

Informe del Grupo Especializado de Taxonomía, Filogenia y Diversidad

JESÚS LÓPEZ ROMALDE

Presidente del grupo

Departamento de Microbiología y Parasitología. CIBUS-Facultad de Biología & CRETUS. Universidade de Santiago de Compostela. Campus Vida s/n. Santiago de Compostela

✉ jesus.romalde@usc.es

Efecto Cardiovascular

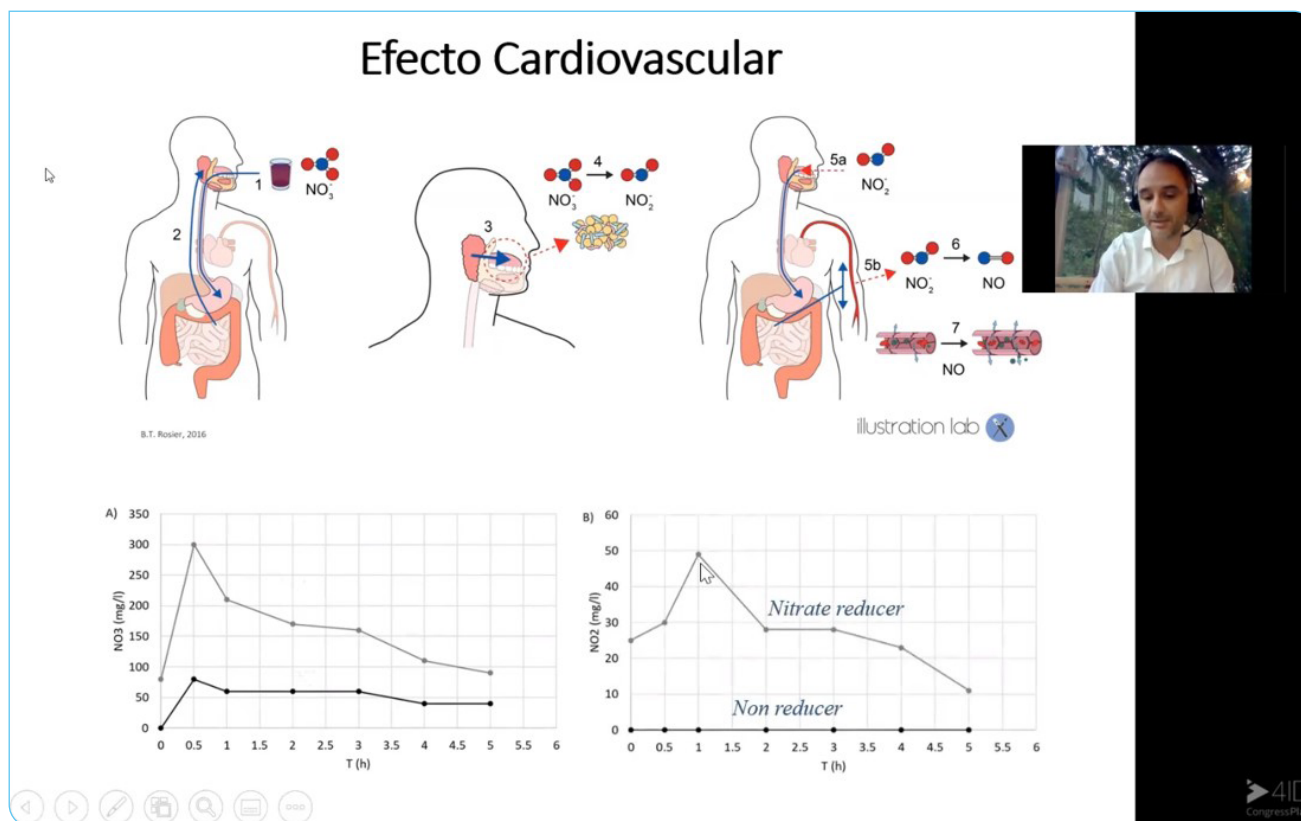


Imagen de la ponencia de Alex Mira sobre el microbioma.

