

Microbiología UIB: Desde la taxonomía de *Pseudomonas* a la diversidad como herramienta en microbiología ambiental

MARGARITA GOMILA, JORGE LALUCAT, ELENA GARCÍA-VALDÉS, RAFAEL BOSCH, BALBINA NOGALES, ANTONIO BENNASAR, JOSEPH CHRISTIE-OLEZA, MAGDALENA MULET, ANTONIO BUSQUETS, GUILLEM SEGUÍ*, PEDRO ECHEVESTE, MARIA DEL MAR AGUILÓ-FERRETJANS, ROCÍO D. I. MOLINA, MARIA CAÑELLAS, JOSÉ LAÇO, IBAI CANO, SERGI MARTORELL*, THEO OBRADOR-VIEL, ALBERTO CONTRERAS, JUSTINE MAREY BITALAC, PAMELA JAEI COLMAN-VEGA*, ESTEBAN BUSTOS-CAPARRÓS*, GUILLEM COLL-GARCÍA*

Grupo de Microbiología, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa km 7.5, 07122 Palma de Mallorca.

* Dirección actual: G. Seguí, University of Gothenburg; P.J. Colman-Vega, Instituto Catalán de Investigación del Agua; S. Martorell, Instituto de Ciencias del Mar-CSIC; E. Bustos-Caparrós y G. Coll-García, Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados UIB-CSIC.

✉ marga.gomila@uib.es



Foto de grupo.

El grupo de investigación de Microbiología de la Universitat de les Illes Balears se fundó a finales de los años 70 y se ha ampliado y diversificado ampliamente en los últimos veinte años. Actualmente, está conformado por un equipo diverso y dinámico que incluye profesores de universi-

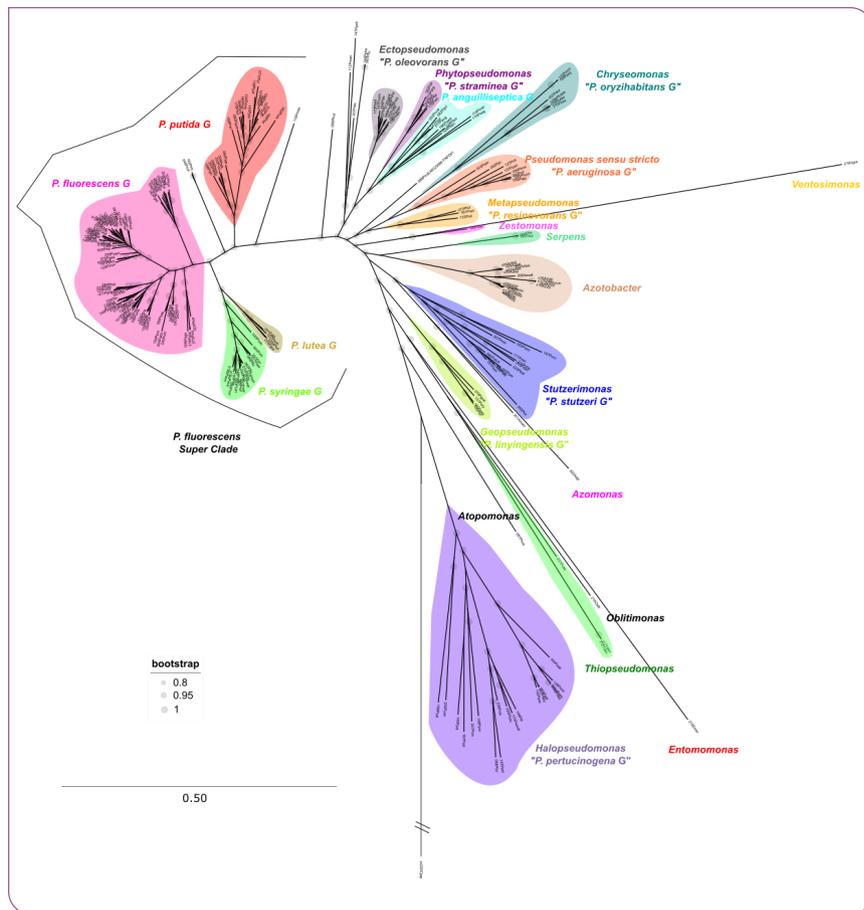
dad, catedráticos eméritos, además de investigadores postdoctorales, estudiantes de doctorado, investigadores colaboradores y técnicos de laboratorio. Miembros del grupo son responsables de la organización y la enseñanza del Máster Universitario en Microbiología Avanzada y del

programa de Doctorado en Microbiología Ambiental y Biomédica, ambos impartidos en la universidad. A su vez el grupo mantiene colaboraciones tanto a nivel nacional como internacional para enriquecer su trabajo y mantener su competitividad en la investigación.

