

XIX TAXON

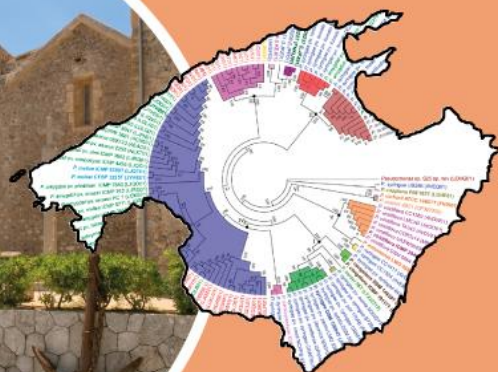
XIX Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad



PROGRAMA Y LIBRO DE COMUNICACIONES

13 al 15 de octubre de 2022

Museo del Mar, Puerto de Sóller (Mallorca)



Universitat
de les Illes Balears

XIX TAXON

XIX Reunión del Grupo de
Taxonomía, Filogenia y
Biodiversidad

Del 13 al 15 de octubre de 2022
Museo del Mar del Puerto de Sóller (Mallorca)

ORGANIZAN:



Universitat
de les Illes Balears



Taxonomía,
Filogenia y
Diversidad

SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA



Fundació
Universitat
Empresa
de les Illes Balears



¹Organització de Congrésos
Fundació Universitat-Empresa
de les Illes Balears

COLABORAN:



Departament de Cultura, Patrimoni
i Política Lingüística
Consell de Mallorca



G CONSELLERIA
O FONS EUROPEUS,
I UNIVERSITAT I CULTURA
B



Ajuntament
de Sóller



biolinea
SERVICIO ÍNTEGRO PARA EL LABORATORIO

vidra FOC

PROGRAMA Y LIBRO DE COMUNICACIONES

**XIX Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y
Biodiversidad de la Sociedad Española de Microbiología**

ÍNDICE

Bienvenida	5
Comité organizador y científico	6
Agradecimientos	7
Esquema del programa	8
Programa detallado	10
Conferencia inaugural	14
Comunicaciones orales	17
Sesión 1	18
Sesión 2	30
Sesión 3	44
Sesión 4	57
Sesión 5	67
Conferencia de clausura	73
Listado de autores y comunicaciones	76
Listado de participantes	78

Es un placer daros la bienvenida a la **Reunión del Grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad** de la Sociedad Española de Microbiología, **TAXON XIX**.

Esperamos que el programa que hemos elaborado resulte atractivo a todos los participantes y de manera especial a los más jóvenes

A lo largo de las diecinueve ediciones del congreso han transcurrido ya 38 años y se ha celebrado en 10 sedes diferentes. En el caso de la UIB es la tercera ocasión en que lo organiza.

Esta ocasión es especial porque volvemos a recuperar el congreso de forma presencial, tras haber realizado la reunión anterior en línea siguiendo las recomendaciones de las autoridades sanitarias y académicas que no nos permitieron realizar el congreso de forma presencial.

La reunión se celebrará en el oratorio de Santa Catalina d'Alexandria, sede del Museo Marítimo de Mallorca en el Puerto de Sóller (Mallorca). El templo fue construido en el siglo XIII, siendo destruido en 1542 por un ataque pirata y reconstruido posteriormente en 1550. El mirador de Santa Catalina ofrece unas vistas panorámicas del Puerto de Sóller y de los acantilados de la Sierra de Tramuntana impresionantes. Es un marco excelente para la realización de reuniones científicas.

Confiamos que estos tres días de reunión alcancen los niveles científicos de excelencia conseguidos en las anteriores. El congreso se ha organizado a lo largo de tres días completos e intensos. El primer día, el 13 de octubre está centrado en el análisis de la diversidad, el segundo día será una sesión íntegramente de taxonomía y filogenia, y por último, el tercer día está programada una visita cultural que permitirá el contacto directo entre todos los asistentes al congreso y recuperar la esencia de las reuniones de grupo. Ojalá consigamos la interacción humana y científica que se ha ido consiguiendo en las ediciones previas.

Esperemos que disfrutéis de la reunión, así como hemos disfrutado nosotros de la organización.

El Comité Organizador

COMITÉ ORGANIZADOR

El comité local de organización está constituido por los siguientes miembros de la Sociedad Española de Microbiología y de la Universitat de les Illes Balears:

Margarita Gomila (directora)

Elena García-Valdés

Jorge Lalucat

Rafael Bosch

Balbina Nogales

Magdalena Mulet

Antonio Busquets

COMITÉ CIENTÍFICO

El comité científico está constituido por los siguientes miembros de la Sociedad Española de Microbiología:

Jesús López Romalde. Universidad de Santiago

David Ruiz-Arahal. Universidad de Valencia

Cristina Sánchez-Porro. Universidad de Sevilla

Margarita Aguilera Gómez. Universidad de Granada

Martha Trujillo. Universidad de Salamanca

Ana Isabel Vela Alonso. Universidad Complutense de Madrid

Margarita Gomila. Universidad de les Illes Balears

AGRADECIMIENTOS

En nombre de los Comités Organizador y Científico queremos agradecer el apoyo recibido de las Juntas Directivas de la SEM y del Grupo de Filogenia, Taxonomía y Diversidad por la confianza depositada en nosotros para la organización por segunda vez consecutiva de esta reunión TAXON XIX.

Agradecemos a la Universidad de las Islas Baleares (UIB) la financiación recibida a través de su programa de Fomento de la Investigación del Vicerrectorado de investigación e Internacionalización para la realización del presente congreso y a la Fundación Universidad-Empresa de las Islas Baleares (FUEIB) a través de UIB Congres por la gestión y organización del mismo.

Finalmente queremos agradecer la ayuda recibida por parte de las empresas Labbox, Biolinea y Vidrafoc, así como del ayuntamiento de Sóller y la Asociación Hotelera de Sóller en la organización del congreso.

ESQUEMA DEL PROGRAMA

Jueves 13 de octubre

09:00 h - 10:30 h	Entrega de documentación
10:30 h - 10:45 h	Inauguración del congreso
10:45 h - 11:30 h	Conferencia inaugural
11:30 h - 12:00 h	<i>Coffee break</i>
12:00 h - 14:00 h	Comunicaciones sesión 1
14:00 h - 16:00 h	Comida de trabajo
16:00 h - 18:40 h	Comunicaciones sesión 2
18:40 h - 19:30 h	Reunión del grupo de Taxonomía, Filogenia y Diversidad
19:30 h	Recepción de bienvenida

Viernes 14 de octubre

09:00 h - 11:40 h	Comunicaciones sesión 3
11:40 h - 12:10 h	<i>Coffee break</i> y discusión abierta sobre la iniciativa SeqCode
12:10 h - 14:10 h	Comunicaciones sesión 4
14:10 h - 16:00 h	Comida de trabajo
16:00 h - 17:20 h	Comunicaciones sesión 5
17:20 h - 18:00 h	Conferencia a cargo del Premio Tesis doctoral
18:00 h - 18:30 h	Clausura y entrega de premios ASM e IJSEM
18:30 h	Fotografía del grupo
19:00 h	Salida programada del tranvía hacia Sóller

19:30 h - 20:30 h Visita cultural

21:00 h Cena en “Restaurante El Guía”

Sábado 15 de octubre

10:00 h-17:30 h Sesiones informales de trabajo en grupos y salida cultural

PROGRAMA DETALLADO

Jueves, 13 de octubre

- 09:00 - 10:30 h** **Entrega de documentación**
- 10:30 - 10:45 h** **Inauguración del congreso**
- 10:45 - 11:30 h** **Conferencia inaugural**
El género *Pseudomonas* como modelo en taxonomía bacteriana:
fenotipo y genotipo
Jorge Lalucat
- 11:30 - 12:00 h** **Coffee break**
- 12:00 - 14:00 h** **Sesión 1**
Moderadores: David Ruiz Arahal y Jesús L. Romalde
- 12:00 h Diversidad bacteriana en ambientes hospitalarios como potenciales reservorios de infecciones nosocomiales
José María Serpa Laço
- 12:20 h Representación de taxones microbianos cultivables inducidos por exposición a xenobióticos en microbiota de niños
María Alejandra Moreno
- 12:40 h Análisis metagenómico de la microbiota intestinal en niños con respecto a la exposición a bisfenol A
Alicia Ruiz Rodríguez
- 13:00 h Estudio de la microbiota intestinal resistente a disruptores endocrinos en población infantil con obesidad y posibles usos
Ana López Moreno
- 13:20 h Diferencias en la diversidad microbiana endófitas de *Vitis vinifera* en plantas infectadas y no infectadas por *Xylella fastidiosa* por métodos dependientes de cultivo
Antonio Busquets
- 13:40 h Explorando la estructura y dinámica de las comunidades bacterianas asociadas a rizosfera y endosfera de cultivos en rotación: de nuevos taxones a consorcios para mejorar el rendimiento y la sostenibilidad agraria
Esther Menéndez
- 14:00 - 16:00 h** **Comida**

16:00 - 18:40 h Sesión 2

Moderadores: Juan Imperial y Martha Trujillo

- 16:00 h Biodiversidad procariota en suelos hipersalinos desde el cultivo y la metagenómica
Cristina Galisteo
- 16:20 h Diversidad microbiana en sedimentos de zonas húmedas de Mallorca
Balbina Nogales
- 16:40 h Characterization of microbial diversity of two abandoned uranium mine sites territories in France
Jaime Gómez Bolívar
- 17:00 h El microbioma de *Lupinus angustifolius*: estructura y función
Maite Ortúzar
- 17:20 h Estudio y multiplicación de levaduras autóctonas adaptadas a las características de uva de las variedades locales
Margarita Gomila
- 17:40 h Estudio del microbioma por métodos dependientes de cultivo de almendros infectados con *Xylella fastidiosa*
Ibai Cano Jiménez
- 18:00 h Caracterización del género *Xylella*, aspectos genéticos y filogenómicos
Guillem Seguí Crespí
- 18:20 h Evaluación de la patogenicidad entre subespecies de *Xylella fastidiosa* en *Nicotiana tabacum*
Maria Cañellas

18:40 - 19:30 h Reunión del grupo de Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad

19:30 h Recepción de bienvenida

Viernes, 14 de octubre

09:00 - 11:40 h Sesión 3

Moderadores: Antonio Ventosa y Margarita Gomila

- 09:00 h Caracterización taxonómica de bacteriófagos aislados en una planta de tratamiento de aguas residuales y análisis del efecto sobre la formación de biopelículas en bacterias clínicas multirresistentes
Jesús López Romalde
- 09:20 h Estrategia de descubrimiento de productos naturales a través de la taxonomía
Raúl Muñoz

- 09:40 h Average Nucleotide Identity (ANI) como herramienta de clasificación taxonómica en el orden *Onygenales*
Alan Omar Granados-Casas
- 10:00 h Identificación taxonómica de consorcios de la microbiota intestinal y sus actividades enzimáticas útiles en biotecnología
Pilar Ortiz
- 10:20 h Poniendo orden en la familia *Halomonadaceae*
Rafael R. de la Haba
- 10:40 h Efectos de un año de evolución en tiempo real en *Stutzerimonas stutzeri*
Guillem Coll García
- 11:00 h Taxonomía de microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano
Fernando Martínez Checa
- 11:20 h Principales novedades en el Código de Nomenclatura de Procariotas: el punto de vista del usuario
David Ruiz Arahál
- 11:40 - 12:10 h Coffee-break y discusión abierta sobre la iniciativa SeqCode**
- 12:10 - 14:10 h Sesión 4**
Moderadores: Fernando Martínez-Checa y Rafael R. de la Haba
- 12:10 h A new endophytic *Aspergillus circumdati* genomospecies isolated from the Canary islands endemism *Bethencourtia palmensis*
Juan Imperial
- 12:30 h Taxogenómica de seis nuevas especies de *Micromonospora* aisladas de leguminosas
Raúl Riesco Jarrin
- 12:50 h Tres especies y un nombre: el caos de *Micromonospora endophytica*
Lorena Carro
- 13:10 h *Parvicella tangerina* gen. nov., sp. nov. y *Parvicellaceae* fam. nov. (*Flavobacteriales*, *Bacteroidota*), primer representante cultivado del clado marino UBA 10066
Maria Jesús Pujalte
- 13:30 h *Pseudomonas callusrubrum* y *P. maioricensis* spp. nov., dos pseudomonas promotoras del crecimiento vegetal aisladas de suelos calcáreos de Mallorca
Rafael Bosch
- 13:50 h *Stutzerimonas decontaminans* sp. nov. aislada de sedimentos marinos y caracterización de los genes implicados en la degradación de naftaleno
Maria Magdalena Mulet

