

# Patrones biogeográficos globales de bacterias fotoheterótrofas marinas en la superficie del océano tropical y subtropical

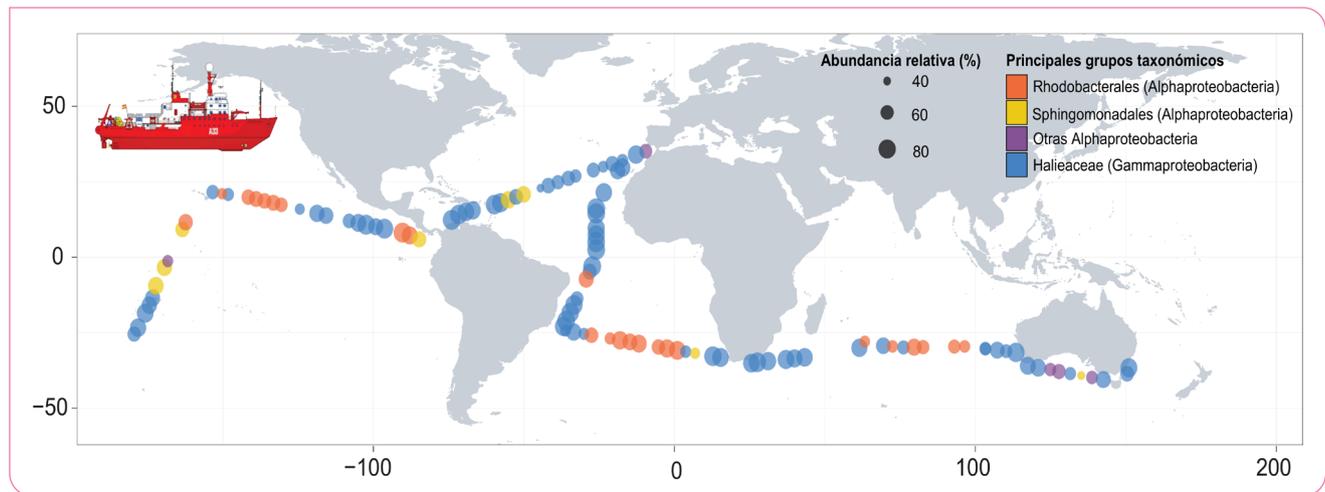
CARLOTA R. GAZULLA<sup>1,2</sup>, JOSEP M. GASOL<sup>2</sup>, OLGA SÁNCHEZ<sup>1</sup> & ISABEL FERRERA<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Catalunya, 08193, España.

<sup>2</sup>Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, Barcelona, Catalunya, 08003, España.

<sup>3</sup>Centro Oceanográfico de Málaga, Instituto Español de Oceanografía, IEO-CSIC, 29640 Fuengirola, Málaga, España.

✉ carlota.ruiz@uab.cat



Transectos de la campaña de circunnavegación oceanográfica Malaspina y los grupos taxonómicos de AAPs dominantes en la superficie del océano global. Cada punto se corresponde con una estación del transecto, a 3 metros de profundidad. El color varía según el grupo taxonómico de AAPs más abundante y el tamaño indica la abundancia relativa de dicho grupo en cada estación.

Las bacterias aeróbicas fototróficas anoxigénicas, también llamadas AAPs (del inglés, *aerobic anoxygenic phototrophic bacteria*), tienen un papel relevante en el funcionamiento de los ecosistemas marinos. Aunque estas bacterias son heterótrofas y necesitan materia orgánica para su crecimiento, pueden obtener energía adicional a partir de la luz. Su descubrimiento en la superficie del océano en el año 2000 supuso un cambio de paradigma en la visión que se tenía del ciclo del carbono y de las redes tróficas marinas. Desde entonces, existe un gran interés por entender su papel ecológico a nivel global.

En este artículo se presenta el primer estudio biogeográfico global de las comunidades de AAPs, que hasta ahora habían sido descritas en áreas geográficas concretas. Las muestras se recogieron durante la campaña de circunnavegación oceanográfica Malaspina, que recorrió las regiones tropicales y subtropicales de los océanos

Pacífico, Atlántico e Índico. Mediante el uso de amplicones del gen *pufM*, el marcador genético de este grupo funcional, hemos descrito la diversidad y biogeografía global de las AAPs y estudiado los factores que explican los patrones ecológicos que observamos.