Desde su inicio, este grupo ha dedicado sus esfuerzos al estudio de los microorganismos en su entorno natural, con un enfoque particular en la Microbiología Ambiental y la Taxonomía. A lo largo de sus más de 45 años de historia, los investigadores del grupo han liderado importantes avances en la identificación y comprensión de la diversidad microbiana, descubriendo y describiendo más de 50 especies bacterianas nuevas. Sus investigaciones se han centrado en la ecología de los microorganismos en entornos acuáticos, principalmente marinos, aunque también entornos hospitalarios, así como en el estudio de la microbiota de ambientes contaminados, explorando aplicaciones potenciales en degradación de contaminantes. Para abordar estas líneas de investigación, el grupo ha adoptado enfoques multidisciplinares, utilizando una variedad de técnicas que van desde el cultivo tradicional hasta métodos de vanguardia como la genómica, la proteómica, la metagenómica y la metabolómica. Además, de estas líneas generales el grupo ha trabajado intensamente con microorganismos modelo analizando el género *Pseudomonas*, los miembros del clado *Roseobacter*, así como otros géneros como *Klebsiella*, *Legionella*, *Streptococcus* o *Xylella*.

Algunos ejemplos de líneas de investigación en las que los miembros del grupo han trabajado en los últimos años se muestran a continuación.

➤ **TAXONOMÍA DEL GÉNERO PSEUDOMONAS.** La taxonomía del género *Pseudomonas* ha sido una de las principales líneas de investigación desde los inicios del grupo, en la que se han enmarcado una gran parte de los proyectos obtenidos. A lo largo de los años, se han aplicado diversas técnicas que han permitido una identificación cada vez más precisa de las especies dentro de este género. Los estudios filogenómicos y proteómicos realizados no sólo han contribuido a investigaciones sobre diversidad, sino que también han permitido un estudio exhaustivo de este género, incluyendo la descripción de nuevas especies como *P. lalucatii* (Busquets *et al.*, 2021), nombrada en honor al Dr. Lalucat, fundador del grupo de investigación, por su relevante trayectoria en este campo. Además, se ha propuesto la creación de nuevos géneros dentro de la familia *Pseudomonadaceae*, como el género *Stutzerimonas*, con *S. stutzeri* como especie tipo representante de este género



Árbol filogenético basado en el análisis concatenado de los genes del core de 244 genomas de la familia *Pseudomonadaceae*.

(Lalucat *et al.*, 2022), en el cual se han descrito nuevas especies como *S. frequens* o *S. degradans* (Gomila *et al.*, 2022).

➤ **INTERACCIÓN PLANTA MICROORGANISMO: EL CASO DE XYLELLA.** La detección del patógeno vegetal *X. fastidiosa* en Italia en 2013, en octubre del 2016 en las Baleares, y su posterior detección en Alicante en 2017, impulsó el trabajo de nuestro grupo en este ámbito. Los estudios realizados en los últimos seis años en el marco de los proyectos tanto internacionales, nacionales como autonómicos, han permitido no sólo caracterizar exhaustivamente el genoma de este microorganismo, sino también mapear su distribución en diferentes plantas huésped de las Islas Baleares, haciendo especial énfasis no solo en los cultivos predominantes, como el almendro (Moralejo *et al.*, 2020) y la vid, sino también en plantas silvestres. En la actualidad, gracias a un proyecto financiado por el Plan estatal, PID2020-119449RB-I00, y un proyecto autonómico, BIO004A, se trabaja en

comprender las complejas interacciones entre las plantas infectadas y no infectadas con este patógeno, así como con diversos microorganismos, con el fin de identificar posibles agentes de biocontrol.

➤ **DIVERSIDAD DE BACTERIAS EN AMBIENTES HOSPITALARIOS.** En el marco de una *Innovative Training Network* Marie Skłodowska-Curie financiada por el programa Horizon 2020 de la Comisión Europea, proyecto PEST-BIN, el grupo ha investigado en los últimos años la diversidad bacteriana presente en distintos entornos hospitalarios, con un enfoque particular en los desagües y los rieles de las camas. Este proyecto, que involucra a universidades, institutos de investigación, un hospital y empresas privadas, tiene como objetivo combatir las infecciones bacterianas mediante el desarrollo de tecnologías innovadoras. El nodo en las Islas Baleares, se ha centrado en caracterizar esta diversidad, destacando las bacterias potencialmente patógenas y portadoras de

resistencia antibiótica, con el fin de monitorear la transferencia de estos genes.

◉ **CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE OTRAS ESPECIES.** Además de los microorganismos mencionados anteriormente, el grupo ha investigado otras especies bacterianas como el grupo de *S. mitis* en el género *Streptococcus* y la especie *K. pneumoniae*. En el marco de varios proyectos europeos, se han analizado las características genómicas comunes y distintivas de *K. pneumoniae* en entornos clínicos y naturales, con un enfoque particular en las aguas residuales (Rocha *et al.*, 2022). La combinación de análisis genómicos y proteómicos en el género *Streptococcus* ha permitido aclarar las dificultades que plantea su identificación (Gonzales-Siles *et al.*, 2020).