- 14:10 - 16:00 h Comida**
- 16:00 - 17:20 h Sesión 5**
Moderadores: Jorge Lalucat y Maria Jesús Pujalte
- 16:00 h Caracterización de una nueva haloarquea aislada de las salinas de Isla Cristina (Huelva)
Alicia García Roldán
- 16:20 h Characterization of a new species of the genus *Halomicroarcula*
Dáša Straková
- 16:40 h *Spiribacter pallidus* sp. nov., una bacteria halófila aislada de una salina
Maria José León
- 17:00 h *Marinobacter iranensis* sp. nov. una nueva bacteria aislada de un lago hipersalino de Irán
Cristina Sánchez Porro
- 17:20 - 18:00 h Premio a la mejor tesis doctoral – Conferencia de clausura**
Deciphering genomes: Comparative genomic analysis of legume associated Micromonospora
Raúl Riesco Jarrin
- 18:00 - 18:30 h Clausura y entrega de premios ASM e IJSEM**
- 18:30 h Fotografía de grupo**
- 19:00 h Salida programada del tranvía hacia Sóller**
- 19:30 - 20:30 h Visita cultural**
- 21:00 h Cena en “Restaurante el Guía”**

Sábado, 15 de octubre

- 10:00 - 17:30 h Sesiones informales de trabajo en grupos y salida cultural**

CONFERENCIA INAUGURAL

El género *Pseudomonas* como modelo en taxonomía bacteriana: fenotipo y genotipo

Jorge Lalucat^{1,2}

¹ Microbiología, Departament de Biologia, Edifici Guillem Colom, Universitat de les Illes Balears, Campus UIB, 07122 Palma de Mallorca, España

² Microbiología Ambiental, Institut Mediterrani d'Estudis Avançats (IMEDEA, CSIC-UIB), 07190 Esporles Mallorca España

Correo electrónico: jlalucat@uib.es

El género *Pseudomonas* es uno de los primeros nombres que se propusieron en taxonomía bacteriana (Migula en 1894) englobando especies que se habían reconocido previamente como “*Bacterium aeruginosum*” (1872) y “*Bacillus pyocyaneus*” (Gessard, 1882). Es uno de los géneros más diverso y cuenta con el mayor número de especies dentro de las bacterias Gram negativas. Son muy abundantes en todos los ambientes, fáciles de cultivar y con gran diversidad metabólica, por lo que ocupan muchos nichos diferentes en los ambientes naturales, pero también pueden ser comensales o patógenas de humanos, animales y plantas. La taxonomía del género ha evolucionado a medida que nuevas metodologías se han ido implantando en el estudio de sus especies, algunas de ellas desarrolladas en el estudio del género y luego transferidas a otros géneros bacterianos. Los análisis filogenómicos recientes demuestran que la familia *Pseudomonadaceae* contiene muchas especies de *Pseudomonas* que no son monofiléticas con la especie tipo del género, *P. aeruginosa*, por lo que cabe prever la reorganización de la familia incluyendo nuevos géneros. Además de *Azotobacter*, *Azomonas*, *Pseudomonas*, *Entomomonas*, *Oblitimonas*, *Thiopseudomonas* y *Ventosimonas* se pueden diferenciar por lo menos cinco nuevos géneros dentro de las *Pseudomonadáceas* basados en las ramas filogenéticas y en los genes compartidos por las especies dentro de cada género. *Halopseudomonas* y *Stutzerimonas* ya se han propuesto recientemente. En la presente comunicación se analizará la situación taxonómica actual del género y se discutirán las bases genéticas de la diversidad metabólica, funcional y ecológica de las especies de estos nuevos géneros.

Referencias

1. 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. *Systematic and Applied Microbiology* 45: 126289.

2. 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. perfectomarina* and *S. chloritidismutans*. *Microorganisms* 10(7): 1363.

COMUNICACIONES ORALES

Diversidad bacteriana en ambientes hospitalarios como potenciales reservorios de infecciones nosocomiales

José Laço¹, June Zabala¹, Rosa M. Gomila², Maria del Carmen Gallegos³ y Margarita Gomila¹

¹ Microbiología (Dpto. Biología), Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

² Servicios científico-técnicos, Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

³ Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Son Llàtzer, Ctra. de Manacor, 07198 Palma, Islas Baleares

Correo electrónico: j.serpa@uib.es

Las infecciones nosocomiales son un grave problema en todo el mundo. De hecho, se estima que afectan a cerca de 3.1-4.6 millones de personas por año en toda Europa según el *European Centre for Disease Prevention and Control* (ECDC). Además de tener impacto directo en la mortalidad y morbilidad de los pacientes, supone también un impacto económico significativo en los sistemas hospitalarios, siendo este tipo de infecciones un problema bastante presente en la sociedad. Esta situación se torna peor si son causadas por bacterias resistentes a antibióticos, ya que dificultan el tratamiento y prolongan la estancia del paciente en el hospital, pudiendo ser fatal. Estudios anteriores indican que los hospitales son cada vez más un reservorio de organismos capaces de causar este tipo de infecciones, y junto a la gran presión selectiva existente en este medio, principalmente en términos de utilización de antibióticos, constituyen el ambiente perfecto para el establecimiento de estas comunidades, en el que se encuentran patógenos hospitalarios por excelencia, junto con otros residentes en la comunidad, pero con potencial para convertirse en patógenos.

El objetivo de este trabajo es, por tanto, identificar y caracterizar la composición microbiana de ambientes hospitalarios como potenciales reservorios de infecciones nosocomiales. Para ello, se han muestreado y analizado por métodos dependientes de cultivo 5 lugares distintos del Hospital Universitario Son Llàtzer (Mallorca). Las muestras recogidas se sembraron en cinco medios de cultivo distintos, algunos suplementados con antibióticos.

En total se obtuvieron 385 aislados, 190 se aislaron en medios suplementados con antibiótico (44 en agar chocolate suplementado con vancomicina y 146 en medios específicos para resistencia a carbapenems). Todos los aislados se caracterizaron por espectrometría de masas por MALDI-TOF, obteniéndose una buena identificación a nivel de género/especie en 75,8% de los aislados. Una selección de aislados se analizó

mediante amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA para una mejor identificación.

Los resultados muestran una gran diversidad de especies en estos ambientes, siendo las más comunes *Pseudomonas aeruginosa* (30,4 %) y *Stenotrophomonas maltophilia* (14 %). Destaca la presencia de muchas especies de patógenos clínicos claramente reconocidos.

Financiación: Este trabajo ha sido posible gracias al programa de Innovación e investigación Horizonte 2020 de la Unión Europea Marie Skłodowska-Curie (*grant agreement* no. 955626).

Representación de taxones microbianos cultivables inducidos por exposición a xenobióticos en microbiota de niños

María Alejandra Moreno¹, Pilar Ortiz², Ana López-Moreno^{1,2}, Alfonso Torres-Sánchez¹, Antonis Ampatzoglou^{1,2}, Agnieszka Gruszecka-Kosowska^{1,2}, Antonis Ampatzoglou^{1,2}, Alicia Ruiz-Rodríguez^{1,2}, Mercedes Monteoliva-Sánchez^{1,2} y Margarita Aguilera^{1,2}

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, 18071

²Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos “José Mataix” (INYTA), Universidad de Granada, 18016 Granada, España

³Departamento de Bioquímica y Biología Molecular II, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, 18071 Granada, España

Correo electrónico: marialemr@correo.ugr.es y piortiz@ugr.es

La microbiota intestinal tiene capacidad de metabolizar las sustancias que llegan al tracto gastrointestinal dependiendo de su composición en taxones microbianos que vienen definidos por múltiples factores. La toxicomicrobiómica estudia las influencias mutuas entre el microbioma humano en constante cambio y los compuestos xenobióticos de la dieta, con especial atención, los compuestos obesógenos. El arsenal enzimático de los taxones microbianos de la microbiota intestinal humana interindividual puede determinar un papel diferencial clave en la metabolización de compuestos contaminantes de la dieta.

El objetivo principal del trabajo fue conocer qué taxones microbianos de la microbiota intestinal son capaces de crecer, tolerar y/o biodegradar el xenobiótico bisfenol A (BPA) y si se asocian con los perfiles de obesidad.

A una población de estudio inicial de 60 niños, 32 con normo-peso y 28 con sobrepeso u obesidad se le realizaron análisis de su microbiota intestinal por metodologías combinadas independientes de cultivo (Metagenómica V4-16S RNAr) y por cultivo dirigido con BPA.

Los análisis metagenómicos permitieron crear tres grupos bien diferenciados a nivel de filo entre normo-peso sobrepeso y obesidad, siendo respectivamente los siguientes porcentajes: Firmicutes: 59.4%, 82% y 77,6%; Bacteroidetes: 30%, 4.7% y 6%; Actinobacteria 3.6%, 9.8%, 12.8%; Proteobacteria: 1%, 0.5%, y 0.1%; Verrucomicrobia: 0.5%, 0.1%, y 0.3%. Siendo los ratios Firmicutes/Bacteroidetes diferentes de acuerdo al IMC de los individuos, en normo-peso: 2.6, sobrepeso: 49.1 y obesidad 32.2. En los resultados de culturómica dirigida con adición de concentraciones crecientes de BPA se obtuvieron porcentajes mayores de especies cultivables en normo-peso que en obesos, 41% y 24% respectivamente. Las especies comunes identificadas tanto por metagenómica como por culturómica fueron 7 especies, de las cuales se indujo su

crecimiento con BPA de forma diferencial en: *Bacillus subtilis*, *Enterococcus faecalis*, *Clostridium paraprutificum*, *Clostridium perfringens* y *Escherichia coli*.

Referencias

1. López-Moreno A, Ruiz-Moreno Á, Pardo J, Cerk K, Torres A, Ortiz P, Úbeda M, Aguilera, M. 2022. Culturing and Molecular Approaches for Identifying Microbiota Taxa Impacting Children's Obesogenic Phenotypes Related to Xenobiotic Dietary Exposure. *Nutrients* 14: 241.
2. Abdelsalam NA, Ramadan AT, ElRakaiby MT, Aziz RK. 2020. Toxicomicrobiomics: The Human Microbiome vs. Pharmaceutical, Dietary, and Environmental Xenobiotics. *Frontiers in Pharmacology* 11: 390.

Análisis metagenómico de la microbiota intestinal en niños con respecto a la exposición a bisfenol A

Alicia Ruiz-Rodríguez^{1,2,3}, Klara Cerk¹, Ana López-Moreno^{1,2},
Ana Rivas², Mercedes Monteoliva-Sánchez^{1,2}, Antonio Suárez^{2,3} y Margarita
Aguilera^{1,2}

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, 18071

²Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos “José Mataix” (INYTA), Universidad de Granada, 18016

³Departamento de Bioquímica y Biología Molecular II, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, 18071

Correo electrónico: aliruizrodriguez@ugr.es

En los últimos años se está empezado a conocer el papel de la microbiota intestinal como metabolizadora de disruptores endocrinos (DE) y su posible implicación en la obesidad¹. En el presente estudio se ha investigado el impacto de la exposición a bisfenol A (BPA, xenobiótico con efecto obesogénico demostrado) en la microbiota intestinal de niños con diferentes perfiles: normo-peso, sobre-peso y obesidad del Proyecto EFSA OBEMIRISK (n=62). El nivel de exposición a BPA se ha medido en muestras biológicas de los niños mediante HPLC y métodos validados². Para el estudio de la composición de la microbiota intestinal se ha secuenciado la región V4 del gen 16S rRNA. Se han aplicado técnicas de estadística multivariante y cluster jerárquico para el estudio de beta-diversidad. Las diferencias en las abundancias relativas de los taxones se han estudiado con métodos específicos (*metagenomeSeq*).

