dulce (22 g/kg), pimentón picante (1 g/kg) y agua (40 mL/kg). La masa se deja reposar (24 horas a 4 °C) y se embute en tripa natural de cerdo (36-38 mm de diámetro), realizando a continuación un atado en ristras, dejando entre las unidades la típica bola característica de este embutido. A continuación, los embutidos se someten a un proceso de secado-maduración de duración variable entre 15 y 45 días. Actualmente, el Chorizo Gallego se elabora de forma tradicional mediante fermentación espontánea y, como consecuencia de ello, los productos presentes en los mercados muestran una enorme heterogeneidad en sus características y atributos sensoriales; la no adición de cultivos iniciadores posibilita también el eventual crecimiento de microorganismos patógenos y/o alterantes, con lo que la estabilidad y salubridad de los productos no está garantizada. La utilización en la elaboración de este embutido de un cultivo iniciador propio, integrado por cepas microbianas aisladas de elaboraciones artesanales, debidamente caracterizadas en sus actividades metabólicas, y testadas en sus efectos en fabricaciones a escala de planta piloto, permitiría la elaboración de un Chorizo de calidad elevada y constante, sanitariamente seguro y que conserve intacta su personalidad y sus características diferenciales frente a otros embutidos.

En este trabajo se ensayaron como cultivos iniciadores en la fabricación del Chorizo Gallego una cepa de *Lactobacillus* (*L. sakei*

LS131) y tres de *Staphylococcus* (*S. equorum* SA25, *S. saprophyticus* SB12 y *S. epidermidis* SA49) previamente aisladas de embutidos tradicionales y debidamente caracterizadas en cuanto a sus condiciones de crecimiento y a sus actividades metabólicas. A lo largo de la maduración de lotes de embutido control (elaborados sin adición de cultivo iniciador) y de lotes inoculados (*L. sakei* LS131 + *S. equorum* SA25, *L. sakei* LS131 + *S. saprophyticus* SB12 y *L. sakei* LS131 + *S. epidermidis* SA49) se estudió la evolución de las poblaciones bacterianas mediante el empleo tanto de métodos de microbiología clásica como de técnicas moleculares.

La monitorización de lactobacilos y estafilococos se llevó a cabo mediante PCR cuantitativa en tiempo real utilizando *primers* específicos para género y para especie. La identificación de los aislados a nivel de género y especie se realizó mediante diferentes PCR específicas y secuenciación del gen ARNr 16S. Finalmente, para la caracterización de la comunidad bacteriana a nivel de cepa se utilizó la técnica de rep-PCR usando el *primer* (GTG)<sub>5</sub>.

De acuerdo con los resultados obtenidos, las especies dominantes dentro de los géneros *Staphylococcus* y *Lactobacillus* cuando el Chorizo Gallego sufre una fermentación y maduración espontánea son *Staphylococcus equorum* y *Lactobacillus sakei*, respectivamente. Además, se observó que las cepas *L. sakei* LS131, *S. equorum* SA25 y *S. saprophyticus* SB12 lograron dominar el proceso madurativo cuando se añadieron como cultivos iniciadores, mientras que la cepa *S. epidermidis* SA49 no consiguió establecerse de forma apropiada, y su desarrollo se vio superado por el de la microbiota autóctona.

También se estudió el efecto de la adición de los diferentes cultivos iniciadores ya descritos sobre el perfil de compuestos volátiles y las propiedades sensoriales del Chorizo al final del proceso madurativo. Los compuestos volátiles se determinaron mediante la técnica de SPME-GC/MS y la evaluación sensorial fue llevada a cabo por un panel de 15 catadores que realizaron distintos test (análisis dúo-trío, análisis triangular y análisis descriptivo cuantitativo). De acuerdo con los datos obtenidos, no se encontraron diferencias significativas entre los lotes inoculados con los diferentes cultivos iniciadores. Sin embargo, la evaluación sensorial reveló que la aceptación general fue más elevada en los lotes inoculados que en los lotes control sin inocular, lo que reafirma la idea de que el uso de cultivos iniciadores autóctonos debidamente seleccionados en la elaboración de embutidos tradicionales hace posible la obtención de productos más homogéneos sin renunciar a las características típicas deseadas, obtenidas en las elaboraciones artesanales.

