

# Grupo Mikrolker: Genómica y caracterización microbiana

**ADRIÁN SALAZAR SÁNCHEZ, MAIA AZPIAZU MUNIOZGUREN, ELENA VALGAÑÓN, OHIANA RODRIGUEZ, JOSEBA BIKANDI, RODRIGO ALONSO, LORENA LAORDEN, IRATI MARTINEZ MALAX-ETXEBARRIA E ILARGI MARTÍNEZ BALLESTEROS**

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) (España)

✉ [adrian.salazar@ehu.eus](mailto:adrian.salazar@ehu.eus)

## Historia del grupo

El grupo de investigación Mikrolker fue fundado en 2019 en la Facultad de Farmacia de la Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea UPV/EHU (Álava). Desde su creación, el grupo está dirigido por las doctoras Irati Martínez Malax-Etxebarria e Ilargi Martínez Ballesteros, junto con la Dra. Lorena Laorden Muñoz.

Mikrolker centra su actividad en el estudio de microorganismos de relevancia sanitaria, alimentaria y medioambiental, empleando tanto técnicas clásicas de cultivo como metodologías moleculares avanzadas, incluyendo tecnologías de secuenciación masiva. La investigación se aborda desde una perspectiva multidisciplinar. Actualmente, el grupo está conformado por un equipo de profesionales en ciencias experimentales y de la salud, entre los que se encuentran biólogas, farmacéuticas, biotecnólogas y químicas. El objetivo común es la caracterización de microorganismos en sus diversos hábitats, prestando especial atención a su distribución, diversidad y dinámica epidemiológica.

## Principales líneas de investigación

### ➤ Estudio y caracterización de patógenos de origen alimentario y de relevancia clínica

Una de las líneas principales del grupo se centra en la identificación y caracterización de patógenos alimentarios y clínicamente



**Integrantes actuales del grupo Mikrolker.** De izquierda a derecha: Arriba (Joseba Bikandi, Lorena Laorden e Irati Martínez), En medio (Ilargi Martínez y Maia Azpiazu) y Abajo (Elena Valgañón y Adrián Salazar). Ausentes: Ohiana Rodríguez y Rodrigo Alonso.

relevantes. En particular, se trabaja con especies como *Arcobacter* spp., *Salmonella enterica*, *Staphylococcus aureus* y *Pseudomonas aeruginosa*.

Las herramientas de biología molecular nos permiten, como objetivo general del grupo, identificar marcadores epidemiológicos clave, así como genes de resistencia a antimicrobianos y factores de virulencia, contribuyendo así a un mejor entendimiento de la patogénesis, la adaptación al entorno y la evolución de las cepas analizadas.

En esta línea, se lleva trabajando en diferentes proyectos específicos en los cuales destacan: (i) el estudio y la caracterización de factores de virulencia de *Arcobacter* spp. haciendo uso, entre otras, de técnicas de mutagénesis y secuenciación, centrándonos específicamente en el estudio de la formación de biopelículas en *A. butzleri*; (ii) la investigación sobre la formación de biopelículas de *P. aeruginosa* aisladas de pacientes con fibrosis quística y posibles terapias antimicrobianas y coadyuvantes para su eliminación; (iii) el análisis de cepas de *S. aureus* procedentes de leche

cruda, evaluando su capacidad toxigénica y el riesgo asociado a la producción de quesos con dicha leche cruda, centrándonos principalmente en la identificación de posibles marcadores de toxicidad, y posibles terapias para la disminución de estos riesgos como puede ser el uso de fagos; y (iv) el estudio de la capacidad de las amebas en el favorecimiento de la supervivencia y transmisión de enterobacterias en entornos ambientales, principalmente ganaderos.

## ➤ Estudio de la diversidad de microorganismos ambientales

Otra línea estratégica del grupo es el estudio de la diversidad microbiana en entornos naturales, con especial atención al ecosistema salino del Valle Salado de Añana (Álava), una salina continental con actividad económica y un alto valor ecológico.

Para la identificación de la microbiota presente, se emplean tanto técnicas de cultivo tradicionales como enfoques metagenómicos basados en secuenciación masiva. Este enfoque permite determinar la riqueza y diversidad microbiana del ecosistema, así como explorar sus posibles aplicaciones biotecnológicas.

