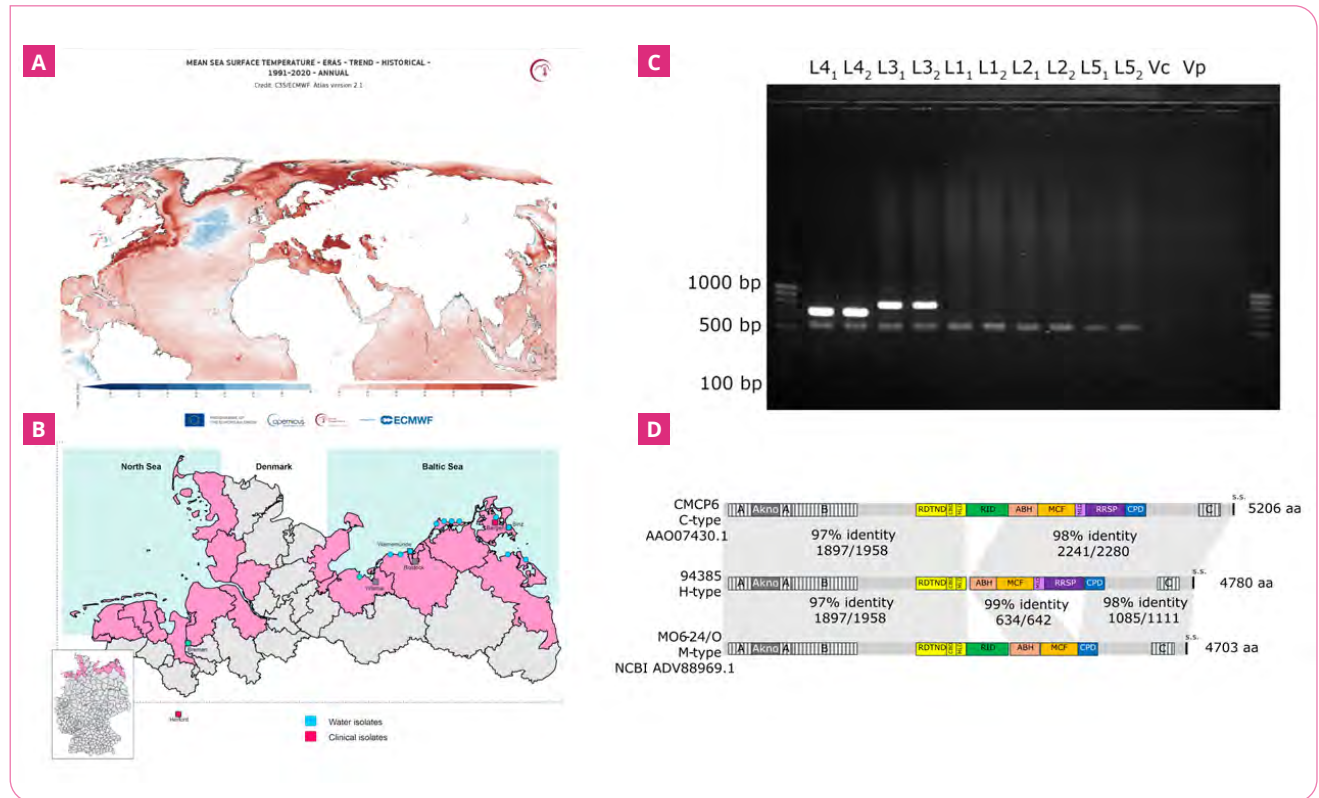


# Emergencia y expansión del linaje europeo L4 de *Vibrio vulnificus*

HÉCTOR CARMONA-SALIDO, RUBÉN SALVADOR-CLAVELL Y CARMEN AMARO\*

Instituto Universitario de Investigación en Biotecnología y Biomedicina, Universitat de València

✉ carmen.amaro@uv.es



**Figura 1.** Mapa climático (A) y principales resultados del estudio (B, C, D). (A) Tendencia histórica de la temperatura superficial del mar (1991–2020). La intensidad del color rojo indica el grado de calentamiento. (B) Distribución geográfica de los nuevos aislados del linaje L4. (C) Resultados representativos de la PCR múltiplex para la identificación del linaje L4 y su discriminación frente a otros linajes de *V. vulnificus* y especies relacionadas: Vc, *V. cholerae*; Vp, *V. parahaemolyticus*. (D) Estructura comparada de las tres variantes de la toxina MARTX encontradas en el linaje 4. Los dominios tóxicos aparecen en código de colores. Se indica el nombre de la cepa (izquierda), el tipo de MARTX identificada y los porcentajes de identidad entre regiones homólogas.