Las comunidades de AAPs resultaron principalmente formadas por bacterias que pertenecen a las clases Alphaproteobacteria y Gammaproteobacteria. La predominancia de una clase u otra varía a lo largo del océano: las Gammaproteobacterias dominan en todos los océanos excepto en los giros oligotróficos donde las Alphaproteobacterias son más abundantes. Al comparar la composición de las comunidades con la distancia geográfica, se aprecia un claro patrón biogeográfico, en el cual las comunidades más próximas entre sí comparten un mayor número de especies en común que con aquellas comunidades localizadas a mayor distancia. En general,

la distribución en cada región oceánica responde principalmente a cambios de temperatura, salinidad y clorofila.

Clasificando las diferentes secuencias de *pufM* según su comportamiento ecológico, constatamos que las comunidades de AAPs varían mucho en composición, en respuesta a pequeños cambios ambientales, lo que resulta en comunidades con especies raras y poco abundantes en comparación con otros grupos bacterianos, que perciben la superficie del océano como un ambiente más homogéneo. Por último, analizando la distancia genética entre las diferentes secuencias de AAPs y los cambios en su hábitat, concluimos que los patrones biogeográficos observados responden principalmente a un proceso ecológico de selección, y en menor medida a procesos de dispersión.

# Actividad antibacteriana de nanomateriales caolín y plata: un enfoque alternativo al uso de antibióticos en producción animal

LARA PÉREZ-ETAYO, DAVID GONZÁLEZ, JOSÉ LEIVA, MARÍA DíEZ-LETURIA, ALBA EZQUERRA, LUIS LOSTAO Y ANA ISABEL VITAS

Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad de Navarra, Pamplona, España

✉ [lpereze@unav.es](mailto:lpereze@unav.es)

La inclusión de antibióticos en piensos animales para fines profilácticos o terapéuticos favorece la aparición y diseminación de resistencias, por lo que todos los planes de acción de resistencia a los antibióticos existentes a nivel mundial promueven la búsqueda de alternativas para reemplazar los antibióticos en producción animal. Por ello, el objetivo de este trabajo ha sido evaluar la actividad bactericida de un material caolín-plata (desarrollado por Laboratorios Enosan S.L.) para su posible inclusión como aditivo en alimentación animal.

La actividad del producto C3 (caolín-nanopartículas de plata), se probó frente a un amplio espectro de bacterias Gram negativas y Gram positivas (incluidas cepas resistentes a penicilinas, cefalosporinas, carbapenems, vancomicina y colistina) mediante la realización de antibiogramas, determinación de la concentración mínima inhibitoria (CMI) y concentración mínima bactericida (CMB), así como curvas de inhibición del crecimiento de 7 cepas que causan infecciones en animales. El producto C3 generó halos de inhibición en las 23 cepas testadas, mientras que el producto C2 (caolín sin plata) no produjo halos (Figura 1A). El producto C3 se mostró más activo frente a bacterias Gram negativas, con valores de CMB (referidos a la concentración de plata en el caolín) que oscilaron entre 7,8 µg/mL (*P. aeruginosa*) y 15,6 µg/mL (*E. coli* y *Salmonella*). Por el contrario, fue necesario aumentar la concentración a 31,3 µg/ml o 250 µg/ml para eliminar el 99,9% de la población inicial de *S. aureus* ATCC 6538 y *E. faecium* ATCC 19434, respectivamente. Además, las curvas de inhibición del crecimiento mostraron una actividad bactericida más rápida frente a bacterias Gram negativas (entre 2 y 4 h,

