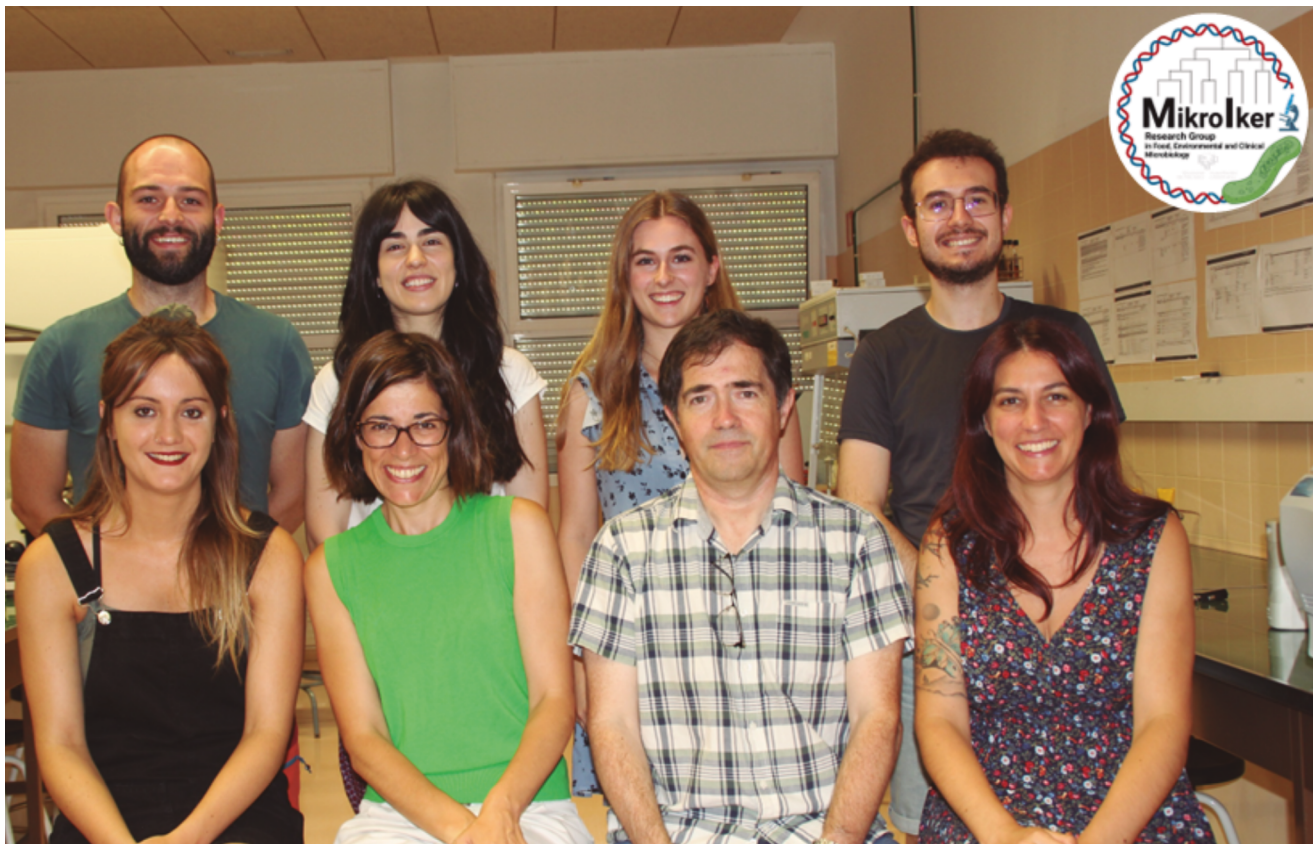


# Grupo de investigación Mikrolker: Microbial genomics and characterization

**ADRIÁN SALAZAR SÁNCHEZ, ILARGI MARTÍNEZ, LORENA LAORDEN, IRATI MARTINEZ**

Grupo de Investigación Mikrolker – Dpto de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU). Paseo de la Universidad 7, 01006, Vitoria-Gasteiz (País Vasco).