En el estudio preliminar de estas 62 muestras se han observado diferencias significativas en la estructura de la microbiota intestinal de los niños con respecto a obesidad (Permanova $p < 0.05$, r^2 2.6%), sin embargo, ésta no fue significativamente diferente para los grupos de BPA (Permanova $p > 0.05$, r^2 1.7%). El análisis diferencial de abundancias relativas mostró 2 ASVs (pertenecientes al género *Prevotella*) sobre-representadas en el grupo normopeso y en el grupo con menor exposición a BPA. Como método complementario se realizó un análisis de cluster jerárquico. La asociación entre los perfiles bacterianos y los grupos de BPA no fue significativa (Fisher $p > 0.05$), sin embargo, se observaron perfiles integrados mayoritariamente por muestras pertenecientes a un cierto grupo de BPA y perfil de IMC. En el cluster 2 (caracterizado por una mayor abundancia de *Prevotella*) el 85.7% de las muestras pertenecían al grupo con menor exposición a BPA y eran niños normopeso. A pesar de que la estructura de la microbiota intestinal no se vio afectada significativamente por la exposición a BPA, se observaron diferencias a nivel de ASVs que se confirmaron con el análisis de clusters.

Referencias

1. López-Moreno A, Ruiz-Moreno Á, Pardo J, Cerk K, Torres A, Ortiz P, Úbeda M, Aguilera, M. 2022. Culturing and molecular approaches for identifying microbiota taxa impacting children's obesogenic phenotypes related to xenobiotic dietary exposure. *Nutrients* 14, 241.
2. García-Córcoles MT, Cipa M, Rodríguez-Gómez R, Rivas A, Olea-Serrano F, Vílchez JL, Zafra-Gómez A. 2018. Determination of bisphenols with estrogenic activity in plastic packaged baby food samples using solid-liquid extraction and clean-up with dispersive sorbents followed by gas chromatography tandem mass spectrometry analysis. *Talanta* 178, 441-448.

Estudio de la microbiota intestinal resistente a disruptores endocrinos en población infantil con obesidad y posibles usos

Ana López Moreno^{1,2}, María Alejandra Moreno¹, Rebeca Martín³, Mercedes Monteoliva-Sánchez^{1,2}, Margarita Aguilera^{1,2}

¹ Department of Microbiology, Faculty of Pharmacy, University of Granada, Campus of Cartuja, Granada 18071 Spain

² Institute of Nutrition and Food Technology “José Mataix”, Center of Biomedical Research, University of Granada, 18016 Armilla, Granada, Spain

³ Paris-Saclay University, INRAE, AgroParisTech, Micalis Institute, Jouy-en-Josas, France.

Correo electrónico: alopezm@ugr.es

La prevalencia de sobrepeso y obesidad infantil ha aumentado de forma alarmante en los últimos años, siendo reconocido como uno de los problemas de salud pública más grave a nivel mundial, según la Organización Mundial de la Salud (OMS). De forma paralela, se ha encontrado un aumento de Disruptores Endocrinos (DE) presentes en el ambiente y en la dieta, estos compuestos con carácter obesogénico interfieren en la diversidad microbiana intestinal causando disbiosis. La culturómica ofrece la posibilidad de utilizar aislados microbianos como fuente potencial de probióticos, enzimas y compuestos bioactivos útiles para estudios de intervención y modulación. En este contexto, el objetivo principal fue buscar cepas de la microbiota intestinal humana capaces de tolerar altos niveles de Bisphenol A (BPA), para estudiar su potencial uso como *Next-generation probiotics* (NGP) moduladores de disbiosis causadas por dicho DE.

Se realizó un estudio de culturómica dirigida en 81 muestras fecales de población infantil con normopeso, sobrepeso y obesidad. Posteriormente, se seleccionaron 2 cepas bacterianas para su caracterización taxonómica (*Bacillus* AM1 y *Paeniclostridium* sp.) y para analizar en profundidad su potencial uso probiótico, realizándose ensayos *in vitro* de caracterización fenotípica y fisiológica (perfil SFCA, resistencia a ácidos biliares, pH, antibiograma, API), así como modelos inmunomodulatorios a través de líneas celulares, citotoxicidad y adhesión.

Se han aislaron 333 bacterias con tolerancia a altas concentraciones de BPA usando 25 condiciones de cultivo diferentes. Los géneros más representativos fueron *Enterococcus*, *Bacillus*, *Escherichia*, *Staphylococcus*, y *Clostridium*, con una abundancia relativa cercana al 80% en ambas poblaciones. Sin embargo, las diferencias entre grupos pueden observarse en los géneros minoritarios tolerantes a BPA, siendo algunos de ellos exclusivos de cada grupo poblacional. En cuanto a las cepas con potencial uso probiótico, ambas, de forma individual y conjunta, presentaron actividad antiinflamatoria en los ensayos *in vitro*, así como otras características de interés.

La microbiota intestinal humana puede suponer una fuente de microorganismos beneficiosos para modular ciertas disbiosis microbianas. Sin embargo, su aprobación depende de una rigurosa caracterización taxonómica a nivel de cepa, así como ensayos en modelos *in vitro* e *in vivo* para evaluar su eficacia y seguridad.

Diferencias en la diversidad microbiana endófitas de *Vitis vinifera* en plantas infectadas y no infectadas por *Xylella fastidiosa* por métodos dependientes de cultivo.

Antonio Busquets¹, Maria Cañellas², Rosa M. Gomila¹, Catalina Cabot², Rafael Bosch², Margarita Gomila²

¹ Servicios Científico Técnicos, Universitat de les Illes Balears, Ctra. de Valldemossa km 7.5, 07122, Palma, España

² Departamento de Biología, Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122, Palma, España

Correo electrónico: toni.busquets@uib.es

Con el objetivo de estudiar la posible interacción de la biodiversidad procariota presente en el xilema de la vid (*Vitis vinifera*) en la transmisión y/o progresión de la infección de *Xylella fastidiosa* se recogieron muestras de savia bruta directamente de la vid aprovechando el lloro del viñedo de plantas positivas y negativas de dos variedades de uva diferentes, Manto negro y Cabernet Sauvignon, en el mes de marzo de 2021. Cada una de las muestras se sembraron en cuatro medios de cultivo diferentes, agar R2A, agar nutritivo, agar cetrímide y KingA.

En total se obtuvieron 1114 aislados, 692 recuperados de Manto negro y 421 de Cabernet-Sauvignon. Todos los aislados, una vez obtenido cultivo puro, se agruparon mediante espectrometría de masas por MALDI-TOF y los grupos se identificaron mediante secuenciación parcial del gen RNAr 16S. Los resultados preliminares muestran que no hay diferencias significativas en el número de aislados obtenidos entre las dos variedades estudiadas en ninguno de los diferentes medios utilizados. Las plantas positivas para *X. fastidiosa* presentan un incremento del 60 % de aislados respecto a las negativas. Los géneros más abundantes son *Frigobacterium*, *Sphingomonas*, *Curtobacterium* y *Kineococcus* representando el 74 % del total. Todos ellos están presentes en las dos variedades estudiadas tanto en plantas positivas como negativas.

Los resultados preliminares muestran grupos específicos para cada una de las variedades, así como grupos específicos de las plantas negativas, sugiriendo la necesidad de realizar un análisis más exhaustivo, sobre todo de las especies de este último grupo para evaluar su papel como potenciales agentes de biocontrol.

Financiación: Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto E-RTA2017-00004-04 (Desarrollo de estrategias de erradicación, contención y control de en España) del Programa Estatal de I + D + I Orientada a los Retos de la Sociedad del Gobierno de

España cofinanciado con fondos FEDER y el proyecto PID2020-119449RB-I00 financiado por MICIN/AEI 10.13039/501100011033.

Explorando la estructura y dinámica de las comunidades bacterianas asociadas a rizosfera y endosfera de cultivos en rotación: de nuevos taxones a consorcios para mejorar el rendimiento y la sostenibilidad agraria

Daniel Espinosa-Saiz¹, Francisco Paniagua-Gallego¹, Miquel Nicolau-Gayá¹, Victor Martínez-Mas¹, Pedro F. Mateos^{1,2}, Encarna Velázquez^{1,2}, Paula García-Fraile^{1,2}, Zaki Saati-Santamaría¹ y Esther Menéndez^{1,3}

¹Departamento de Microbiología y Genética & Instituto Hispanoluso de Investigaciones Agrarias (CIALE), Universidad de Salamanca, Salamanca, España

² Unidad Asociada Grupo de Interacción Planta-Microorganismo, Universidad de Salamanca-IRNASA-CSIC, Salamanca, España

³ MED – Mediterranean Institute for Agriculture, Environment and Development & CHANGE – Global Change and Sustainability Institute, Institute for Advanced Studies and Research, Universidade de Évora, Pólo da Mitra, Évora, Portugal.

Correo electrónico: esthermenendez@usal.es

La gestión de microbiomas en suelos agrícolas que están sometidos a rotación de cultivos resulta una buena práctica que impulsa la presencia de taxones bacterianos funcionalmente relevantes y mejora el crecimiento, desarrollo y rendimiento de los cultivos. La aplicación como bioinoculantes de cepas nativas de dichos sistemas agrícolas contribuye a su sostenibilidad y reduce el uso de fertilizantes químicos, de los cuales son conocidas sus diversas implicaciones negativas. En este estudio, hemos analizado las comunidades bacterianas asociadas a la rizosfera y la endosfera de cultivos de colza (*Brassica napus* L.) que se encontraba precedida de trigo (*Triticum aestivum* L.) en rotación en suelos agrícolas de secano y de regadío localizados en Castilla y León. Mediante un abordaje multidisciplinar en el que se han combinado secuenciación masiva de amplicones y técnicas de identificación y caracterización microbiológica clásica, se ha determinado la estructura de la microbiota bacteriana asociada a colza y se ha establecido la dinámica de estas comunidades a lo largo de su cultivo. El análisis de amplicones reveló que los taxones más abundantes pertenecen a los filos Proteobacteria (orden Rhizobiales) y Actinobacteria (órdenes Rubrobacterales y Micrococcales). Cabe destacar la abundancia relativa de aqueas de la familia Nitrososphaeraceae. Los géneros bacterianos más abundantes fueron *Rubrobacter* y *Skermanella*, seguidos de *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Microvirga* y *Pantoea*, entre otros. Además, se han aislado, identificado y caracterizado cepas bacterianas asociadas a rizosfera y endosfera pertenecientes a varios de estos géneros, encontrando varios aislados que potencialmente constituyen nuevas especies o incluso, nuevos géneros. Algunos de estos aislados se combinarán formando consorcios y se formularán como potenciales biofertilizantes para su aplicación en suelos agrícolas con rotaciones colza-cereal con el fin de mejorar la productividad de

la rotación en condiciones adversas y de mantener la salud y sostenibilidad de dichos suelos.

Financiación: Este trabajo está financiado por el programa EU HORIZON 2020 Marie Skłodowska Curie Actions (Grant Agreement nº 897795). Los autores agradecen a la Unidad de Excelencia Agrienvironment (CLU-2018-04) del Instituto Hispánico de Investigaciones Agrarias (CIALE).

Biodiversidad procariota en suelos hipersalinos desde el cultivo y la metagenómica

Cristina Galisteo¹, Rafael R. de la Haba¹, Fernando Puente-Sánchez², Cristina Sánchez-Porro¹ y Antonio Ventosa¹

¹Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, Sevilla, España

²Department of Aquatic Sciences and Assessment, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden

Correo electrónico: crigalgomez@us.es

Tradicionalmente, los estudios sobre biodiversidad de microorganismos halófilos se han centrado en ambientes acuáticos, como son las salinas y los lagos salados. Sin embargo, investigaciones recientes han puesto de manifiesto la extensa diversidad procariota presente en los suelos hipersalinos (Vera-Gargallo y Ventosa, 2018).