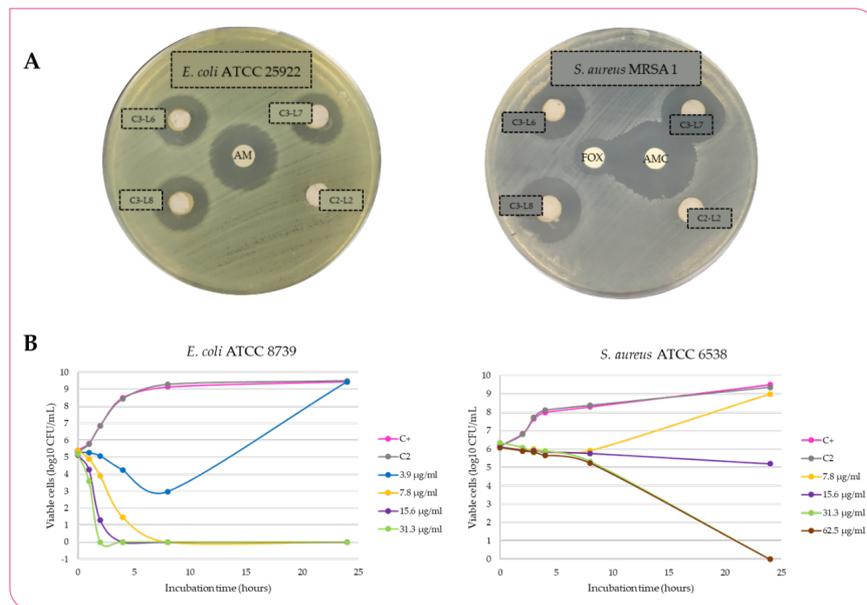


Figura 1. A. Antibiogramas de los productos C3 (con plata, lotes L6, L7 y L8) y C2 (sin plata, lote L2) frente a *E. coli* ATCC 25922 (izq) y *S. aureus* MRSA 1 (dcha). Productos C3 y C2 en solución 50 mg/ml; Ampicilina (AM, 10 g), Amoxicilina/Ac.clavulánico (AMC, 30 g) y Cefoxitina (FOX, 30 g). B. Curvas de inhibición de crecimiento de *E. coli* ATCC 8739 (izq) y *S. aureus* ATCC 6538 (dcha) en presencia de distintas concentraciones del producto C3-L1 (µg/mL de plata).

mientras que se necesitaron al menos 24 h y mayor concentración para observar la reducción total de *S. aureus* ATCC 6538 (Figura 1B).

En resumen, el nanomaterial C3 (caolín-plata) exhibe actividad antibacteriana frente a un amplio espectro de bacterias, incluidas cepas multirresistentes, por lo que cumpliría con las expectativas de ser un buen candidato para su uso como aditivo zootécnico en piensos de animales y reducir así el empleo de antibióticos. Sin embargo, son necesarios estudios adicionales sobre seguridad animal e impacto ambiental para evaluar la efectividad de

esta alternativa propuesta en el contexto de One Health.

Esta investigación ha sido financiada por una beca predoctoral de la Fundación Bancaria “la Caixa” y la “Asociación de Amigos de la Universidad de Navarra” y por el proyecto EFA 183/16/OUTBIOTICS cofinanciado por el “Fondo Europeo de Desarrollo Regional” (FEDER) a través del Programa Europeo de Cooperación Territorial POC-TEFA 2014-20 (INTERREG POCTEFA).

# Prevalencia global de bacterias marinas heterótrofas degradadoras de metilmercurio

ISABEL SANZ-SÁEZ<sup>1</sup>, ANDREA G. BRAVO<sup>1</sup>, SILVIA G. ACINAS<sup>1</sup> Y OLGA SÁNCHEZ<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, 08003 Barcelona, Catalunya, Spain

<sup>2</sup>Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain

✉ [isanz@icm.csic.es](mailto:isanz@icm.csic.es) | [andrea.bravo@icm.csic.es](mailto:andrea.bravo@icm.csic.es) | [sacinas@icm.csic.es](mailto:sacinas@icm.csic.es) | [olga.sanchez@uab.cat](mailto:olga.sanchez@uab.cat)