## METAGENÓMICA COMPARATIVA DE LA BIODIVERSIDAD PROCARIOTA DE UNA SALINA

**Autor:** Ana Beatriz Fernández González.

**Directores:** Antonio Ventosa y Cristina Sánchez-Porro.

**Centro:** Universidad de Sevilla.

El objetivo de este estudio ha sido determinar la biodiversidad filogenómica y metabólica de un ambiente hipersalino mediante una aproximación metagenómica. Para ello se ha seleccionado la salina «Bras del Port» de Santa Pola (Alicante), que ha sido ampliamente utilizada durante las últimas décadas para estudios microbiológicos basados tanto en técnicas clásicas de aislamiento y cultivo de bacterias y arqueas halófilas como en técnicas moleculares independientes de cultivo. En esta tesis se han estudiado tres estanques de esta salina, con concentraciones del 13%, 19% y 33% de sales, a partir de los cuales se obtuvieron los correspondientes metagenomas (designados SS13, SS19 y SS33), mediante

la extracción de ADN total procariótico y posterior secuenciación mediante la plataforma de secuenciación Genome Sequencer FLX Titanium (454 Life Sciences). Además, se han estudiado tres metagenomas de referencia, obtenidos de un estanque cristalizador saturado en NaCl (37 %) de esta misma salina (designado SS37) y de dos bases de datos metagenómicas de bajas salinidades (3,8 % y 6,4 %) para examinar las tendencias producidas con el aumento de la salinidad y las adaptaciones hipersalinas. Las bases de datos metagenómicas obtenidas tenían tamaños comprendidos entre 475 y 309 Mb (longitud media de las secuencias de 305-417 pb).

El análisis comparativo de las secuencias metagenómicas de ARNr 16S ha permitido determinar que la comunidad bacteriana disminuye a medida que aumenta el gradiente de salinidad, y viceversa, para la comunidad de arqueas. Además, a bajas salinidades se obtuvo un mayor porcentaje de secuencias no clasificadas a nivel de phylum y género relacionadas con el dominio *Bacteria* y a altas salinidades un mayor porcentaje de secuencias no clasificadas a nivel de phylum y género relacionadas con el dominio *Archaea*. A nivel de género, el número de secuencias clasificadas en los estanques de la salina «Bras del Port» es mayor a altas salinidades, debido a que en estos ambientes solo predominan unos pocos microorganismos, que se han aislado y descrito en su momento a partir del estanque cristalizador SS37, como *Haloquadratum walsbyi* y *Salinibacter ruber*. La estructura de la comunidad en los estanques con una mayor concentración salina (SS19, SS33 y SS37) está principalmente relacionada con los dos géneros de arqueas *Haloquadratum* y *Halorubrum* y el género bacteriano *Salinibacter*. Sin embargo, en el estanque SS13 existe una mayor abundancia de representantes de la clase *Alphaproteobacteria*, fundamentalmente de los géneros *Roseovarius* y *Oceanicola*; por otro lado, es de resaltar

que todavía se detectan algunas secuencias relacionadas con el género *Haloquadratum*.

Este estudio pone de manifiesto la existencia de un elevado porcentaje de secuencias correspondientes a nuevos taxones no cultivados todavía entre las poblaciones tanto de bacterias como de arqueas de la salina «Bras del Port»; la gran mayoría de estas secuencias están relacionadas, principalmente, con el orden *Halobacteriales*. El agrupamiento obtenido por los «contigs» ensamblados de la base de datos SS19 sugiere que, aparte de *Haloquadratum walsbyi*, existen otros dos representantes muy abundantes en este estanque, pertenecientes, respectivamente, al phylum *Euryarchaeota* pero con un contenido de bajo G+C (no relacionado con *Haloquadratum walsbyi*) y a la clase *Gammaproteobacteria* (relacionado con los géneros *Alkalimnicola* y *Nitrococcus*, de la familia *Ectothiorhodospiraceae*).