Este trabajo tiene como objetivo el análisis de la diversidad de arqueas y bacterias en los suelos hipersalinos situados en la Reserva Natural de las Marismas del Odiel, Huelva, mediante una doble aproximación: dependiente e independiente de cultivo. Para ello, se realizaron un total de tres muestreos en años consecutivos, seleccionándose tres áreas de estudio, con tres subáreas por cada una. Para evaluar la influencia de la composición y las características fisicoquímicas de dicho ambiente sobre la diversidad procariota, se midieron distintos parámetros fisicoquímicos, como la conductividad, el pH, o la concentración de metales pesados.

El enfoque dependiente de cultivo consistió en un extenso trabajo de aislamiento de microorganismos procariotas considerando diferentes condiciones y medios de cultivo, que posteriormente se identificaron a nivel de género mediante la amplificación y secuenciación total y/o parcial del gen ARNr 16S. Aquellas cepas que presentaron un valor de similitud inferior al 98,65 % respecto a especies previamente descritas se seleccionaron para su caracterización y estudio taxonómico en profundidad.

Los estudios independientes de cultivo se basaron en la secuenciación y análisis de metagenomas *shotgun* obtenidos mediante la tecnología Illumina NovaSeq PE150 a partir de las 18 muestras de suelos hipersalinos. La comparación de los resultados de los datos metagenómicos con los datos obtenidos mediante cultivo nos ha permitido concluir que ambas aproximaciones son necesarias y complementarias para caracterizar correctamente la compleja diversidad de los suelos salinos estudiados.

Referencias

1. Vera-Gargallo B, Ventosa A. 2018. Metagenomic insights into the phylogenetic and metabolic diversity of the prokaryotic community dwelling in hypersaline soils from the Odiel Saltmarshes (SW Spain). *Genes* 9: 152.

Financiación: Este estudio ha sido financiado por proyectos del Ministerio de Innovación y Ciencia/AEI (PID2020-118136GB-I00) y de la Junta de Andalucía (P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.

Diversidad microbiana en sedimentos de zonas húmedas de Mallorca

Balbina Nogales¹, Mégane Noyer², Pamela J. Colman-Vega¹, Clélia Duran², Christine Dupuy³, François-Xavier Robin⁴, Hélène Agogué³, Olivier Phillipine⁴, Olga Lage⁵, Isabelle Vitte⁶, José Catita⁷, Rafael Bosch¹, Manuel Acevedo⁸, Khalid Fahd⁹, Olivier Zaouak¹⁰, Javier Hernández¹¹, Robert Duran², Cristiana Cravo-Laureau²

¹ *Universitat de les Illes Balears*

² *Université de Pau et Pays de l'Adour*

³ *Université de La Rochelle*

⁴ *Union des marais de la Charente Maritime*

⁵ *Universidade de Porto*

⁶ *Laboratoires des Pyrénées et des Landes*

⁷ *PARALAB SA*

⁸ *Diputación Provincial de Huelva*

⁹ *Fundación Pública Andaluza Centro de las Nuevas Tecnologías del Agua*

¹⁰ *Aquitaine Science Transfert*

¹¹ *Mancomunidad de Municipios Sostenibles de Cantabria*

Correo electrónico: bnogales@uib.es

Este estudio es la primera fase de un proyecto internacional que tiene como objetivo la definición de bioindicadores microbianos del estado de comunidades de zonas húmedas del Suroeste de Europa (Francia, Portugal y España). Se han caracterizado comunidades microbianas de sedimentos de zonas húmedas mediante secuenciación de amplicones de genes ribosómicos y análisis de variaciones en secuencia (ASV). Así mismo, se han determinado parámetros físico-químicos, nutrientes y contaminantes. En Mallorca se ha muestreado en el Parque Natural de S'Albufera y en la Reserva Natural de S'Albufereta, las principales zonas húmedas de la isla. Las muestras se seleccionaron en base a localización, características e impacto antropogénico que recibían. Las comunidades microbianas presentaron una diversidad alta. Se determinaron quince filos predominantes que estaban presentes en todas las muestras, con variaciones proporción y en la composición de géneros dentro de cada filo. La correlación de los resultados del análisis de amplicones con los parámetros ambientales evidenció la importancia de algunos factores en la composición de las comunidades. Entre estos estaban la salinidad, la carga orgánica, y la concentración de nutrientes y metales pesados. Por esta razón parece viable poder formular un bioindicador del estado de las comunidades, bien sea basado en la definición de una lista de posibles géneros microbianos indicadores de buen o mal estado ecológico o bien de características emergentes de las comunidades. Los resultados de las zonas húmedas de Mallorca junto con los que se han obtenido en otras zonas de características similares (mediterráneas) o diferentes (atlánticas), junto con la realización de experimentos en microcosmos de laboratorio sometidos a diferentes perturbaciones ayudarán en la definición de estos bioindicadores.

Financiación: Proyecto BIOMIC. Interreg SUDOE (SOE4/P1/F0993)

Agradecimientos: Director y personal del Parque Natural de S'Albufera de Mallorca. Dirección General de Espacios Naturales y Biodiversidad, Gobierno de las Islas Baleares.

Characterization of microbial diversity of two abandoned uranium mine sites territories in France

Jaime Gomez-Bolivar¹, Virginie Chapon², Pascale Henner³, Frederic Coppin³, Jacques Bourguignon⁴, Stephane Ravanel⁴, Mireille Del Nero⁵, Olivier Courson⁵, Mohamed Merroun¹, Laureline Février².

¹ Department of Microbiology, Faculty of Sciences, University of Granada, Granada, Spain.

²UMR7265-CEA-CNRS-AMU, DRF-BIAM, CEA Cadarache, Cité des Énergies, 13115 St Paul lez Durance, France.

³IRSN, PSE-ENV/SRTE/LR2T, B.P.3, 13115 Saint Paul-lez-Durance, France.

⁴CEA-Univ. Grenoble Alpes-CNRS (UMR5168)-INRAE (UMR1417), LPCV, 17 av. des Martyrs, 38000 Grenoble

⁵UMR7178-CNRS-Univ. Strasbourg, IPHC, 23 Loess, BP28, 67037 Strasbourg, Germany.

Correo electrónico: jagobo@ugr.es

Influence of microbial communities on uranium behavior in the environment, including uranium mining sites, has been previously demonstrated [1]. They form close relationships with plants, especially at the rhizosphere level where they form the microbiome. Conversely, bacteria interact with uranium in different ways that can modulate its speciation through different mechanisms such as reduction or oxidation, sorption, precipitation and mineralization, thus playing a role in its mobility and transfer.

As part of the INSPECT (NEEDS) and RadoNorm (H2020) projects, the goal of this project is to estimate the contribution of rhizosphere microorganisms in the transfer of uranium to plants and to establish the distribution of uranium in the system tripartite soil/plant/microorganisms. For this, a preliminary analysis of the structure and diversity of bacterial and fungal communities in the soil, rhizosphere and roots of plants sampled in 2 abandoned uranium mine sites in France was undertaken.

References

1. Francis A. 1998. Biotransformation of uranium and other actinides in radioactive wastes. *Journal of Alloys and Compounds* 271-273, 78-84.

El microbioma de *Lupinus angustifolius*: estructura y función

Maite Ortúzar, Raúl Riesco y Martha E Trujillo

Departamento de Microbiología y Genética, Edificio Departamental, Universidad de Salamanca, Salamanca, España.

Correo electrónico: maiteortuzar@usal.es

Lupinus angustifolius es una planta cosmopolita de gran interés en la agricultura debido a su valor nutricional tanto para los animales como para los seres humanos. La identificación del microbioma de las plantas es fundamental para entender las interacciones planta-microorganismo y la supervivencia de la planta. Los datos del metagenoma proporcionan información útil sobre los grupos microbianos clave que pueden utilizarse para promover el crecimiento de las plantas y, ayudar a resolver el reto planteado por un aumento en la productividad de los cultivos derivado de un elevado crecimiento demográfico, el desarrollo económico y el cambio climático. Este trabajo fue diseñado para estudiar el microbioma bacteriano de la planta *L. angustifolius*, así como del suelo donde crece de forma silvestre. Se recogieron muestras en dos localidades diferentes de España durante las cuatro estaciones climáticas (primavera, verano, otoño e invierno). Se hicieron perfiles genéticos bacterianos basados en el gen ARNr 16S de las distintas partes de la planta: rizosfera, raíces, nódulos y hojas; y el suelo. La información derivada de los correspondientes metagenomas se utilizó para diseñar protocolos de aislamiento de los taxones más abundantes.

El microbioma bacteriano del suelo donde *L. angustifolius* crece de forma silvestre está muy influenciado por las propiedades físico-químicas de los suelos. Los metagenomas indicaron que dentro de una misma planta dependiendo del tejido que se estudie, la diversidad bacteriana varía mucho independientemente de la estación de muestreo. Además, pudo observarse que aquellas bacterias que tienen capacidad de producir esporas aumentan su proporción en invierno y verano, debido a que les confieren resistencia para prosperar en ambientes más extremos. El microbioma cultivable confirmó que el mayor número de cepas aisladas de las diferentes partes de la planta y el suelo, coincidían con los géneros más abundantes en el análisis metagenómico.

Estudio y multiplicación de levaduras autóctonas adaptadas a las características de uva de las variedades locales

Margarita Gomila¹, Antonio Busquets², Guillem Seguí¹, Rosa Maria Gomila², Andreu Oliver³, Araceli Servera⁴, Antoni Bennàsar⁵, Jorge Lalucat¹

¹ Microbiología (Dpto. Biología), Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

² Servicios científico-técnicos, Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

³ Can Majoral SAT, Carrero des Campanar, 07210 Algaida, Islas Baleares.

⁴ Bodega Ribas, Carrer de Muntanya 2, 07330 Consell, Islas Baleares

⁵ Fisiología Vegetal, Dpto. Biología), Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

Correo electrónico: marga.gomila@uib.es

Las levaduras, junto con otros microorganismos, intervienen en las reacciones bioquímicas que transforman el mosto de la uva en vino. El proceso principal que realizan es la fermentación alcohólica, aunque también son las responsables de otorgar diferentes características organolépticas al vino. Cada zona productora de vino, posee sus propias cepas de levaduras autóctonas que se han adaptado a las características de la zona, aportándoles características únicas y diferenciales. Por este motivo, resulta interesante conocer la diversidad de especies de levaduras presentes en las diferentes variedades de uva.

En un estudio realizado con diferentes bodegas de Mallorca se evaluaron las levaduras enológicas de diferentes variedades de uva (callet, mantonegro, premsal y giro-ros) y se determinó el potencial de algunas de ellas en el proceso de vinificación. Se analizaron y cultivaron alrededor de 2000 levaduras indígenas obtenidas de diversas viñas de Mallorca que se clasificaron e identificaron por espectroscopia de masas por MALDI-TOF y el análisis del gen intergénico ITS. Se identificaron distintos géneros de levaduras como las especies *Saccharomyces cerevisiae*, *Hanseniospora uvarum*, o *Metschnikowia pulcherrima*,

A partir de estos resultados se seleccionaron 44 levaduras, representativas de la diversidad encontrada para un análisis más exhaustivo, bioquímico y fenotípico, así como para evaluar su potencial como posibles *starters* para elaborar vino de calidad y con singularidad, midiendo la producción de alcohol a lo largo del proceso de fermentación y la resistencia de estos al mismo alcohol.

A su vez se selección una serie de levaduras para realizar fermentaciones a nivel industrial. Estos análisis muestran resultados prometedores, con buenas perspectivas para conseguir vinos con las características diferenciales y de calidad respecto a las levaduras comerciales

Financiación: Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto “Métodos rápidos de identificación de levaduras enológicas de Mallorca, selección de cepas adecuadas para el proceso de vinificación (PROCOE/8/2017)” financiado por la Dirección General de Innovación e Investigación (Vicepresidencia y Consejería de Innovación, Investigación y Turismo, Gobierno Balear), así como por fondos FEDER, y por el programa de apoyo universitario a la innovación de PIMES (programa ACCELERA), proyectos R+D científico.

