

Tesis

Vibrio vulnificus and related species: A study of the evolution and emergence of new pathogenic variants

➤ Doctorando:

Héctor Carmona Salido

hector.salido@uv.es

➤ Directores:

Carmen Amaro González

Fernando González Candelas

Francisco José Roig Molina

➤ Centro de realización:

Universitat de València.

➤ Resumen

En los últimos años, los avances en tecnologías de secuenciación y análisis bioinformático han permitido la comprensión de la evolución de muchos patógenos. En esta tesis, hemos aplicado estas herramientas para conocer la evolución del patógeno *Vibrio vulnificus* (*Vv*).

El análisis de 364 genomas, algunos secuenciados *de novo* en este trabajo, reveló que:

- La especie ha estado sometida a múltiples procesos de recombinación que, incluso, han afectado al 99% de los genes del *core*, siendo uno de éstos el gen *rtxA1* que codifica la toxina más relevante en virulencia.

- *Vv* es una especie zoonótica cuya evolución se da de forma acelerada en las piscifactorías gracias a la transferencia de un plásmido de virulencia que codifica potencial septicémico para peces.

- El L4 es el único formado exclusivamente por cepas europeas. Este linaje está íntimamente asociado al cambio climático.

Para confirmar la presencia de *Vv* en la Comunidad Valenciana, lo aislamos de ecosistemas cercanos y descubrimos que el L1 en su variante peligrosa en Salud Pública está presente en nuestra Comunidad. Finalmente, la caracterización de vibrios clínicos de hospital nos permitió describir el primer caso mortal debido a *V. metoecus* (*Vm*), especie próxima a *V. cholerae*, y encontrar la base genética de su virulencia. Descubrimos que *Vm* y *Vv* comparten la capacidad dependiente de hierro de sobrevivir en sangre humana, pero difieren en la estrategia que utilizan y que reside en genes putativamente transferibles y, por tanto, generadores de recombinación. En conclusión, comprender mejor los mecanismos de transferencia genética horizontal es clave para controlar la aparición de nuevas variantes patógenas de las especies de *Vibrio*.

lización, Centro de presentación (si es distinto) y Resumen (máximo, 250 palabras).

Envía tus reseñas a la secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o a la directora editorial (Magdalena Martínez Cañamero, correo: canamero@ujaen.es)

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.

Los resúmenes de tesis dirigidas por miembros de la SEM no serán publicados en esta sección. Se recomienda enviar a la sección “**Nuestra Ciencia**” un resumen de alguno de los artículos producidos por la tesis.



Publicación de reseñas de artículos para la sección “Nuestra Ciencia”

La sección «**Nuestra Ciencia**» publica reseñas de artículos científicos producidos por nuestros socios. La extensión máxima del texto es de 400 palabras y puede incluirse una imagen. Deben incluir la siguiente información: Título de la reseña,

Autor, referencia bibliográfica completa del artículo que se reseña. Si el autor lo desea puede proporcionar su email de contacto.

Envía tus reseñas a la secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o a la directora editorial (Magdalena Martínez Cañamero, correo: canamero@ujaen.es)

Publicación de resúmenes de Tesis Doctorales

SEM@foro publica resúmenes de Tesis Doctorales realizadas por miembros de la SEM. Deben seguir el siguiente formato: Título, Autor, Director(es), Centro de rea-

Biocontrol de ocratoxina A en jamón curado utilizando cultivos protectores combinados

➤ Autor:

Eva Cebrián Cabezón

evcebrianc@unex.es

➤ Directores:

Mar Rodríguez Jovita

Félix Núñez Breña

Ana Belén Peromingo Arévalo

➤ Centro de realización:

Universidad de Extremadura, Facultad de Veterinaria, Instituto Universitario de Investigación de Carne y Productos Cárnicos, Higiene y Seguridad Alimentaria. Cáceres, España

➤ Resumen:

Durante la maduración de los derivados cárnicos curado-madurados se desarrollan mohos productores de ocratoxina A (OTA) en su superficie como *Penicillium nordicum* y *Aspergillus westerdijkiae*. Una estrategia para controlar este peligro es la utilización de microorganismos autóctonos como agentes de biocontrol. El objetivo de la Tesis Doctoral fue diseñar métodos de biocontrol con cultivos protectores combinados para reducir la OTA en jamón curado. Primero, se comprobó que el uso combinado de *Penicillium chrysogenum* CECT 20922 y *Debaryomyces hansenii* 253H reducía la producción de OTA por *P. nordicum* en jamón, pero no la eliminaba totalmente. Posteriormente, se seleccionó *Staphylococcus xylosus* Sx8 por su actividad antifúngica y se demostró que su acción se debía a la competencia por nutrientes y espacio, originando cambios en el proteoma de los mohos ocratoxigénicos. La combinación de este estafilococo con *D. hansenii* 253H

fue eficaz para reducir la producción de OTA, originando cambios en el metaboloma de mohos ocratoxigénicos. Por último, se observó que el cultivo combinado con *D. hansenii* 253H, *S. xylosus* Sx8 y *P. chrysogenum* Pg222 provocó un descenso superior al 98 % de la producción de OTA por *P. nordicum* y redujo su concentración hasta valores no cuantificables en *A. westerdijkiae* en jamón curado, por lo que se pueden proponer como cultivo protector mixto para este alimento.

Esta Tesis Doctoral es parte del proyecto de I+D+i PID2019-104260GB-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033. Eva Cebrián es beneficiaria de la ayuda PRE2020-093605 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033) y "ESF Investing in your future".



Transferencia horizontal a *Salmonella* de sistemas de defensa contra bacteriófagos en el tracto intestinal de pollos de engorde y papel del gen *ibfA* codificado en plásmidos como mecanismo de defensa

➤ Autor:

Júlia López Pérez

julia.lopez@uab.cat

➤ Directores:

Montserrat Llagostera Casas
Maria Pilar Cortés Garmendia
Iván Erill Sagales

➤ Centro de realización y presentación:

Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona.

➤ Resumen:

En esta tesis se ha estudiado las causas que promueven una menor susceptibilidad fágica en siete variantes de *Salmonella*, aisladas de un estudio de terapia fágica en pollos de engorde tratados con un cóctel integrado por los fagos UAB_Phi20, UAB_Phi78 y UAB_Phi87.

Los resultados obtenidos mostraron que dichos fagos dan lugar a infecciones abortivas, si bien la adsorción del fago UAB_Phi87 fue menos eficiente que en la cepa parental. Análisis informáticos de los genomas de dichas variantes identificaron que todas ellas habían adquirido plásmidos conjugativos del grupo Incl1a por transferencia horizontal desde la microbiota intestinal de los animales, los cuales mostraron una elevada homología entre ellos. Dichos plásmidos fueron los responsables de la total interferencia de dichas variantes contra UAB_Phi20 y UAB_Phi78, y parcialmente contra UAB_Phi87.

Asimismo, se determinó que uno de dichos plásmidos, denominado pUA1135, codifica el gen *ibfA*, cuya presencia provoca la infección abortiva del fago UAB_Phi20, reduciendo la productividad del fago e

induciendo un declive de la viabilidad celular sin lisis observable. A nivel molecular, *IbfA* no interfirió con la replicación del genoma viral, pero produjo una desregulación de la expresión génica viral, conduciendo a una disminución significativa de la expresión de los genes fágicos tardíos que codifican las proteínas estructurales y de lisis celular. Se propone un modelo que explica dicha interferencia.

Finalmente, en esta tesis también se ha observado que la emergencia de variantes resistentes o con mecanismos de defensa no compromete la efectividad de la terapia fágica en nuestras condiciones de estudio.