✉ [adrian.salazar@ehu.eus](mailto:adrian.salazar@ehu.eus) | [ilargi.martinez@ehu.eus](mailto:ilargi.martinez@ehu.eus) | [lorena.laorden@ehu.eus](mailto:lorena.laorden@ehu.eus) | [irati.martinez@ehu.eus](mailto:irati.martinez@ehu.eus)



*Integrantes actuales del grupo Mikrolker. Arriba de izquierda a derecha: Aitor Atxaerandio, Maia Azpiazu, Ainhoa Arrieta y Adrián Salazar. Abajo de izquierda a derecha: Itsaso Baztarrika, Irati Martinez, Joseba Bikandi e Ilargi Martínez. Ausentes: Ohiana Rodriguez, Lorena Laorden y Rodrigo Alonso.*

El grupo Mikrolker es un joven grupo de investigación de la Facultad de Farmacia de la UPV/EHU, creado en 2019 tras la fusión de los antiguos grupos de investigación “Epidemiología molecular de *Campylobacter* y *Arcobacter*”, dirigido por la Dra. Aurora Fernández, y “MicroBioMol” dirigido por el Dr. Javier Garaizar. Actualmente, el grupo se fundamenta en tres líneas de investigación principales: (i) epidemiología molecular de microorganismos, (ii) caracterización y control de microorganismos y (iii) diversidad microbiana. El nexo común que

comparten estas líneas y base de nuestro grupo de investigación, radica en el conjunto de técnicas y tecnologías que integran. Estas tecnologías se basan principalmente en la genómica microbiana, biología molecular, bioquímica y bioinformática; complementada siempre con técnicas de microbiología clásica. A la cabeza del grupo se encuentran las jóvenes Investigadoras Principales Irati Martínez Malax-etxebarria e Ilargi Martínez Ballesteros, que junto con Lorena Laorden Muñoz tomaron las riendas del mismo desde su generación.

Además de ellas, trabajando en las líneas de investigación que desarrollamos en ciencias sanitarias y del medioambiente, en la actualidad el grupo de investigación está compuesto por un equipo multidisciplinar de profesionales de ciencias experimentales y de la salud (biólogas, médicos, farmacéuticas, biotecnólogas y químicas).

En el desarrollo y ejecución de los diferentes proyectos de investigación, el grupo Mikrolker busca contribuir al enfoque *One Health* (una sola salud) para lograr

una salud óptima para las personas, los animales, las plantas y nuestro medio ambiente. En este sentido, como grupo de investigación dedicado a la microbiología, nuestro principal objetivo es el estudio y comprensión de las diferentes poblaciones y comunidades microbianas. Los microorganismos, muy diversos en forma y funciones, son parte fundamental e integral de los hábitats y nichos del planeta que sustentan la vida. Los avances en las técnicas de estudio de microorganismos, entre las que destacan las nuevas tecnologías de secuenciación masiva de ADN, permiten hoy profundizar en el conocimiento de los microorganismos, su distribución y relación con el entorno, conocer sus características genómicas, su potencial virulento e incluso su potencial biotecnológico y aplicaciones sanitarias.

Abogando por la visión de salud única, junto con nuestra especialización en tecnologías moleculares y de secuenciación, realizamos vigilancia epidemiológica y caracterización de patógenos de transmisión alimentaria como *Salmonella* 4,[5],12:i:-, *Arcobacter* spp. y *Staphylococcus aureus*, así como de otros patógenos de especial relevancia clínica como *Pseudomonas aeruginosa*, buscando aumentar el conocimiento sobre ellos y contribuir al desarrollo de herramientas y/o métodos para su control. A grandes rasgos realizamos tipificaciones fenotípicas y genotípicas de los mismos para conocer la distribución de las poblaciones en nuestro entorno para proceder, de esta manera, a la realización de estudios evolutivos y epidemiológicos. Además, buscamos caracterizar la función de genes potencialmente implicados en su patogenicidad (p. ej. genes relacionados con adherencia, movilidad, comunicación bacteriana, adquisición de hierro y producción de toxinas); predecir fenotipos de interés basados en datos genómicos obtenidos por secuenciación de sus genomas (p. ej. resistencia antimicrobiana y a metales pesados, adquisición de elementos genéticos móviles y generación de nuevos elementos plasmídicos); e incluso obtener datos aplicables a la mejora de la antibioterapia que pueda ser requerida en el tratamiento de infecciones humanas. Pero no solo estudiamos microorganismos patógenos; sino que también en nuestras líneas de investigación caracterizamos microorganismos ambientales, especialmente halófilos, que resultan de gran interés por sus importantes adaptaciones fisiológicas e interacciones con otros organismos de su hábitat, así como por su capacidad de pro-

ducir compuestos o metabolitos de interés en la industria alimentaria y biotecnológica (p. ej. biosurfactantes, antimicrobianos, pigmentos, emulsificantes y exoenzimas).