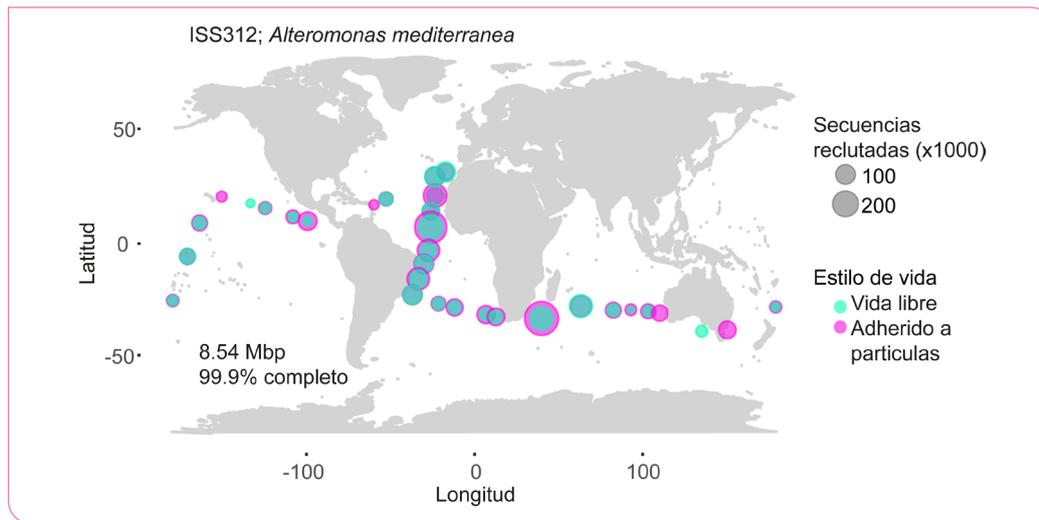


Figura 1. Mapa mostrando la distribución en el océano profundo global (~4000m) de *Alteromonas mediterranea* ISS312, una cepa altamente tolerante al MeHg.

El mercurio (Hg) es uno de los contaminantes más tóxicos, preocupantes y globalmente distribuidos. El Hg se emite a la atmósfera por fuentes naturales, como volcanes o la meteorización de rocas, pero particularmente debido a actividades antropogénicas. Los niveles crecientes de Hg desde la era industrial, estimados en un aumento del 450% en la atmósfera, hacen que el estudio de su ciclo biogeoquímico sea de gran preocupación para la comunidad científica. Como consecuencia, en el año 2013 se firmó la Convención de Minamata, un tratado global, que entró en vigor en el 2017, para proteger la salud de los ecosistemas, el medio ambiente y los humanos de los efectos adversos causados por Hg.

Los microorganismos tienen un rol principal en el ciclo biogeoquímico del Hg, ya que son actores principales de un gran número de reacciones y transformaciones. Sin embargo, tenemos un conocimiento

fragmentado de la diversidad, distribución y capacidad degradadora de los microorganismos involucrados en la degradación de una de las formas químicas más tóxicas de este contaminante, el metilmercurio (MeHg). Por eso los objetivos de este estudio han sido: (i) detectar la presencia de genes de degradación (genes *merA* y *merB*) en microorganismos marinos, (ii) evaluar en un número importante de cepas la tolerancia frente a mercurio inorgánico ( $\text{HgCl}_2$ ) y MeHg, (iii) describir el potencial de degradación de las cepas más tolerantes, y (iv) explorar la biogeografía de los genes *merA* y *merB* en el océano y en diferentes profundidades analizando metagenomas y metatranscriptomas globales de las expediciones Malaspina (Acinas *et al. Commun Biol*, 2021) y Tara Oceans (Alberti *et al. Sci data*, 2017; Salazar *et al. Cell*, 2019).

Los análisis han sido posibles gracias a la combinación de técnicas dependientes de cultivo (donde hemos partido de una

colección de cultivos de más de 2000 cepas de origen marino) y de técnicas “ómicas” extrayendo los genes *merA* y *merB* de metagenomas y metatranscriptomas globales. Gracias a ello hemos podido describir por primera vez que los genes de degradación de MeHg están ampliamente distribuidos en el océano y que además se expresan activamente. Además, hemos podido detectar que una cepa taxonómicamente clasificada como *Alteromonas mediterranea* tiene tolerancia a altas concentraciones de MeHg (10  $\mu\text{M}$ ) en comparación a las concentraciones naturales que encontramos en el océano (~ 1pM) (Bowman *et al. Sci Total Environ*, 2020), que es capaz de degradarlo en aproximadamente 24h y que se encuentra ampliamente distribuida en el batipelágico en océanos templados y tropicales (Figura 1).