Estudio del microbioma por métodos dependientes de cultivo de almendros infectados con *Xylella fastidiosa*

Ibai Cano¹, Magdalena Mulet¹, Antonio Busquets², Jorge Lalucat¹, Elena García-Valdés¹ y Margarita Gomila¹

¹ Microbiología (Dpto. Biología), Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

² Servicios científico-técnicos, Universidad de las Islas Baleares, Ctra. de Valldemossa km 7,5, 07122 Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

Correo electrónico: ibcaji@gmail.com

El cultivo de almendro, *Prunus dulcis* (Mill.) D. A. Webb, es de gran importancia global y especialmente en Baleares, donde también es considerado un símbolo histórico-cultural del paisaje rural. Sin embargo, en las últimas décadas se ha dado un descenso de la producción y población de *P. dulcis*. La causa de esta tendencia se atribuye a la infección por *Xylella fastidiosa*. *X. fastidiosa* es una bacteria patógena que obstruye el xilema de numerosas plantas. Actualmente, no se conoce todavía ningún tratamiento efectivo. Las últimas investigaciones se han enfocado en la endosfera de las plantas infectadas para conocer cómo modula el patógeno en la comunidad microbiana nativa y para aislar posibles agentes de biocontrol. Sin embargo, existe un vacío de conocimiento en *P. dulcis*.

Con el fin de estudiar las diferencias en la endosfera de variedades de *P. dulcis* resistentes y sensibles a la infección de *X. fastidiosa*, se analizaron muestras de hoja de árboles diagnosticados previamente como positivos y negativos en *X. fastidiosa* recogidas en el mes de noviembre del 2021. Las muestras se sembraron en distintos medios de cultivo y tras el recuento de número de unidades formadoras de colonias se seleccionaron los aislados más representativos para un análisis más exhaustivo. Estos aislados fueron analizados e identificados por espectrometría de masas MALDI-TOF, y confirmados mediante el análisis de la secuencia del gen ARNr 16S.

Los resultados identificaron más de 15 taxones diferentes, siendo la especie *Pantoea agglomerans* el endófito más abundante en todas las variedades de *P. dulcis*. A pesar de que los resultados obtenidos no permiten encontrar diferencias en la abundancia, composición y diversidad entre variedades *P. dulcis* sensibles y resistentes, si se han identificado especies que podrían actuar como posibles agentes de biocontrol contra *X. fastidiosa*.

Financiación: Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto PID2020-119449RB-I00 financiado por MICIN/AEI 10.13039/501100011033. Ibai Cano dispone de un contrato

de personal investigador (SOIB investigo) incluido en el plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia, financiado por la Unión Europea NextGeneration_EU.

Caracterización del género *Xylella*, aspectos genéticos y filogenómicos

Guillem Seguí¹, Antonio Busquets² y Margarita Gomila¹

¹ Microbiología (Dpto. Biología), Universidad de les Illes Balears, Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

² Serveis Científic-tècnics, Universidad de les Illes Balears, Palma de Mallorca, Islas Baleares, España

Correo electrónico: g.segui@uib.es

El género *Xylella* (clase *Gammaproteobacteria*, familia *Xanthomonadaceae*) incluye dos especies distintas *X. taiwanensis* y *X. fastidiosa*. Esta última se describió en 1987 y actualmente está dividida en seis subespecies (*fastidiosa*, *morus*, *multiplex*, *sandyi*, *pauca* y *tashke*), aunque solamente las subespecies *fastidiosa*, *multiplex* y *pauca* están válidamente descritas. A su vez dentro de esta especie se han descrito 90 secuetipos distintos, cuatro de los cuales se han identificado en las Islas Baleares: ST1 (subsp. *fastidiosa*), ST7 y ST81 (subsp. *multiplex*) y ST80 (subsp. *pauca*). Los dos últimos descritos por primera vez en las islas. Aunque el origen de *X. fastidiosa* sea el continente americano, se ha detectado en diferentes países de la Unión Europea generando pérdidas millonarias en el sector agrícola y con importantes repercusiones medioambientales.

Con el objetivo de caracterizar genómicamente las distintas subespecies descritas, esclarecer su variabilidad genética y su diferente virulencia, e inferir la filogenia del género *Xylella*, se compararon *in silico* 177 genomas de las dos especies descritas mediante herramientas digitales como el ANIb, a la vez que se realizó un análisis filogenómico exhaustivo del core y el pangenoma. Se estudiaron también de forma individualizada diferentes genes relacionados con la presencia de fagos, la motilidad y virulencia, incluyendo los genes que constituyen el pili tipo IV.

Todos los análisis permiten distinguir claramente las diferentes subespecies y secuetipos descritos hasta el momento. El análisis de los más de 75 genes seleccionados muestra diferencias claras entre las distintas especies, así como pequeñas diferencias en algunos genes concretos entre las subespecies. Estas ligeras diferencias podrían relacionarse con la diferente virulencia que muestran tanto cepas como subespecies.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos E-RTA2017-00004-04 (Desarrollo de estrategias de erradicación, contención y control de *X. fastidiosa* en España) del Programa Estatal de I + D + I Orientada a los Retos de la Sociedad del Gobierno de España cofinanciado con fondos FEDER, con un contrato de investigación y desarrollo con la Organización Profesional del Aceite de Oliva Español para desarrollar estrategias de prevención, erradicación, contención y control de *X. fastidiosa* en olivo en España y un contrato con el Gobierno de las Islas Baleares – Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca.

Evaluación de la patogenicidad entre subespecies de *Xylella fastidiosa* en *Nicotiana tabacum* L.

Maria Cañellas¹, Bàrbara M. Quetglas¹, Antonio Busquets¹, Rafael Bosch^{1,2}, Catalina Cabot¹, Margarita Gomila¹

¹Departamento de Biología, Universitat de les Illes Balears, Palma de Mallorca, España.

²IMEDEA (CSIC-UIB), Universitat de les Illes Balears, Palma de Mallorca, España.

Correo electrónico: maria.canellas@uib.es

Xylella fastidiosa es un fitopatógeno emergente en la Unión Europea, que constituye una gran amenaza para la agricultura europea y mediterránea, siendo capaz de infectar diferentes cultivos vegetales. Este patógeno de cuarentena causa una obstrucción del flujo xilemático impidiendo la circulación de savia bruta.

En este estudio, se evaluó el grado de patogenicidad y afección de *X. fastidiosa* en plantas modelo de tabaco, *Nicotiana tabacum* L., así como el progreso de la infección analizando los efectos sobre la fisiología de la planta y la correlación entre la sintomatología y el grado de infección. Dos meses después de su germinación, se inoculó el peciolo de la cuarta hoja desde el cuello de la planta con cepas diferentes, previamente estudiadas, de las subespecies *fastidiosa* (*Xff*, 8 cepas) y *multiplex* (*Xfm*, 10 cepas). Las plantas se muestrearon al alcanzar la antesis y la presencia de *X. fastidiosa* se cuantificó en tres hojas localizadas a diferente distancia del punto de infección y de las raíces mediante una PCR a tiempo real. La presencia de la bacteria disminuyó en hojas jóvenes y fue menor en plantas inoculadas con *Xfm*, aunque en las raíces se encontraban ambas subespecies siempre presentes.

A partir del diagnóstico obtenido del fitopatógeno en *N. tabacum* L., se seleccionaron distintas cepas que mostraron diferentes sintomatologías para realizar el análisis integral de la expresión génica caracterizar las proteínas y su función. El análisis se realizó considerando diferentes condiciones (tiempo 0 y 48 horas) sometido las cepas con ácido salicílico, ácido jasmónico y ácido abscísico.

Los resultados preliminares apuntan a que *Xfm* tiene una menor capacidad de colonización que *Xff* en plantas de tabaco, mostrando las plantas infectadas con *Xff* unos síntomas más severos de enfermedad.

Financiación: Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto E-RTA2017-00004-04 (Desarrollo de estrategias de erradicación, contención y control de *X. fastidiosa* en España) del Programa Estatal de I + D + I Orientada a los Retos de la Sociedad del Gobierno de España cofinanciado con fondos FEDER y al proyecto PID2020-119449RB-

loo financiado por MICIN/AEI 10.13039/501100011033. Además de un contrato con el Gobierno de las Islas Baleares – Consejería de Medio Ambiente, Agricultura y Pesca.

Caracterización taxonómica de bacteriófagos aislados en una planta de tratamiento de aguas residuales y análisis del efecto sobre la formación de biopelículas en bacterias clínicas multirresistentes.

Marco Pardo¹, Aide Lasa¹, Alberto Lema¹, Sabela Balboa^{1,2}, Jesús L. Romalde^{1,2}

¹ Departamento de Microbiología y Parasitología, CIBUS-Facultad de Biología, Universidade de Santiago de Compostela.

²CRETUS, Universidade de Santiago de Compostela.

Correo electrónico: jesus.romalde@usc.es

El aumento progresivo de las resistencias a antibióticos en bacterias de interés clínico ha propiciado el desarrollo de tratamientos alternativos. En este sentido, y ante las escasas perspectivas de desarrollo de nuevos antibióticos, los bacteriófagos se están reconsiderando actualmente como terapia alternativa. Además de solventar este problema, la terapia con fagos presenta la ventaja adicional de la especificidad, dejando intacta la microbiota natural humana al contrario de lo que ocurre con los antibióticos. En este trabajo se presenta el análisis taxonómico y de especificidad de tres bacteriófagos aislados en una planta de tratamiento de aguas residuales frente a un grupo de bacterias multirresistentes, aisladas durante el mismo período de muestreo.

La caracterización de estos tres bacteriófagos se inició con el estudio estructural a través de microscopía electrónica y el análisis genómico. Se obtuvieron los genomas completos de los tres bacteriófagos mediante Illumina, se realizó el ensamblaje “de novo” y se realizó el análisis taxonómico y de anotación de secuencias. Los resultados de microscopía electrónica y de secuenciación situaron a los bacteriófagos estudiados dentro del Orden *Caudovirales*, familia *Siphoviridae*. Los fagos seleccionados mostraron capacidad infectiva frente a *Pseudomonas* sp., *S. maltophilia* y, especialmente, *K. pneumoniae*. En los ensayos de inhibición de formación de biopelícula de las bacterias susceptibles, se observó en *Pseudomonas* sp. una reducción estadísticamente significativa a las 24 horas de incubación con cada uno de los fagos, mientras que en *A. media* esta reducción se observó a las 6 y 18 horas. Por su parte, la capacidad en la producción de biopelícula de *K. pneumoniae* se vio reducida a las 18 horas. Son necesarios más estudios para confirmar la utilidad de estos fagos como medida para la eliminación de bacterias resistentes en las plantas de tratamiento de aguas residuales.

Estrategia de Descubrimiento de Productos Naturales a través de la Taxonomía

Raúl Muñoz, F. de la Calle, M.P. Martínez-Viedma, P. Zúñiga

I+D Microbiología, Pharma Mar S.A, Av. De Los Reyes 1, 28770 Colmenar Viejo, Madrid.

Correo electrónico: rmunoz@pharmamar.com

Cada vez es más difícil encontrar un compuesto activo nuevo en el actual proceso de descubrimiento de fármacos a partir de cultivos bacterianos (Hemmerling & Piel, 2022). El principal reto del descubrimiento de nuevos compuestos bioactivos de origen marino es evitar la repetición de moléculas ya conocidas además de poder incrementar la biodiversidad bacteriana “cultivable”. Por ello, es necesario aplicar nuevas tecnologías que nos permitan avanzar en la identificación de nuevas estructuras a partir de microorganismos inusuales.

PharmaMar S.A. cuenta con una colección de más de 200.000 microorganismos de los que alrededor del 17% han sido caracterizados por taxonomía del ADN ribosomal 16S y por su capacidad de producir compuestos con actividad antitumoral.