Nuestros estudios sobre estos microorganismos de interés sanitario, alimentario y medioambiental aportan nuevos datos que contribuyen a lograr una salud óptima de las personas, los animales y el medio ambiente, tal y como se ha mencionado anteriormente. Fruto de ello son los proyectos, adicionales a nuestra labor cotidiana, que desempeñamos a petición de organismos públicos como ELIKA (Fundación Vasca para la Seguridad Agroalimentaria) o el Instituto de Agrobiotecnología (IDAB-CSIC), con los que colaboramos para dar respuesta a las necesidades de los agentes que componen el entramado agroalimentario vasco y a los problemas habituales con los que se encuentran en su día a día. Así mismo, las investigaciones llevadas a cabo han dado lugar a numerosas publicaciones y participaciones en congresos (SEM, SEIMC, FEMS, IMMCM, etc.), dando a conocer el trabajo que realizamos y favoreciendo nuevos vínculos con redes y grupos multidisciplinares acordes a nuestras líneas de investigación. Entre las publicaciones realizadas, podemos destacar la descripción de la nueva especie bacteriana *Altererythrobacter muriae* (Azpiazu-Muniozguren et al., 2019), el nuevo género *Anianabacter* (Azpiazu-Muniozguren et al., 2022), la preparación de un flujo de trabajo (*workflow*) bioinformático pensado para ser utilizado en los análisis rutinarios partiendo de los datos de la secuenciación de genomas bacterianos (Atxaerandio-Landa et al., 2022), los avances en el estudio del género *Arcobacter* (Martínez-Malaxetxebarria et al., 2022; Salazar-Sánchez et al., 2022) y el estudio genotípico de variantes monofásicas 4,[5],12:i:- del serovar Typhimurium de *Salmonella* (Arrieta-Gisasola et al., 2020).

## Bibliografía

**Arrieta-Gisasola, A., Atxaerandio-Landa, A., Garrido, V., Grilló, M. J., Martínez-Ballesteros, I., Laorden, L., Garaizar, J., & Bikandi, J.** (2020). Genotyping Study of *Salmonella* 4,[5],12:i:- Monophasic Variant of Serovar Typhimurium and Characterization of the Second-Phase Flagellar Deletion by Whole Genome Sequencing. *Microorganisms*, 8(12), 2049. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8122049>

**Atxaerandio-Landa, A., Arrieta-Gisasola, A., Laorden, L., Bikandi, J., Garaizar, J., Martínez-Malaxetxebarria, I., & Martínez-Ballesteros, I.** (2022). A Practical Bioinformatics Workflow for Routine Analysis of Bacterial WGS Data. *Microorganisms*, 10(12), 2364. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10122364>

**Azpiazu-Muniozguren, M., García, M., Laorden, L., Martínez-Malaxetxebarria, I., Seoane, S., Bikandi, J., Garaizar, J., & Martínez-Ballesteros, I.** (2022). *Anianabacter salinae* gen. Nov., sp. Nov. ASV31T, a Facultative Alkaliphilic and Extremely Halotolerant Bacterium Isolated from Brine of a Millennial Continental Saltern. *Diversity*, 14(11), Article 11. <https://doi.org/10.3390/d14111009>

**Azpiazu-Muniozguren, M., Martínez-Ballesteros, I., Gamboa, J., Seoane, S., Alonso, R., Laorden, L., Garaizar, J., & Bikandi, J.** (2019). *Altererythrobacter muriae* sp. Nov., isolated from hypersaline Añana Salt Valley spring water, a continental thalassohaline-type solar saltern. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 71(3). <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004734>

**Martínez-Malaxetxebarria, I., Girbau, C., Salazar-Sánchez, A., Baztarrika, I., Martínez-Ballesteros, I., Laorden, L., Alonso, R., & Fernández-Astorga, A.** (2022). Genetic characterization and biofilm formation of potentially pathogenic foodborne *Arcobacter* isolates. *International Journal of Food Microbiology*, 373, 109712. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109712>

**Salazar-Sánchez, A., Baztarrika, I., Alonso, R., Fernández-Astorga, A., Martínez-Ballesteros, I., & Martínez-Malaxetxebarria, I.** (2022). *Arcobacter butzleri* Biofilms: Insights into the Genes Beneath Their Formation. *Microorganisms*, 10(7), Article 7. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10071280>