◉ **LEVADURAS AUTÓCTONAS Y SU PAPEL EN LA FERMENTACIÓN DEL VINO.** En colaboración con varias bodegas de Mallorca, y en el marco de varios proyectos de financiación autonómicos, en los últimos años se ha analizado la diversidad de levaduras presentes en diferentes variedades de uva autóctonas, principalmente Giró-ros y Mantonegro. La diversidad de levaduras se evaluó mediante espectroscopia de masas por MALDI-TOF y amplificación y secuenciación del gen 18S rRNA e ITS2. Se probó la capacidad de fermentación en pequeña escala de algunas cepas de las levaduras de las especies mayoritarias identificadas, y una selección de cepas de *Saccharomyces cerevisiae* se utilizó para fermentar vino a gran escala, demostrando así la capacidad de transferencia de conocimientos del grupo con empresas.

◉ **BIOINDICADORES MICROBIANOS DE CONTAMINACIÓN EN SEDIMENTOS COSTEROS.** En el marco de un proyecto Interreg-SUDOE se ha investigado la diversidad de comunidades microbianas en sedimentos de humedales costeros de diferentes características en localizaciones del suroeste de Francia, Portugal y España, entre las que se encontraba el Parque Natural de S'Albufera de Mallorca. Gracias a la generación de un extenso conjunto de metadatos que incluían concentraciones de nutrientes y diferentes contaminantes

se han propuesto diferentes bioindicadores microbianos relacionados con la eutrofización, y se ha trabajado en su validación en experimentos de mesocosmos en condiciones controladas.

◉ **DEGRADACIÓN DE CONTAMINANTES: PLÁSTICOS E HIDROCARBUROS.** Los contaminantes, y en particular la degradación de hidrocarburos y derivados ha sido, desde la fundación del grupo, uno de los pilares esenciales de investigación. Recientemente el interés del grupo se ha ampliado a la degradación de una amplia variedad de plásticos. Los estudios actuales se centran en analizar la capacidad de poblaciones microbianas, tanto marinas como de otros ambientes, en la colonización y degradación de plásticos (Wright *et al.*, 2021). Estas investigaciones, financiadas por los proyectos PID2022-139042NB-I00, TED2021-129739B-I00 y PDC2022-133849-I00, se complementan con el estudio de las estrategias funcionales que siguen diferentes organismos degradadores, combinando datos ómicos con datos fisiológicos y químicos. Se pretende con ello definir rutas metabólicas relevantes en la degradación de diferentes plásticos o en procesos iniciales de alteración y modificación de estos materiales para su posterior degradación.

En resumen, la actividad del grupo en el ámbito de la diversidad de microorganismos ambientales tiene perspectivas de continuidad y expansión gracias a nuevos proyectos de cariz más ecológico como el estudio de interacciones entre microorganismos marinos y las interacciones planta microorganismo, junto con la colaboración con empresas en proyectos de calidad ambiental en zonas costeras, reflejando el compromiso del grupo con la investigación aplicada.

Bibliografía

Busquets A, Mulet M, Gomila M, García-Valdés E (2021). *Pseudomonas lalucatii* sp. nov. isolated from Vallgornera, a karstic cave in Mallorca, Western Mediterranean. Syst Appl Microbiol. 44(3):126205.

Gomila M, Mulet M, García-Valdés E, Lalucat J (2022). Genome-Based Taxonomy of the Genus *Stutzerimonas* and Proposal of *S. frequens* sp. nov. and *S. degradans* sp. nov. and Emended Descriptions of *S. perfectamarina* and *S. chlo-ritidismutans*. Microorganisms 10(7):1363.

Gonzales-Siles L, Karlsson R, Schmidt P, Salvà-Serra F, Jaén-Luchoro D, Skovbjerg S, Moore ERB, Gomila M (2020). A Pangenome Approach for Discerning Species-Unique Gene Markers for Identifications of *Streptococcus pneumoniae* and *Streptococcus pseudopneumoniae* Front Cell Infect Microbiol. 10:222.

Lalucat J, Gomila M, Mulet M, Zaruma A, García-Valdés E (2022). Past, present and future of the boundaries of the *Pseudomonas* genus: Proposal of *Stutzerimonas* gen. nov. Syst Appl Microbiol. 45(1):126289.

Moralejo E, Gomila M, Montesinos M, Borràs D, Pascual A, Nieto A, Adrover F, Gost PA, Seguí G, Busquets A, Jurado-Rivera JA, Quetglas B, García JD, Beidas O, Juan A, Velasco-Amo MP, Landa BB, Olmo D (2020). Phylogenetic inference enables reconstruction of a long-overlooked outbreak of almond leaf scorch disease (*Xylella fastidiosa*) in Europe. Communications Biology 3(1):560.

Rocha J, Henriques I, Gomila M, Manaia CM (2022). Common and distinctive genomic features of *Klebsiella pneumoniae* thriving in the natural environment or in clinical settings. Sci Rep. 12(1):10441.

Wright RJ, Bosch R, Langille MGI, Bibson MI, Christie-Oleza JA (2021). A multi-OMIC characterisation of biodegradation and microbial community succession within the PET plastsphere. Microbiome 9:141.s