Con el objetivo de incrementar el descubrimiento de nuevos antitumorales de microorganismos marinos, en el departamento de Microbiología de I+D se ha desarrollado una estrategia que usa la combinación de taxonomía y exploración genómica. Por un lado, se hace un cribado de descarte de aquellos géneros que originan productos naturales ya conocidos a través de técnicas de Biología molecular (qPCR). Y por otro, la exploración genómica de agrupaciones génicas de metabolitos secundarios (PKS y NRPS) (Thissera et al. 2022).

El análisis taxonómico nos permitirá además construir nuestra propia base de datos genómica para explorar la evolución y dispersión de estos genes codificantes para mejorar nuestra capacidad de aislar, seleccionar e inducir el cultivo de cepas de interés.

NRPs (*Non-ribosomal peptide synthases*); PKS (*Polyketide synthetase*)

Referencias

1. Hemmerling F, Piel J. 2022. Strategies to access biosynthetic novelty in bacterial genomes for drug discovery. *Nature Reviews Drug Discovery* **21**, 359–378
2. Thissera B, Sayed AM, Hassan HM, Abdelmohsen UR, Ebel R, Jaspars M, Rateb ME. 2022. The Hidden Treasure: Marine Microbiome as Repository of Bioactive Compounds. In: Stal, L.J., Cretoiu, M.S. (eds) *The Marine Microbiome*. The

Microbiomes of Humans, Animals, Plants, and the Environment, vol 3.
Springer, Cham

Average Nucleotide Identity (ANI) como herramienta de clasificación taxonómica en el orden Onygenales

Alan Omar Granados-Casas, Angie Paola Sastoque Martínez, Ana Fernández-Bravo, Alberto Miguel Stchigel, José Francisco Cano-Lira

Unidad de Microbiología, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad Rovira i Virgili, Reus, Spain.

Correo electrónico: alanomar.granados@urv.cat

La clasificación taxonómica basada en evidencias evolutivas es uno de los retos más grandes en microbiología. El método de *Average Nucleotide Identity* (ANI) se ha utilizado ampliamente para verificar variaciones genómicas y mejorar la asignación taxonómica en genomas procariotas. En los últimos años, debido al incremento en el número de genomas eucarióticos disponibles en las bases de datos, este método ha comenzado a utilizarse en la clasificación de un limitado número de taxones fúngicos, reportándose un *cut-off* a nivel de misma familia $> 70 \%$, y a nivel de género $> 79 \%$. Por este motivo, el objetivo del presente trabajo fue realizar un análisis de ANI de los genomas disponibles de los Onygenales, un orden de hongos taxonómicamente conflictivo. Para llevar a cabo dicho objetivo, se realizó la búsqueda de los genomas en la base de datos NCBI, y posteriormente se utilizó el módulo de PYANI para calcular los valores de ANI entre los genomas. Los resultados de ANI entre los miembros de este orden variaron entre 69 y 99 % de identidad. En relación a los valores obtenidos, se pudo establecer que dos genomas pertenecían a la misma familia cuando el valor de ANI era $\geq 72 \%$, y si los valores de ANI eran $\geq 79 \%$ cuando los hongos pertenecían al mismo género. Sin embargo, se obtuvieron valores que no concordaban con este *cut-off*, observándose ANIs $> 80 \%$ en genomas correspondientes a géneros diferentes. En base a estos resultados podemos concluir que el empleo de ANIs para la clasificación de genomas de hongos pertenecientes al orden Onygenales es eficiente a nivel de familia y en algunos casos presenta resultados discordantes a nivel de género. Por ello, se recomienda una revisión taxonómica exhaustiva de los Onygenales para establecer los posibles errores en la asignación taxonómica o limitaciones de los ANIs en la discriminación entre los géneros de dicho orden.

Identificación taxonómica de consorcios de la microbiota intestinal y sus actividades enzimáticas útiles en biotecnología

Alfonso Torres-Sánchez¹, Pilar Ortiz², María Alejandra Moreno¹, Gracia Luque¹, Alicia Ruiz-Rodríguez^{1,2,3}, Mercedes Monteoliva-Sánchez^{1,2} y Margarita Aguilera^{1,2}

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, 18071

²Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos “José Mataix” (INYTA), Universidad de Granada, 18016 Granada, España

³Departamento de Bioquímica y Biología Molecular II, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, 18071 Granada, España

Correo electrónico: alfonsotorress@correo.ugr.es y piortiz@ugr.es

La microbiota intestinal es una fuente de recursos biotecnológicos de potencial interés en salud, nutrición y de forma extensiva en alimentación animal y/o biorremediación del medio ambiente, bajo el concepto *One Health*¹. Además, se ha observado que la resiliencia del microbioma humano expuesto a xenobióticos, permite modular de forma diferencial e individualizada sus componentes taxonómicos más resistentes. El objetivo del trabajo persigue identificar las bacterias cultivables o los consorcios de microbiota humana tras exposición al xenobiótico bisfenol A (BPA) y sus actividades enzimáticas o compuestos bioactivos de interés. De un total de 122 aislados de muestras fecales de población infantil tratadas con diferentes concentraciones de BPA y mediante la utilización de medios de cultivos basados en almidón, carboximetilcelulosa, inulina, Tween 80 y DNAsa, se determinó su potencial enzimático. Los resultados obtenidos indican que la mayor parte de estos aislados (20%) destacaban por la producción de enzimas lipasa/esterasa, seguidas por actividad amilasa (16%) y por combinaciones enzimáticas como inulinasa+lipasa/esterasa (16%), amilasa+lipasa/esterasa (7%). Solo un escaso porcentaje (3%) presentaba de forma simultánea las 5 enzimas objeto de estudio. El estudio a nivel taxonómico por MALDI-TOF y análisis de la secuencia del gen 16S RNAr determinó la existencia de aislados puros y de consorcios bacterianos difíciles de cultivar. Los microorganismos aislados pertenecían al género *Enterococcus* (30%), con predominio de la especie *Enterococcus faecalis*, seguido del género *Bacillus* (22%), con *Bacillus velezensis* como especie predominante. La mayoría de los consorcios tenían la presencia de *Enterococcus faecium*. Adicionalmente, se ha determinado la capacidad antimicrobiana de 8 cepas de microorganismos puros de *B. velezensis*, *E. faecalis* y *B. paralicheniformis*, las cuales mostraron inhibición del crecimiento tanto de bacterias Gram-negativas como Gram-positivas. Estudios posteriores se realizarán con dichas cepas para elucidar su aplicación biotecnológica en el área de probióticos de nueva generación.

Referencias:

1. Ampatzoglou A, Gruszecka-Kosowska A, Torres-Sánchez A, López-Moreno A, Cerk K, Ortiz P, Monteoliva-Sánchez M, Aguilera M. 2022. Incorporating the Gut Microbiome in the Risk Assessment of Xenobiotics and Identifying Beneficial Components for One Health. *Frontiers in Microbiology* 13: 872583.

Poniendo orden en la familia *Halomonadaceae*

Rafael R. de la Haba¹, Maria Chuvochina², Cristina Sánchez-Porro¹, David R. Arahall³, Philip Hugenholtz² y Antonio Ventosa¹

¹ Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, Sevilla, España

² Australian Centre for Ecogenomics, School of Chemistry and Molecular Biosciences, University of Queensland, Queensland, Australia

³ Departamento de Microbiología y Ecología y Colección Española de Cultivos Tipo (CECT), Universitat de València, Valencia, España

Correo electrónico: rrh@us.es

Propuesta en el año 1988 por Franzmann y col., la familia *Halomonadaceae* agrupa a gammaproteobacterias quimioorganotrofas cuya característica común es su halofilia o halotolerancia. Desde su descripción ha sufrido varias enmiendas y no ha dejado de crecer hasta los 12 géneros y 161 especies con nombres válidamente publicados que actualmente la conforman (Ventosa y col., 2021). No obstante, no existe un consenso generalizado sobre su situación taxonómica, pues algunas clasificaciones de reconocido prestigio la dividen en 14 y 20 géneros (Parte y col., 2020; Parks y col., 2021).

Haciendo uso de los datos fenotípicos y de las secuencias genómicas actualmente disponibles y obteniendo las de aquellas cepas tipo aún sin secuenciar hemos establecido una clasificación más rigurosa y fidedigna de los miembros de esta familia. De especial relevancia en la nueva taxonomía propuesta ha sido el análisis del pangenoma para identificar genes marcadores exclusivos de cada uno de los géneros que se incluyen en la familia *Halomonadaceae*.

Nuestros resultados demuestran el carácter monofilético de esta familia, claramente separada de la familia *Oceanospirillaceae*, y apoyan la exclusión de los géneros *Halovibrio* y *Terasakiispira* de aquella. El actual género *Halomonas* se subdividiría en siete géneros, mientras que los restantes géneros de la familia permanecerían sin cambios. También proponemos la transferencia de varias especies de *Halomonas* al género *Modicisalibacter* y la sinonimia entre ciertas especies de la familia.

Referencias

1. Franzmann PD, Wehmeyer U, Stackebrandt E. 1988. *Halomonadaceae* fam. nov., a new family of the class *Proteobacteria* to accommodate the genera *Halomonas* and *Deleya*. *Systematic and Applied Microbiology* 11: 16-19.
2. Ventosa A, de la Haba RR, Arahall DR, Sánchez-Porro C. 2021. *Halomonadaceae*. En *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, W. B. Whitman

- (ed.), John Wiley & Sons, Inc., in association with Bergey's Manual Trust, pp. 1-10.
3. Parte AC, Sardà Carbasse J, Meier-Kolthoff JP, Reimer LC, Göker M. 2020. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 70: 5607-5612.
 4. Parks DH, Chuvochina M, Rinke C, Mussig AJ, Chaumeil PA, Hugenholtz P. 2021. GTDB: an ongoing census of bacterial and archaeal diversity through a phylogenetically consistent, rank normalized and complete genome-based taxonomy. *Nucleic Acids Research* 50: D785–D794.

Efectos de un año de evolución en tiempo real en *Stutzerimonas stutzeri*

Guillem Coll-García^{1,2} y Rafael Bosch^{1,2}

¹ Microbiología, Departamento de Biología, Universidad de las Islas Baleares; Palma, España

² Microbiología Ambiental, IMEDEA (CSIC-UIB); Esporles, España

Correo electrónico: guillem.coll-garcia1@estudiant.uib.cat

La evolución es una de las fuerzas más importantes que impulsan los cambios en los sistemas biológicos dando forma a la vida tal como la conocemos hoy. Para comprenderla, los procariotas se erigen como el modelo más indicado debido a sus altas tasas de mutación combinadas con ciclos de vida cortos. Prueba de ello, es el trabajo del profesor Lenski, que ha estudiado las variaciones de *Escherichia coli* en medio líquido durante más de 30 años.

Teniendo en cuenta ese precedente, diseñamos un experimento en placa con *Stutzerimonas stutzeri* AN10 que introduce dos estresores en líneas diferenciadas. En el primero, se expone las células a un déficit de nutrientes prácticamente continuo, mientras que en el segundo se requiere una motilidad continua durante un año. Al finalizar el experimento, se obtuvieron fenotipos diferenciales entre las líneas y el clon inicial de naturaleza permanente y persistentes a pesar de la realización de subcultivos seriados en medio rico. Nuestro objetivo principal fue describir las adaptaciones seleccionadas en cada estresor. Para ello, se evaluó el fenotipo a través de la capacidad para formar biopelículas, la capacidad de colonización en placa, el papel de diferentes mecanismos de motilidad (*swimming*, *swarming* y *twitching*), las variaciones en el tiempo de generación y el tamaño celular. En busca del origen de estos cambios se secuenciaron los genomas completos de aislados representativos obteniendo una colección de mutaciones.

En resumen, hemos caracterizado los fenotipos diferenciales para cada estresor confirmando su relevancia en el microambiente de selección y su persistencia en el tiempo, independientemente de la presencia del estresor. Todo ello, queda respaldado por la evidencia molecular que detecta más de un centenar de mutaciones en genes potencialmente relacionados con la adaptación a los estresores tales como los implicados en el *quorum sensing*, porinas, transportadores de membrana y proteínas relacionadas con la motilidad, entre otros.