Isabel Sanz-Sáez, Carla Pereira-García, Andrea G. Bravo, Laura Trujillo, Martí Pla i Ferriol, Miguel Capilla, Pablo Sánchez, Rosa Carmen Rodríguez Martín-Doimeadios, Silvia G. Acinas, and Olga Sánchez. Prevalence of Heterotrophic Methylmercury Detoxifying Bacteria across Oceanic Regions. *Environmental Science & Technology* 2022 56 (6), 3452-3461. <https://doi.10.1021/acs.est.1c05635>

# Identificación de un sensor universal de aminoácidos conservado en el Árbol de la Vida

ELIZABET MONTEAGUDO-CASCALES<sup>a</sup>, VADIM M. GUMEROV<sup>b,c</sup>, EKATERINA P. ANDRIANOVA<sup>b,c</sup>, MIGUEL A. MATILLA<sup>a</sup>, KAREN M. PAGE<sup>d</sup>, ANNETTE C. DOLPHIN<sup>d</sup>, TINO KRELL<sup>a</sup>, E IGOR B. ZHULIN<sup>b,c</sup>

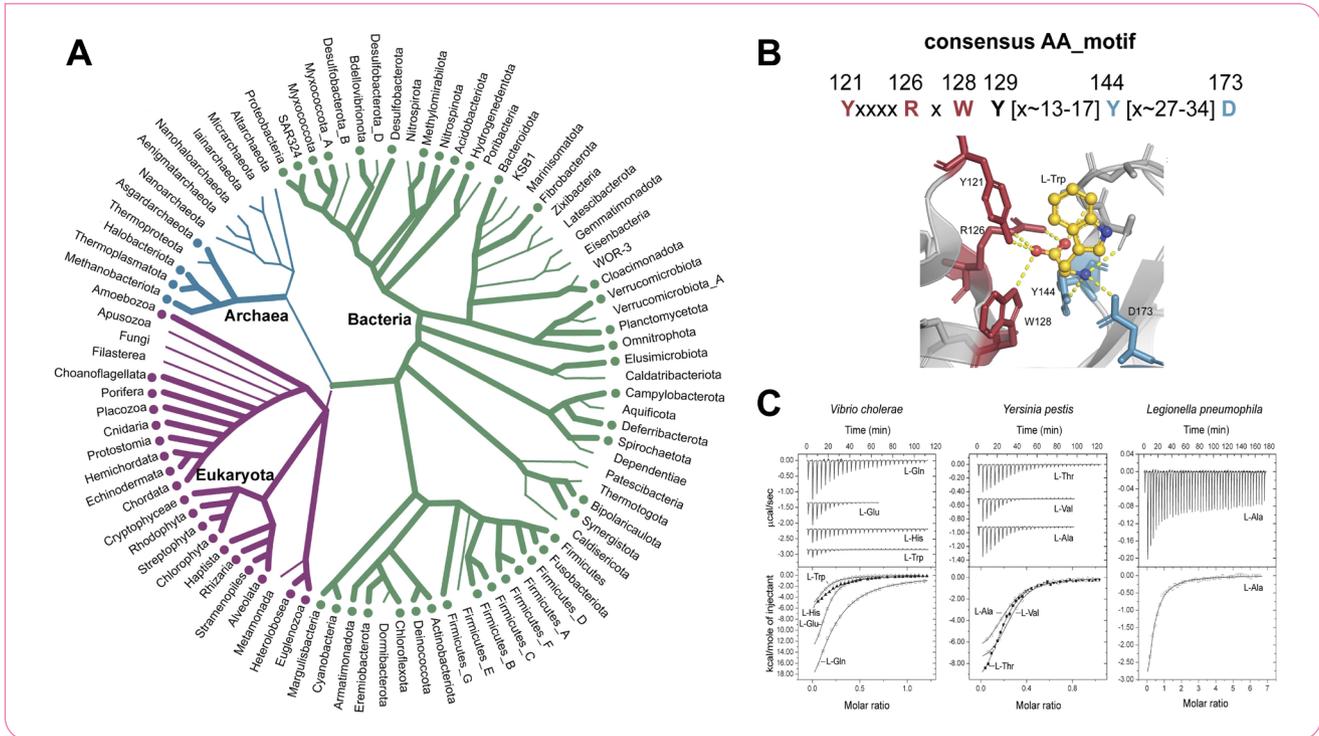
<sup>a</sup>Departamento de Protección Ambiental, Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Granada, España.

<sup>b</sup>Departamento de Microbiología, The Ohio State University, Columbus, Estados Unidos.

<sup>c</sup>Translational Data Analytics Institute, The Ohio State University, Columbus, Estados Unidos.

