

# Ecosistemas extremos, vida extraordinaria: cuatro décadas de investigación en microorganismos halófilos

ANTONIO VENTOSA, CRISTINA SÁNCHEZ-PORRO, RAFAEL R. DE LA HABA, M<sup>a</sup> JOSÉ LEÓN, BLANCA VERA-GARGALLO, DÁŠA STRAKOVÁ, ALICIA GARCÍA-ROLDÁN

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla (España)

✉ ventosa@us.es | sanpor@us.es

En nuestro grupo “Estudio de Microorganismos Halófilos” (BIO213) llevamos más de cuatro décadas investigando sobre estos organismos microscópicos capaces de prosperar en ambientes con altas concentraciones de sal, donde la mayoría de los seres vivos no sobrevivirían.

Durante este dilatado periodo hemos trabajado en diversas áreas, desde el aislamiento y la caracterización de nuevas especies de arqueas y bacterias halófilas, hasta el estudio de su ecología, fisiología, metabolismo, genética y evolución. Para ello hemos combinado métodos clásicos de cultivo en laboratorio con técnicas modernas como la metagenómica, que permite analizar directamente el ADN presente en un ambiente sin necesidad de cultivar los organismos.

Nuestros estudios pioneros en metagenómica abrieron caminos inéditos para comprender los ecosistemas hipersalinos. Hoy en día, centramos gran parte de nuestra investigación en dos escenarios principales: las salinas solares y los suelos salinos, hábitats donde descubrimos formas de vida de gran interés científico y con enorme potencial biotecnológico.

## ➤ Salinas marinas

Nuestras primeras investigaciones metagenómicas se realizaron hace más de 15 años en las salinas “Bras del Port” (Santa Pola, Alicante) y de Isla Cristina (Huelva) mediante pirosecuenciación 454. Allí analizamos la diversidad de microorganismos procariotas en estanques con distintos niveles de salinidad. Con el tiempo, hemos ampliado también el estudio a otros estanques salinos como los de Isla Bacuta (Huelva) utilizando tecnologías de secuenciación más avanzadas, como Illumina, lo que nos ha permitido reconstruir numerosos *Metagenome-Assembled Genomes* (MAGs) y descubrir cómo varía la



**Foto de grupo.** De izquierda a derecha: Dáša Straková, Alicia García-Roldán, Antonio Ventosa, Cristina Sánchez-Porro, Blanca Vera-Gargallo, Mª José León y Rafael R. de la Haba.

composición microbiana según la concentración de sal.

Un hallazgo llamativo ha sido comprobar que la diversidad microbiana no se reduce drásticamente con el aumento de la salinidad, como se pensaba inicialmente, aunque sí cambia la composición de las comunidades. Además, confirmamos que a mayor salinidad predominan las arqueas, pero descubrimos rutas metabólicas inesperadas, vinculadas a un incremento en los genes de síntesis *de novo* de solutos compatibles relacionados con la estrategia de osmorregulación “salt-out”, hasta entonces asociada principalmente con el dominio *Bacteria*. También hemos puesto de manifiesto la capacidad de ciertos grupos de microorganismos de sintetizar compuestos esenciales como biotina o  $\beta$ -carotenos, entre otros.

Otro descubrimiento destacado de estos estudios fue la detección, en los estanques de salinidad intermedia, de numerosas secuencias correspondientes a un grupo no descrito previamente, perteneciente a la clase *Gammaproteobacteria*. Tras un exhaustivo trabajo de aislamiento y caracterización describimos un nuevo género bacteriano, *Spiribacter*, hoy con siete especies reconocidas, una mayoría descrita por nuestro grupo.

Los estudios genómicos de especies del género *Spiribacter* han permitido determinar adaptaciones de estas bacterias halófilas que les permiten crecer óptimamente en condiciones extremas no solo de salinidad, sino de limitación de nutrientes y otros factores ambientales adversos. Estos microorganismos poseen genomas muy reducidos, si bien presentan una diversi-

dad metabólica, utilizando compuestos azufrados inorgánicos, incluyendo tiosulfato y tetratiónato. La presencia de genes que codifican la enzima tiosulfato deshidrogenasa sugiere su capacidad para oxidar el tiosulfato a tetratiónato, posibilitando una respiración aeróbica y anaeróbica. Un aspecto muy relevante del genoma de *Spiribacter* es la presencia de genes relacionados con el catabolismo de solutos compatibles, que le permite no solo acumular dichos compuestos para su balance osmótico sino, adicionalmente, utilizar dichos compuestos (específicamente hidroxiprolina, *myo*-inositol y L-prolina) como fuente de carbono y energía cuando los requiera.

También hemos descrito, dentro del dominio *Archaea*, un nuevo orden (*Halorutilales*), una nueva familia (*Halorutilaceae*) y también varios géneros: *Halorutilus*, *Haloglomus* y *Halosegnis*. Además, hemos descrito varias especies microbianas de géneros ya conocidos como *Salinivibrio*, *Halorubrum* o *Natronomonas*, entre otros. *Halorutilus salinus* es una haloarquea con un genoma muy simplificado (2.1 Mb), siendo el más pequeño de los descritos hasta la fecha en haloarqueas, relacionado con un tipo de vida auxotrófica y con requerimientos nutricionales muy reducidos. Dicho microorganismo crece exclusivamente en medios definidos, con piruvato como única fuente de carbono y energía, no siendo capaz de utilizar otras fuentes habitualmente empleadas por haloarqueas. Asimismo, en el genoma de esta nueva haloarquea destaca la presencia del set completo de la ruta de degradación del nucleótido monofosfato mediante la enzima RuBisCO.