*Vibrio vulnificus* es un patógeno marino zoonótico capaz de causar infecciones graves y sepsis fulminante en personas con factores de riesgo, especialmente sobrecarga de hierro o hepatopatías crónicas. Su distribución geográfica está estrechamente vinculada a la temperatura del agua marina, y el progresivo calentamiento global está favoreciendo la expansión de este microorganismo hacia latitudes más septentrionales (Figura 1A).

En este trabajo analizamos retrospectivamente la evolución y distribución del

linaje europeo L4, previamente considerado minoritario y representado únicamente por dos cepas aisladas en el Mediterráneo occidental en 1994. El análisis filogenómico de 221 aislados clínicos y ambientales recuperados en España y Alemania entre 1994 y 2017 permitió identificar 49 nuevas cepas L4 procedentes del mar Báltico alemán, aisladas entre 2003 y 2017 (Figura 1B). Estos resultados demuestran que un linaje inicialmente detectado en el Mediterráneo occidental estaba ya establecido en ecosistemas del norte de Europa antes del incremen-

to reciente de casos notificados en esa región, en un contexto de calentamiento sostenido de las aguas costeras.

Para facilitar su detección, desarrollamos una PCR múltiplex específica capaz de identificar *V. vulnificus* y discriminar simultáneamente el linaje L4 del L3 (un linaje restringido al Mediterráneo oriental) (Figura 1C). La herramienta mostró una concordancia completa con la asignación filogenómica, lo que la convierte en un instrumento útil para programas de vigilancia ambiental y clínica.

El linaje L4 se caracteriza por una elevada plasticidad genómica. Destaca la notable variabilidad capsular, con catorce genotipos diferentes, así como la presencia de tres arquitecturas distintas de la toxina MARTX. Entre ellas identificamos una nueva variante (tipo H), presente en casi la mitad de las cepas L4 y mayoritariamente en aislados ambientales (Figura 1D). El análisis genómico sugiere que esta variante se originó mediante un evento de recombinación intradominio dentro del gen *rtxA1*, que eliminó regiones implicadas en el control funcional interdominio y dio lugar a una arquitectura compuesta exclusivamente por dominios activos. Esta reorganización estructural podría traducirse en una mayor actividad citotóxica en comparación con la toxina ancestral, aunque su repercusión funcional requiere validación experimental. El predominio de esta variante en cepas ambientales subraya el papel del medio acuático como escenario evolutivo donde pueden generarse nuevas

combinaciones génicas potencialmente más virulentas.

Desde el punto de vista funcional, una proporción significativa de las cepas L4 mostró resistencia a la actividad bactericida del suero humano en condiciones de sobrecarga de hierro, lo que reproduce el principal factor de riesgo asociado a la sepsis y sugiere el potencial septicémico del linaje. Además, uno de los 51 aislados L4 portaba el plásmido de virulencia característico de la patovar *piscis*, extendiendo la presencia de este determinante a los cinco linajes conocidos de la especie.

En conjunto, estos hallazgos muestran cómo la evolución microbiana en el medio ambiente, en un escenario de calentamiento global, puede favorecer la diversificación y expansión de linajes con potencial impacto en salud humana y animal, reforzando la necesidad de abordarlos desde una perspectiva integrada One Health.

## Agradecimientos

El trabajo comentado formó parte del programa ThinkInAzul y fue financiado por el MCIU con fondos de la Unión Europea NextGenerationEU (PRTR-C17.11) y por la Generalitat Valenciana (GVA-THINKINAZUL/2021/027; Investigadoras Principales: C. Amaro y B. Fouz, Universitat de València (UV)). También fue financiado por los proyectos PID2020-120619RB-I00 y PID2024-162627OB-I00, financiados por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MCIU), la Agencia Estatal de Investigación (AEI/10.13039/501100011033) y el FEDER, Unión Europea, así como por los proyectos CIAICO/2021/293 y CIAICO/2024/236, financiados por la Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital (GV, España).

Carmona Salido H., Salvador-Clavell R., Jäckel C., Schulze I., Satchell K. J. F., Hammerl J. A., Amaro C. R. (2025). Emergence, climate-driven expansion, and diversification of a European *Vibrio vulnificus* lineage (L4) with multi-host pathogenic potential. *Emerging Microbes & Infections*, 15(1):2601370. <https://doi.org/10.1080/22221751.2025.2601370>



## 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](mailto:secretaria.sem@semicrobiologia.org)) o a la directora editorial (Magdalena Martínez Cañamero, correo: [canamero@ujaen.es](mailto: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-

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](mailto:secretaria.sem@semicrobiologia.org)) o a la directora editorial (Magdalena Martínez Cañamero, correo: [canamero@ujaen.es](mailto: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.