La luz puede ser una fuente de energía fundamental para estos organismos procariotas a través de diferentes tipos de rodopsinas y la oxidación del monóxido de carbono mediante la fotólisis de compuestos orgánicos, ya que se han detectado muchas secuencias relacionadas con estos genes en las bases de datos metagenómicas de la salina «Bras del Port». Por último, en estanques con salinidades intermedias se observan principalmente secuencias relacionadas con transportadores de betaína y genes de síntesis de glutamato y a altas salinidades se detecta una mayor proporción de secuencias relacionadas con la síntesis de glicerol. Los microorganismos que utilizan la estrategia «salt-out» muestran principalmente una preferencia hacia el transporte o la síntesis de estos solutos compatibles dependiendo de la salinidad a la que se encuentren. Por otra parte, algunos microorganismos conocidos por utilizar la estrategia «salt-in» podrían ser capaces de integrar la síntesis de solutos compatibles con la acumulación de iones en su citoplasma.

MICROBIOGRAMA

HORIZONTALES

1. Bacteria patógena invasiva (¡cuidado con los huevos!).
2. Puede ser la citosina o la timina, pero en sentido antiparalelo.
3. *Lipid transfer protein*, un péptido antimicrobiano de plantas. / La inmunoglobulina más abundante en suero. / Eso era Metchnikoff, Nobel y padre de la inmunología.
4. El cristal del Gram. / Treonina seguida de prolina: un *target* para quinasas MAPK.
5. El lípido del lipopolisacárido que constituye la endotoxina de las Gram-negativas. / La ética del revés. / Si no viene de otro planeta, *Enterococcus termitis*.
6. Síndrome grave asociado al consumo de aspirina en niños con varicela y otras infecciones respiratorias víricas. / Si no sabes qué es, llámalo así. / Represor del fago lambda que inhibe la lisogenia.
7. Objetos inanimados capaces de portar microorganismos infecciosos de derecha a izquierda. / En inglés, ello se resuelve con el dipéptido Ile-Thr.
8. Bien, bien, de esa manera. / *Aspergillus ibericus*: muy nuestro, pata negra. / Centro de apoyo a la investigación.
9. Género de bacterias con ácidos micólicos de cadena corta. Serotipo de meningococo frente al que se puede vacunar.
10. La colección de todos los genes de una especie microbiana.

VERTICALES

1. La bala mágica de Ehrlich.
2. Ponle este prefijo al cuerpo y lo convertirás en inmunoglobulina. / Tiene patas arriba.
3. La más famosa especie del género de levaduras *Yarrowia*.
4. Doctor en Medicina por Harvard. / Leu-Ala-Glu-Ile, un tetrapéptido, cuando no es el índice de elasticidad de grandes arterias. / Apócope de anaerobio.
5. Real, pero boca abajo. / Nuestra tinción favorita, pero no la enfocarás si no pones el porta al derecho.
6. El meningococo abreviado. / Toxina inactivada.
7. Así llamaba Pasteur a su mujer haciendo el pino. / Y juntando esta con las dos siguientes, se acabó.
8. Ley Orgánica de Reforma Universitaria del 25 de agosto de 1983. / Polisacárido antigénico del neumococo. / Autora de una tesis gallega sobre micotoxinas (v. pág. 75).
9. Bacteria patógena muy invasiva (¡cuidado con las leches!). / Temible proteína de superficie de *Streptococcus pyogenes*.
10. ¡Esa célula eucariótica se está suicidando!