Taxonomía de microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano

Fernando Martínez-Checa¹, Azahara Navarro², Alberto Molinero², Jesús Párraga² y Ana del Moral¹

¹Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada.

²Departamento de Edafología y Química Agrícola. Universidad de Granada.

Correo electrónico: fmcheca@ugr.es

En los últimos años se han incrementado los eventos que transportan el polvo de zonas áridas y desérticas hacia Canarias e incluso llegan hasta la Península Ibérica. Algunas de estas partículas han sido caracterizadas y se conocen como iberulitos (1). Sabemos que en este polvo, bacterias, hongos y virus son capaces de sobrevivir largas distancias y luego dispersarse en nuevas localizaciones. Estas intrusiones pueden ser beneficiosas, aumentando la biodiversidad y fertilizando los ecosistemas, gracias a los microorganismos y partículas minerales que transportan, aunque también pueden ser perjudiciales para la salud. Han sido numerosos los trabajos que, utilizando diferentes metodologías y medios de cultivo, han descrito la población que viaja en este polvo transportado por el aire.

En este estudio se han analizado muestras de polvo y lluvia recogidas empleando varias técnicas y en diferentes eventos ocurridos en los dos últimos años (2021-2022) en Granada. Un total de un centenar de bacterias cultivables se han identificado mediante secuenciación del ARNr 16S.

Se comprueba que la población bacteriana capaz de sobrevivir y ser transportada de un continente a otro es enormemente variada. Dentro de los microorganismos cultivables se han encontrado fundamentalmente miembros de los filos *Pseudomonadota* y *Bacillota*, con un elevado porcentaje de especies del género *Bacillus* (*B. pumilus*, *B. siamensis*, *B. safensis*, *B. paralicheniformis*). Se ha aislado *Priestia aryabhatai* en más de un muestreo y se han recuperado de lluvia de barro, *Bacillus halotolerans* y *Brevibacterium frigoritolerans*, recientemente reclasificado como *Peribacillus frigoritolerans*, microorganismos aislados por primera vez de suelos desérticos de Marruecos (2).

Referencias

1. Díaz-Hernández, J.L., Párraga J. (2008). The nature and tropospheric formation of iberulites: Pinkish mineral microspherulites. *Geochimica et Cosmochimica Acta* 72: 3883–3906.

2. Delaporte, B., Sasson A. (1967). Study of bacteria from arid soils of Morocco: *Brevibacterium haloterans* n. sp. and *Brevibacterium frigoritolerans* n. sp C R Acad Hebd Seances Acad Sci D 264(18): 2257-2260.

Principales novedades en el Código de Nomenclatura de Procariotas: el punto de vista del usuario

David R. Arahal

Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València

Correo electrónico: arahal@uv.es

El ICNP (*International Code of Nomenclature of Prokaryotes*) tiene ya 75 años, contados desde la publicación del primer borrador en 1947, y acumula 4 ediciones (1958, 1975, 1990 y 2008) más una en ciernes (anunciada en 2021 y prevista para este año). Como herramienta de trabajo que es se debería aspirar a que fuera mejor conocido en el entorno académico y entre los profesionales, no sólo investigadores y no sólo de la Microbiología. El Comité Internacional de Sistemática Procariota (ICSP, <https://www.the-icsp.org/>), responsable de su publicación, también persigue contar con una representación internacional más amplia y puede decirse que ha hecho grandes progresos en los últimos años.

El procedimiento para introducir cambios en el ICNP es público pero tal vez no es suficientemente conocido. En esta presentación se expondrán las claves de ese procedimiento y se analizarán las decisiones recientes más relevantes, sus implicaciones para el “usuario”, así como el impacto mediático que han recibido.

Descargo: el autor preside desde 2019 la Comisión Judicial del ICSP, y como tal es miembro de oficio del comité editorial del ICNP. No obstante, en esta comunicación expresa su propio punto de vista.

Referencias

1. Buchanan RE, St. John-Brooks R, Breed RS. 1947. International Bacteriological Code of Nomenclature. En *4th International Congress for Microbiology, Report of Proceedings, July 20–26, 1947, Copenhagen*, pp. 587–606.
2. Buchanan RE, Wikén T, Cowan ST, Clark WA. 1958. *International Code of Nomenclature of Bacteria and Viruses: Bacteriological Code*. Ames, IA: Iowa State College Press; 1958.
3. Lapage SP, Sneath PHA, Lessel EF, Skerman VBD, Seeliger HPR et al. 1975. International Code of Nomenclature of Bacteria and Statutes of the International Committee on Systematic Bacteriology and Statutes of the Bacteriology Section of the International Association of Microbiological Societies (1975 Revision). Washington, DC: American Society for Microbiology.

4. Sneath PHA. 1992. International Code of Nomenclature of Bacteria and Statutes of the International Committee on Systematic Bacteriology and Statutes of the Bacteriology and Applied Microbiology Section of the International Union of Microbiological Societies (1990 Revision). Washington, DC: American Society for Microbiology.
5. Parker CT, Tindall BJ, Garrity GM. 2019. International Code of Nomenclature of Prokaryotes. Prokaryotic Code (2008 Revision). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 69: S1-S111.
6. Oren A, Arahal DR, Rosselló-Móra R, Sutcliffe IC, Moore ERB. 2021. Preparing a revision of the International Code of Nomenclature of Prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 71: 4598.

A new endophytic *Aspergillus Circumdati* genomospecies isolated from the Canary islands endemism *Bethencourtia palmensis*

Juan Imperial^{1,2}, Laura Vaca², Blanca B. Landa³, Carmen Elisa Díaz⁴, María Fe Andrés²,
y Azucena González-Coloma²

¹Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM-INIA / CSIC), Ctra. M-40, km 38, 28223 Pozuelo de Alarcón (Madrid)

²Instituto de Ciencias Agrarias, CSIC, Serrano 115bis, 28006 Madrid

³Instituto de Agricultura Sostenible, CSIC, Av. Menéndez Pidal, s/n, 14004 Córdoba

⁴Instituto de Productos Naturales y Agrobiología, CSIC, Av. Astrofísico Francisco Sánchez, 3, 38206 La Laguna, Santa Cruz de Tenerife

Correo electrónico: juan.imperial@csic.es

Some endophytic fungi (eg. arbuscular mycorrhiza) have long been known to play important roles in plant nutrition. Lately, the ability of many endophytic fungi to synthesize bioactive secondary metabolites is gaining attention, in view of their biocontrol potential. *Bethencourtia palmensis* (Nees) Choisy is an endemic plant from the Tenerife and La Palma islands that has been extensively studied for its ability to produce bioactive metabolites. Our research team has isolated a number of endophytic fungi from *B. palmensis* plants, and studied their ability to produce bioactive metabolites. One such isolate, SPH2, has been found to secrete compounds with strong fungicidal and ixodicidal effects (Morales-Sánchez et al. 2021). Characterization of SPH2 suggested that it is an *Aspergillus* sp. within the *Circumdati* section, and closely related to the saprophytic, ochratoxin A (OTA) producing species *A. ochraceus* and, especially, *A. westerdijkiae*. However, no OTA was detected in SPH2 extracts (Morales-Sánchez et al. 2021). The genome of SPH2 was sequenced and assembled with the Oxford Nanopore technology and MinION instruments, and the base calling accuracy was improved by using Illumina NextSeq reads. Genomic analyses showed that SPH2 is a member of a new *Aspergillus Circumdati* genomospecies. Gene clusters potentially involved in the production of the previously isolated bioactive metabolites were identified. A complete, highly conserved OTA-encoding cluster was also identified, even though SPH2 does not produce OTA. Given that the food toxin OTA can have deleterious effects on the plant host, we hypothesize that *B. palmensis* has selected an endophytic variant that no longer produces OTA. We are investigating the molecular bases for this selection and trying to identify new SPH2-like isolates in order to properly define the new species.

Fundings: Supported by PID2019-106222RB-C31, MCINN-AEI, to C.E.D. and A.G.-C.

References

1. Morales-Sánchez V, Díaz CE, Trujillo E, Olmeda SA, Valcarcel F, Muñoz R, Andrés MF, González-Coloma A. 2021. Bioactive Metabolites from the Endophytic Fungus *Aspergillus* sp. SPH2. *Journal of Fungi* 7(2): 109.

Taxogenómica de seis nuevas especies de *Micromonospora* aisladas de leguminosas

Raúl Riesco, Maite Ortúzar y Martha E. Trujillo

Universidad de Salamanca, Dpto. de Microbiología y Genética, Edificio Departamental, Lab. 214, Campus Unamuno

Correo electrónico: shot89_1000@usal.es

Las plantas construyen su microbioma de forma activa, seleccionando aquellos microorganismos que les ayuden a mejorar su crecimiento y resiliencia ante factores adversos. Los microorganismos asociados al microbioma vegetal rara vez actúan individualmente, establecen complejas redes microbianas cuyas funciones combinadas finalmente producirán el fenotipo deseado en la planta huésped. Por lo tanto, es fundamental conocer detalladamente cada uno de los microorganismos que componen el microbioma vegetal, así como su ecología y su potencial genómico.

En la última década, nuestro grupo de investigación se ha centrado en el estudio de *Micromonospora* y su relación beneficiosa con su hospedador vegetal. Gracias al aislamiento y secuenciación de cepas de este género procedentes de tejidos vegetales es ahora posible predecir mediante marcadores genómicos su potencial de asociación con la planta (Riesco et al., 2022). En el presente trabajo se describen seis nuevas especies de *Micromonospora*, aisladas de nódulos y hojas de distintas leguminosas, con potencial como bacterias promotoras de crecimiento vegetal (PGPB).

Las cepas fueron comparadas a nivel genómico, permitiendo diferenciarlas claramente como nuevas especies en función de los índices de relación genómicos más usados (dddH, ANI y OrthoANI) y de su posición filogenómica (16S y genomas completos). Para profundizar en la ecología se hizo un estudio comparativo de su potencial metabólico, focalizado en su metabolismo secundario, la capacidad para hidrolizar distintos compuestos, y su potencial como promotor de crecimiento vegetal. Todos estos análisis *in-silico* se complementaron con pruebas fenotípicas *in-vitro*.

Los resultados claramente delinearon a las seis cepas como nuevas especies, pertenecientes al género *Micromonospora*. Todos los aislados presentaron un gran potencial genómico para la producción de metabolitos secundarios y la hidrólisis de distintos compuestos, entre los que se incluyen muchos polímeros de origen vegetal, como la celulosa, la pectina y el almidón. También se localizaron genes comúnmente asociados a la promoción del crecimiento vegetal, lo que indica el potencial PGPB de los aislados.

Referencias

1. Riesco R, Ortúzar M, Fernández-Ábalos JM, Trujillo ME. 2022. Deciphering Genomes: Genetic Signatures of Plant-Associated Micromonospora. *Frontiers in Plant Science* 13: 1–14.

Tres especies y un nombre: el caos de *Micromonospora endophytica*

Lorena Carro

Universidad de Salamanca, Departamento de Microbiología y Genética, Plaza Doctores de la Reina Lab 230, 37007, Salamanca, Spain

Correo electrónico: lcg@usal.es

La asignación de un nombre es clave para que podamos identificar a los microorganismos correctamente y nos permite la asociación automática de una serie de características básicas a cada individuo. Es por ello que es importante que existan una serie de normas que nos permitan asignar un nuevo nombre cuando se descubre a un microorganismo no descrito con anterioridad y que este sea único para un taxón determinado. A pesar de las normas existentes en la taxonomía bacteriana a veces ocurre que a pesar de respetar las reglas establecidas se producen duplicidades, y un mismo nombre se utiliza para la asignación de especies diferentes produciéndose un sinónimo homotípico. Este es el caso de *Micromonospora endophytica*. El primer grupo de organismos con este nombre es la especie representada por la cepa DCWR9-8-2^T (=BCC 67267^T=NBRC 110008^T), una especie publicada en 2015 (Thanaboripat et al.), pero para la cual nunca se validó su nombre. Por otro lado, la especie tipo del género *Jishengella* fue reclasificada como perteneciente al género *Micromonospora* en 2019 (Li et al.), y en la reclasificación se mantuvo su epíteto original, siendo así el segundo grupo de organismos conocido como *Micromonospora endophytica*, pero el primero en tener validado el nombre. Finalmente, una tercera especie quedaría es este grupo, ya que en 2018 se propuso la reclasificación del género *Verrucosipora* en *Micromonospora* (Nouioui et al., 2018), y existiendo una especie llamada *Verrucosipora endophytica*, para la cual no se ha especificado un nuevo epíteto, quedando como una especie huérfana, y por lo que si tenemos en cuenta su nuevo género quedaría como *Micromonospora endophytica*. Por ello es necesario reevaluar estos organismos y proponer nuevos nombres que puedan identificar estos taxones de forma inequívoca.