<sup>d</sup>Departamento de Neurociencia, Fisiología y Farmacología, University College London, Londres, Reino Unido.

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



**Figura 1.** Identificación del dominio dCache\_1AA para el reconocimiento específico de aminoácidos. **A.** Distribución filogenética del dominio dCache\_1AA. Los puntos indican la presencia del dominio en una categoría filogenética. **B.** Secuencia consenso del “motivo\_AA” y detalle de la interacción de los residuos del dominio dCache\_1AA del quimiorreceptor PctA con L-Trp. **C.** Ensayos de microcalorimetría que representan la unión de distintos dominios dCache\_1AA de bacterias patógenas a aminoácidos.

La capacidad de percibir y responder a señales ambientales permite a los seres vivos adaptarse a los cambios ambientales de manera eficiente. Los aminoácidos (AAs) actúan como moléculas señal en todos los linajes de la vida. Su abundancia en la sangre, los exudados radiculares o la hemolinfa los convierten en reguladores de procesos tan diversos como la formación de biopelículas, la germinación de esporas y la colonización de hospedadores. En humanos, su biodisponibilidad afecta a la respuesta inflamatoria y a la comunicación neuronal. Sin embargo, hasta la fecha, se desconocía un mecanismo universal para el reconocimiento de AAs a lo largo del Árbol de la Vida.

Los sistemas de transducción de señales permiten a los microorganismos la percepción de estímulos. El proceso se inicia con la unión de una señal al dominio de unión a ligandos (LBDs) de un receptor. Los LBDs de tipo dCache representan la familia de dominios sensores extracelulares más abundante en procariontes. En este trabajo, se ha definido el “motivo\_AA”, presente en LBDs de tipo dCache\_1, como responsable del reconocimiento específico de AAs. Este dominio, denominado dCache\_1AA, está presente en receptores de bacterias, arqueas y humanos (**Figuras 1A-B**).

Se determinó que el dominio dCache\_1AA está presente en aproximadamente 11000

receptores de bacterias y arqueas, incluyendo patógenos de relevancia clínica y agrícola. Entre estos receptores, se encontraron múltiples quimiorreceptores, histidina quinasa, diguanilato ciclasas, fosfodiesterasas, serina/treonina quinasa y fosfatasa, entre otros. Para validar experimentalmente los resultados *in silico*, se emplearon aproximaciones basadas en fluorimetría diferencial de barrido y calorimetría de titulación isotérmica. Satisfactoriamente, la totalidad de los dominios dCache\_1AA analizados unieron AAs con altas afinidades (**Figura 1C**).

En eucariotas, los dominios dCache\_1AA se identificaron en cientos de proteínas,

incluyendo las subunidades  $\alpha 2\delta$  de las proteínas CACHD1 que modulan los canales de calcio activados por voltaje. Estas proteínas están implicadas en patologías como esquizofrenia, epilepsia y dolor neuropático. Se demostró que las subunidades  $\alpha 2\delta$  unen AAs a través del “motivo\_AA” y la mutación de residuos puntuales del mismo resultó en la incapacidad de unir ligandos.

Se desconocen las señales percibidas por la mayoría de las proteínas receptoras y este trabajo demuestra el potencial de la biología estructural y la bioinformática en la predicción de ligandos. Los resultados de este estudio abren nuevas vías para el desarrollo de tratamientos frente a microorganismos patógenos, así como para la búsqueda de dianas terapéuticas dirigidas a paliar el dolor y trastornos

neurológicos. Este trabajo es fruto de una colaboración internacional multidisciplinaria entre investigadores de la *Estación Experimental del Zaidín* (CSIC), *The Ohio State University* (EEUU) y *University College London* (Reino Unido).