## ➤ Suelos salinos

Otro de los escenarios de estudio de nuestro grupo son los suelos hipersalinos de las Marismas del Odiel (Huelva). Aquí, la salinidad extrema se combina con la presencia de metales pesados, lo que convierte este ecosistema en un auténtico desafío para la vida.

Gracias a la secuenciación masiva de numerosas muestras, primero mediante pirosecuenciación 454 y, posteriormente, con secuenciación Illumina, hemos podido analizar y comparar la diversidad de estos suelos con la de las salinas solares, determinando que los suelos albergan comunidades microbianas mucho más diversas. Hemos reconstruido más de 4.000 MAGs. De ellos, 273 se clasificaron como de calidad media ( $\geq 50\%$  de completitud;  $< 10\%$  de

contaminación), mientras que 11 cumplieron los estándares de alta calidad ( $> 90\%$  de completitud;  $< 5\%$  de contaminación). Un análisis exhaustivo de estos reveló que los MAGs asignados al dominio *Bacteria* fueron, en general, más completos y menos contaminados que aquellos clasificados como *Archaea*. Entre los MAGs de alta calidad, solo uno pudo identificarse a nivel de especie (*Pseudomonas taetrolens*), mientras que los demás se clasificaron a nivel de familia o superior. El análisis genómico comparativo de estos MAGs reveló rasgos metabólicos clave relacionados con la supervivencia en condiciones de extrema salinidad y exposición a metales pesados.

Estos estudios también han puesto de relieve rutas metabólicas únicas y han permitido describir nuevos taxones no cultivados (*Candidatus*) que amplían nuestro conocimiento sobre la vida en condiciones extremas. Además, mediante enfoques de culturomía, hemos identificado un nuevo género, *Terrihalobacillus*, y varias especies de los géneros *Aquibacillus*, *Pseudidiomarina*, *Halonotus*, *Halogeometricum*, *Halomicroarcula*, *Natrinema* y *Fodinibius*, algunos de ellos implicados en procesos metabólicos de gran relevancia, como la biosíntesis de vitaminas (tiamina o biotina).

En resumen, lo que parece un mundo hostil e inhabitable, estanques de sal casi saturada o suelos contaminados con metales, resulta ser un laboratorio natural donde florece una sorprendente diversidad de vida microbiana. Cada hallazgo no solo nos ayuda a entender cómo la vida puede adaptarse a condiciones extremas, sino que también abre puertas a aplicaciones biotecnológicas con gran potencial.

## Referencias

- Cui HL, Hou J, Amoozegar MA, Dyall-Smith ML, de la Haba RR, Minegishi H, Montalvo-Rodriguez R, Oren A, Sánchez-Porro C, Ventosa A, Vreeland RH. (2024). Proposed minimal standards for description of new taxa of the class *Halobacteria*. *Int J Syst Evol Microbiol*. 74: 006290. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006290>
- Durán-Viseras A, Sánchez-Porro C, Viver T, Konstantinidis KT, Ventosa A. (2023). Discovery of the streamlined haloarchaeon *Halorutilus salinus*, comprising a new order widespread in hypersaline environments across the world. *mSystems*. 8: e01198-22. <https://doi.org/10.1128/msystems.01198-22>
- Galisteo C, de la Haba RR, Sánchez-Porro C, Ventosa A. (2023). A step into the rare biosphere: genomic features of the new genus *Terrihalobacillus* and the new species *Aquibacillus salsiterrae* from hypersaline soils. *Front Microbiol*. 14: 1192059. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1192059>
- Galisteo C, Puente-Sánchez F, de la Haba RR, Bertilsson S, Sánchez-Porro C, Ventosa A. (2024). Metagenomic insights into the prokaryotic communities of heavy metal-contaminated hypersaline soils. *Sci Total Environ*. 951: 175497. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.175497>
- García-Roldán A, de la Haba RR, Sánchez-Porro C, Ventosa A. (2024). 'Altruistic' cooperation among the prokaryotic community of Atlantic salterns assessed by metagenomics. *Microbiol Res*. 288: 127869. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127869>
- León MJ, Vera-Gargallo B, de la Haba RR, Sánchez-Porro C, Ventosa A. (2024). Integrating genomic evidence for an updated taxonomy of the bacterial genus *Spiribacter*. *Sci. Rep*. 14: 30057. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-80127-5>
- Straková D, Sánchez-Porro C, de la Haba RR, Ventosa A. (2024). Decoding the genomic profile of the *Halomicroarcula* genus: comparative analysis and characterization of two novel species. *Microorganisms*. 12: 334. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12020334>
- Straková D, Sánchez-Porro C, de la Haba RR, Ventosa A. (2024). Unveiling the genomic landscape and adaptive mechanisms of the haloarchaeal genus *Halogeometricum*: spotlight on thiamine biosynthesis. *Front Mar Sci*. 11: 1421769.
- Straková D, Sánchez-Porro C, de la Haba RR, Ventosa A. (2025). Strategies of environmental adaptation in the haloarchaeal genera *Haloarcula* and *Natrinema*. *Microorganisms*. 13: 761. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13040761>
- Vera-Gargallo B, Hernández M, Dumont MG, Ventosa A. (2023). Thrive or survive: prokaryotic life in hypersaline soils. *Environ Microbiome*. 18: 17. <https://doi.org/10.1186/s40793-023-00475-z>