Durante la celebración del XXVIII Congreso Nacional de Microbiología, el Grupo Especializado en Taxonomía, Filogenia y Diversidad tuvo especial protagonismo en la organización y coordinación del simposio dedicado a la Diversidad Microbiana que tuvo lugar el miércoles 30 de Junio.

Organizado con el mismo formato que el resto de simposios del congreso, incluyó tres conferencias invitadas de 30 minutos y tres ponencias, seleccionadas entre los resúmenes enviados por los miembros de nuestra sociedad. Las presentaciones

versaron sobre diversos aspectos relacionados con la diversidad microbiana en diferentes ambientes, el empleo de técnicas metagenómicas para estudios taxonómicos, de biodiversidad, ecológicos o funcionales, o el empleo de toxicomicrobiómica en el análisis de la microbiota intestinal.

La revolución que han supuesto las técnicas de secuenciación masiva y metagenómica en el estudio de los microorganismos quedó patente en las diferentes ponencias. Así, el Dr. Alex Mira, de la Fundación

FISABIO (Valencia), presentó las diferentes técnicas que han desarrollado en su laboratorio para el estudio de las comunidades microbianas que componen el microbioma de diferentes órganos del ser humano, y como combinaciones de secuenciación masiva y citometría de flujo han permitido determinar la etiología de enfermedades o la identificación de bacterias biomarcadoras para diferentes patologías.

Por su parte, El Dr. Jaime Huerta-Cepas, del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP, Madrid), presentó diferen-



Turno de preguntas durante la sesión sobre "Diversidad Microbiana", moderado por Jesús L. Romalde (izquierda) y en la que participaron Jaime Huerta (derecha) y Margarita Gomila (centro).

tes aproximaciones genómicas y computacionales para la caracterización funcional y ecológica de la biodiversidad microbiana desconocida, que se estima entre un 20 y un 40% de los genes ensamblados de los metagenomas. Estas aproximaciones han permitido la identificación de variantes enzimáticas relacionadas con el ciclo de nutrientes o la predicción de nuevos genes de resistencia, entre otros avances.

La Dra. Margarita Gomila de la Universidad de las Islas Baleares, centró su presentación en el género *Pseudomonas* y en como la aplicación de las nuevas tecnologías genómicas han proporcionado métodos precisos para la delimitación de especies, o para inferir la filogenia en rangos taxonómicos más altos, apoyando la subdivisión de *Pseudomonas* en varios géneros o subgéneros.

Las ponencias de María Dolores Ramos Barbero, de la Universidad de Alicante, y Álvaro Rodríguez del Río, del CBGP, nos acercaron a diferentes aplicaciones de la metagenómica para el estudio de comu-

nidades microbianas. La primera estudiando los cambios en profundidad de las comunidades microbianas (células y virus) en una salina ancestral y descubriendo nuevos taxones microbianos, y la segunda reconstruyendo el contexto genómico y evolutivo de familias génicas a partir de datos metagenómicos y pudiendo inferir nuevas funciones moleculares.

Por último, la ponencia de la Dra. Margarita Aguilera, de la Universidad de Granada, versó sobre el enfoque toxicomicrobiómico para el estudio de enfermedades metabólicas como la obesidad. Las influencias mutuas entre el microbioma y los compuestos xenobióticos de la dieta, que puede variar de persona a persona, determinan que ciertos microorganismos puedan o no degradar sustancias genotóxicas, o la reducción de posibilidad de disbiosis y alteraciones fisiopatológicas asociadas.

Destacar el elevado interés que este simposio virtual suscitó entre los asistentes y que se plasmó en infinidad de preguntas

durante los diferentes espacios de debate de la sesión.

Me gustaría terminar agradeciendo, en nombre del Grupo Especializado, la disponibilidad de todos los ponentes para participar en el simposio, felicitándolos por la excelente calidad de sus ponencias, así como al público en general por su activa asistencia.

Solo me queda felicitar al flamante ganador del premio a la mejor comunicación otorgado por el Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad, Valentin Gangloff de la Universidad de Alicante por el trabajo "Estudio metataxonómico de biofilms en redes de agua" y emplazaros para la próxima reunión del grupo especializado que se celebrará en 2022.