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. DOI: [10.1073/pnas.2110415119](https://doi.org/10.1073/pnas.2110415119)



## Nuevos socios de la SEM

Nuevas altas

Desde 14/10/2021 al 27/04/2022

- ◉ Adrados Planell, Ana
- ◉ Antón Rodríguez, Tania
- ◉ Arranz San Martín, Alba
- ◉ Ballestero García, Luna
- ◉ Barbero Úriz, Óscar Alberto
- ◉ Barcenilla Canduela, Coral
- ◉ Barros Rodríguez, Adoración
- ◉ Becerra Zambrano, Sioly Dainiznoray
- ◉ Bertrams Tubau, Lluís
- ◉ Blasco Santamaría, María Luz
- ◉ Borrego López, Rogelio
- ◉ Buetas Giménez, Elena
- ◉ Bullones Bolaños, Andrea Simone
- ◉ Canha Gouveia, Analuce
- ◉ Carpena Istán, Víctor
- ◉ Carvajal Holguera, Rocío
- ◉ Casas Román, Ariana
- ◉ Chuina Tomazeli, Emilia
- ◉ Correa Fiz, Florencia
- ◉ Crespillo Conejo, Roberto
- ◉ Crespo Roche, Diego
- ◉ Crespo Yuste, Estefanía
- ◉ Cruz Sáez, Daniel
- ◉ Dapa, Tanja
- ◉ de la Huerta Bengoechea, Paula
- ◉ del Castillo López, Tania
- ◉ Duran Wendt, David
- ◉ Ferrer Rodríguez, Consuelo
- ◉ Galván Ruano, Elizabeth
- ◉ García Franco, Ana Ángeles
- ◉ Garde Sagardoy, Edurne
- ◉ Genova, Roberta
- ◉ Gómara Utrilla, Paula
- ◉ Gómez Matos, Marieta
- ◉ Gutiérrez del Águila y Rodríguez, Diego
- ◉ Hernández Fernández, María
- ◉ Herrera Rodríguez, Daniel
- ◉ Hidalgo Fernandez, Paloma
- ◉ Jiménez Lalana Diego Esteban
- ◉ Jimenez Migurel, Idoia
- ◉ Jiménez Orellana, Miguel
- ◉ Jiménez Rodríguez, Raúl
- ◉ Juárez Martos, Raquel Adriana
- ◉ Jurado Muñoz, Andrea
- ◉ Kieffer, Nicolas
- ◉ Lartitegui Maceira, Unai
- ◉ Llano Verdeja, Jesús
- ◉ López Barona, Patricia
- ◉ López Bort, Javier
- ◉ López Escarpa, David
- ◉ López Hermosín, Rafael
- ◉ Lorente Torres, Blanca
- ◉ Lucena León, Carlos
- ◉ Mancera Miranda, Laura
- ◉ Marcos Torres, Francisco Javier
- ◉ Martínez Lozano, José Manuel
- ◉ Mejías Ortiz, Miguel
- ◉ Merino Martín, Luis
- ◉ Millán Placer, Ana Cristina
- ◉ Monteagudo Cascales, Elizabet
- ◉ Montero Beltrán, Elisa
- ◉ Mulet, María Magdalena
- ◉ Nadal Molero, Francisco
- ◉ Ochoa Guindulain, Eduardo
- ◉ Palacios Cuéllar, César
- ◉ Palomino Cano, Carmen
- ◉ Pardo Freire, Marco
- ◉ Paulino Carvalho, André Filipe
- ◉ Pico, Anna
- ◉ Polo Henares, Isabel
- ◉ Portocarrero García, Karen Milagos
- ◉ Prieto Nieto, Amalia
- ◉ Ramiro Martínez, Paula
- ◉ Recio Muñoz, María Isabel
- ◉ Rendueles Martínez, Claudia
- ◉ Rico Jiménez, Míriam
- ◉ Rodríguez Sancho, Alejandro
- ◉ Roscales García, Gabriel
- ◉ Roumani, Foteini
- ◉ Rubio Lozano, Alba Victoria
- ◉ Salgado Briegas, Sergio
- ◉ Sánchez Aguilar, María del Carmen
- ◉ Sánchez Jiménez, Ana
- ◉ Sánchez Pellicer, Pedro
- ◉ Sanz Machín, Irene
- ◉ Segura Mejías, Alicia
- ◉ Serrano Andrés, María Jesús
- ◉ Silva de Sousa, Bruna Fernanda
- ◉ Solbas Casajús, Ana
- ◉ Tordera, Lourdes
- ◉ Tristancho Baró, Alexander
- ◉ Vallejo Grijalba, Claudia
- ◉ Vázquez Arias, David
- ◉ Velasco de Diego, Raquel
- ◉ Velázquez Molina, Francisco Javier
- ◉ Vergara González, Ester
- ◉ Villanueva Llanes, Maripaz
- ◉ Yeste Fernández, Nuria