En el marco de esta línea, el grupo ha contribuido a la descripción de nuevas especies bacterianas como *Anianabacter salinae* y *Altererythrobacter muriae*. Además, se investiga el potencial biotecnológico de los microorganismos aislados, con especial interés en la producción de biosurfactantes y compuestos antimicrobianos, abriendo nuevas posibilidades para aplicaciones en la industria farmacéutica, alimentaria y medioambiental.

## Actividades y publicaciones relevantes de los últimos años

Desde su fundación, el grupo Mikrolker ha mostrado una intensa actividad investi-

gadora y formativa. En estos seis años, se han defendido tres tesis doctorales, otras tres se encuentran en fase de redacción, y una más está actualmente en desarrollo. Asimismo, se han llevado a cabo numerosos trabajos de fin de grado y fin de máster con un enfoque experimental. Entre los logros recientes se incluyen varias publicaciones científicas en revistas internacionales indexadas, reflejo del trabajo colaborativo y de calidad que caracteriza al grupo. A continuación, se listan algunas de las publicaciones más relevantes de los últimos tres años:

**Arrieta-Gisasola, A., Martínez-Ballesteros, I., Martínez-Malaxetxebarria, I., Bikandi, J., & Laorden, L.** 2025. Detection of mobile genetic elements conferring resistance to heavy metals in *Salmonella* 4,[5],12:i:- and *Salmonella* Typhimurium serovars and their association with antibiotic resistance. *International Journal of Food Microbiology*, 426.

**Arrieta-Gisasola, A., Martínez-Ballesteros, I., Martínez-Malaxetxebarria, I., Garrido, V., Grilló, M.J., Bikandi, J., & Laorden, L.** 2024. Pan-Genome-Wide Association Study reveals a key role of the salmochelin receptor IroN in the biofilm formation of *Salmonella* Typhimurium and its monophasic variant 4,[5],12:i:-. *International Journal of Food Microbiology*, 419.

**Atxaerandio-Landa, A., Tafat, A., Medina, O. R., Presto, M., Etayo, N., Garaizar, J., Laorden, L., Martínez-Malaxetxebarria, I., & Martínez-Ballesteros, I.** 2025. Genomic profiling and novel vSaβ genomic islands description of enterotoxigenic strains of *Staphylococcus aureus*. *LWT*, 215.

**Azpiazu-Muniozguren, M., García-Martínez, M., Zabaleta, A., Antigüedad, I., Garaizar, J., Laorden, L., Martínez-Malaxetxebarria, I., & Martínez-Ballesteros, I.** 2025. Prokaryotic Diversity and Community Distribution in the Complex Hydrogeological System of the Añana Continental Saltern. *Microbial ecology*, 87(1), 171.

**Baztarrika, I., Martínez-Malaxetxebarria, I., Martínez-Ballesteros, I., &**

**Wösten, M. MSM.** 2025. Human Toll-like receptor activation by pathogenic *Arcobacter* species. *Microbial Pathogenesis*, 198.

**Baztarrika, I., Salazar-Sánchez, A., Laorden, L., Martínez-Ballesteros, I., Alonso, R., & Martínez-Malaxetxebarria, I.** 2024. Foodborne and waterborne *Arcobacter* species exhibit a high virulent activity in Caco-2. *Food Microbiology*, 118.

**Baztarrika, I., Salazar-Sánchez, A., Hernaez Crespo, S., López Mirones, J. I., Canut, A., Alonso, R., Martínez-Ballesteros, I., & Martínez-Malaxetxebarria, I.** 2023. Virulence genotype and phenotype of two clinical isolates of *Arcobacter butzleri* obtained from patients with different pathologies. *Archives of Microbiology*, 205(12).

**Baztarrika, I., Wösten, M. M. S. M., Alonso, R., Martínez-Ballesteros, I., & Martínez-Malaxetxebarria, I.** 2024. Genes involved in the adhesion and invasion of *Arcobacter butzleri*. *Microbial Pathogenesis*, 193.

**Garrido, V., Arrieta-Gisasola, A., Miguera-García, L., Laorden, L., & Grilló, M.J.** 2024. Multidrug resistance in *Salmonella* isolates of swine origin: mobile genetic elements and plasmids associated with cephalosporin resistance with potential transmission to humans. *Applied and Environmental Microbiology*, 90(5).

.....