Referencias

1. Li L, Zhu HR, Xu QH, Lin HW, Lu YH. 2019. *Micromonospora craniellae* sp. nov., isolated from a marine sponge, and reclassification of *Jishengella endophytica* as *Micromonospora endophytica* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 69: 715-720.
2. Nouioui I, Carro L, Garcia-Lopez M, Meier-Kolthoff JP, Woyke T, Kyrpides NC, Pukall R, Klenk HP, Goodfellow M, Goker M. 2018. Genome-Based Taxonomic Classification of the Phylum Actinobacteria. *Frontiers in Microbiology* 9:2007.

3. Thanaboripat D, Thawai C, Kittiwongwattana C, Laosinwattana C, Koohakan P, Parinthawong N. (2015). *Micromonospora endophytica* sp. nov., an endophytic actinobacteria of Thai upland rice (*Oryza sativa*). *The Journal of Antibiotics* (Tokyo) 68: 680-684.

***Parvicella tangerina* gen. nov., sp. nov. y *Parvicellaceae* fam. nov. (Flavobacteriales, Bacteroidota), primer representante cultivado del clado marino UBA10066**

María Jesús Pujalte¹, Teresa Lucena², Olga Sánchez³, Isabel Sanz-Sáez⁴, Silvia G. Acinas⁴, Laura Garrido³, Jordi Mas³, María A. Ruvira², M. Carmen Macián² y David R. Arahal¹

¹Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València

²Colección Española de Cultivos Tipo, CECT, Universitat de València

³Departament de Genètica i Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona.

⁴Departament de Biologia Marina i Oceanografia. Institut de Ciències del Mar. ICM-CSIC. Barcelona

Correo electrónico: maria.j.pujalte@uv.es

Una cepa bacteriana, aislada de los fangos activos de una depuradora que usa agua de mar ha sido caracterizada desde el punto de vista fenotípico, genómico y filogenético. La cepa, CECT 30217^T, crece preferentemente en medios sólidos como el Agar Marino, formando colonias de un color anaranjado intenso, y una consistencia muy adherente, mientras que el crecimiento en medio líquido da lugar a grumos flotantes y adheridos al cristal. Sus células son pequeños cocos y bacilos cortos rodeados de abundante material extracelular que los aglomera, Gram-negativos e inmóviles. Crece como halófila débil, mesófila y neutrófila y presenta requerimiento complejo de sales marinas. Los pigmentos producidos no son flexirrubinas sino carotenoides. Es quimioheterótrofa, aerobia estricta, no reduce nitratos ni fermenta carbohidratos. Es oxidasa positiva pero catalasa negativa e hidroliza gelatina, caseína y DNA. Sus ácidos grasos celulares predominantes son iso-C_{15:0}, iso-C_{15:0} G e iso-C_{17:0} 3OH, la única quinona respiratoria presente es MQ-7 y produce fosfatidiletanolamina como principal lípido polar identificado. Su genoma (OU015584) comprende 3,98 Mb en un solo cromosoma, presenta un único operón rRNA y un G+C de 38,8 %. Tanto la secuencia del gen 16S rRNA, como su situación en el árbol filogenómico obtenido con UBCG sugieren que ocupa una posición aislada, dentro del orden *Flavobacteriales* (*Bacteroidota*), con los integrantes de las familias *Crocinitomicaceae* y *Vicingaceae* como vecinos distantes. Sobre la base del análisis filogenómico, que incluyó genomas representativos de todas las familias del orden (excepto *Blattabacteriaceae*) y de los clados marinos no cultivados UBA2798, UA16, PHOS-HE28 y UBA10066 (del orden *Flavobacteriales*, Bowman 2020) y la determinación de los índices AAI, pudimos concluir que el nuevo género representa el primer miembro cultivado de una nueva familia, *Parvicellaceae*. Esta familia incluiría también a las bacterias representadas por los genomas del clado marino UBA10066.

Referencias

1. Bowman JP. 2020. Out from the shadows - Resolution of the taxonomy of the family Cryomorphaceae. *Frontiers in Microbiology* 11: 795.

***Pseudomonas callusrubrum* y *P. maioricensis* spp. nov., dos pseudomonas promotoras del crecimiento vegetal aisladas de suelos calcareos de Mallorca**

Esteban Bustos-Caparrós ^{1,2}, Antonio Busquets ¹, Guillem Coll-García ¹, Catalina Cabot¹ y Rafael Bosch ^{1,2}

¹ Departamento de Biología, Universidad de las Islas Baleares; Palma, España

² Microbiología Ambiental, IMEDEA (CSIC-UIB); Esporles, España

Correo electrónico: rbosch@uib.es

El excesivo uso de fertilizantes NPK conlleva graves problemas medioambientales tales como la contaminación de acuíferos, mares y océanos, la acidificación de los suelos y cambios severos en la microbiota de las comunidades ambientales afectadas. En este contexto, el uso de *Plant Growth-Promoting Rhizobacteria* (PGPR) ha adquirido importancia, ya que es una alternativa sostenible a los métodos agroquímicos actuales. Esta estrategia es especialmente interesante en la región Mediterránea ya que sus suelos calcáreos se caracterizan por una baja disponibilidad de fosfatos, un pH elevado y una pobre concentración de materia orgánica, así como de elementos esenciales como el hierro y el zinc. En este sentido, el uso de PGPRs puede incrementar la biodisponibilidad de estos elementos esenciales, así como de fosfatos, para las plantas con las que conviven. En el marco del proyecto PRD2018-46 (Direcció General d'Innovació i Recerca, GOIB) aislamos un total de 75 PGPRs procedentes de suelos calcáreos de la Isla de Mallorca que se afiliaron al género *Pseudomonas*. Dos de ellos, PGPR40 y PGPR81, demostraron ser altamente eficientes en la promoción del crecimiento vegetal en experimentos de suelos calcáreos y fueron seleccionados para su posterior análisis genómico y filogenético. El genoma de ambas cepas se secuenció mediante la plataforma Illumina, resultando en un tamaño de 6.3 Mb y 59.1% G+C para PGPR40, y de 5.5 Mb y 62.5% G+C para PGPR81. La similitud de secuencia del gen 16S ARNr fue, en ambos casos, superior al 98.9% con homólogos de cepas tipo del género *Pseudomonas*, lo que confirmó su afiliación taxonómica a dicho género. La similitud con el gen *rpoD* de dichas cepas tipo (PGPR40, 96.3% identidad con *P. lini*; PGPR81, 90.1% identidad con *P. plecoglossicida*) sugirió su pertenencia a dos nuevas especies del género, lo que se confirmó por ANIb (PGPR40, 93.5 [74.5% cobertura] con *P. lini*; PGPR81, 86.2 [71.0% cobertura] con *P. plecoglossicida*) y con análisis filogenético basado en el core-proteoma. Por este motivo se proponen los nombres de *Pseudomonas callusrubrum* sp. nov. PGPR40 y *Pseudomonas maioricensis* sp. nov. PGPR81.

***Stutzerimonas decontaminans* sp. nov. aislada de sedimentos marinos y
caracterización de los genes implicados en la degradación del naftaleno**

Magdalena Mulet¹, Margarita Gomila¹, Jorge Lalucat^{1,2}, Rafael Bosch^{1,2}, Ramon
Rossello Mora², Elena García-Valdés^{1,2}

¹ Microbiología, Departament de Biologia, Edifici Guillem Colom, Universitat de les Illes Balears, Campus UIB, 07122 Palma de Mallorca, España

² Microbiología Ambiental, Institut Mediterrani d'Estudis Avançats (IMEDEA, CSIC-UIB), 07190 Esporles Mallorca España

Correo electrónico: mmagdalena.mulet@uib.es

Las cepas 19SMN4Ty ST27MN3 se aislaron de sedimentos marinos tras enriquecimiento en 2-metilnaftaleno. Se identificaron como *Pseudomonas stutzeri* y se clasificaron en la genomovar 4. Estas especies han sido transferidas recientemente al género *Stutzerimonas*. Otras cuatro cepas BG 2, HT20, HT24, A7, aisladas de un bioreactor oxidador de sulfito o de depuradoras se agrupan con ellas en el árbol filogenético del RNAr 16S. Un análisis preliminar indicó que estas cepas se diferenciaban de cualquier otra especie conocida de *Stutzerimonas* y se consideran representantes de las especies filogenómicas 4 (pgs4).

Las cepas 19SMN4T, ST27MN3 han sido ampliamente caracterizadas a partir de datos fenotípicos, quimiotaxonómicos, genómicos (GGDC and ANIb) y filogenómicos. La cepa 19SMN4T tiene un plásmido de degradación del naftaleno bien caracterizado y que ha sido comparado con otros plásmidos, en tanto que en la cepa ST27MN3 no se han detectado plásmidos, aunque si la presencia en el cromosoma de potenciales elementos de integración portadores de genes degradativos

El análisis filogenómico de los genes comunes indicaron que las cepas 19SMN4, y ST27MN3 comparten 3995 genes y que están relativamente próximas a miembros de las especies *Stutzerimonas songnenensis* y *Stutzerimonas perfectomarina* así como a las especies filogenómicas pgs16, pgs24 and pgs29.

El índice nucleotídico promedio basado en el algoritmo Blast (ANIb) puso de manifiesto que las cepas 19SMN4T and ST27MN3 pertenecían a la misma especie genómica, mientras que los índices genómicos con las cepas tipo relativamente próximas estaban por debajo de los valores aceptados para el límite de especie (95%).

Por todo ello concluimos que las 19SMN4T, 27SMN3, BG 2, HT20, HT24 y A7 representan una nueva especie de *Stutzerimonas*, para la cual se propone el nombre de *Stutzerimonas decontaminans* y como cepa tipo a 19SMN4T (=CCUG 44593T= DSM 6084T=LMG 18521T).

Caracterización de una nueva haloarquea aislada de las salinas de Isla Cristina (Huelva)

Alicia García-Roldán, Ana Durán-Viseras, Cristina Sánchez-Porro y Antonio Ventosa

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, Sevilla

Correo electrónico: agroldan@us.es

Los ambientes hipersalinos son ambientes extremos ampliamente distribuidos que se caracterizan por presentar elevadas concentraciones de sales. Son muy variados y se dividen, principalmente, en ambientes terrestres y acuáticos. Sin embargo, los más estudiados son los ambientes hipersalinos acuáticos como los lagos de agua salada o las salinas solares. En concreto, las salinas solares son un excelente modelo para estudiar la diversidad microbiana, ya que se estructuran siguiendo un patrón escalonado de diversos estanques con diferentes concentraciones de salinidad. Cabe destacar que la biodiversidad de procariontes en este tipo de ambientes se limita a arqueas y bacterias adaptadas a las condiciones anteriormente citadas. Nuestro grupo presenta una larga trayectoria en el estudio de dichos ambientes y en el aislamiento de nuevos microorganismos adaptados a los mismos.

Estudios realizados en las salinas de Isla Cristina (Huelva, España) nos han permitido el aislamiento de numerosas cepas, algunas de las cuales han sido ya descritas como nuevos taxones. En este trabajo presentamos la caracterización filogenómica, fenotípica y quimiotaxonómica de la cepa F14-81, aislada de agua de uno de los estanques de dichas salinas.

En primer lugar, se amplificó la secuencia del gen ARNr 16S y se comparó con todas las secuencias disponibles en la base de datos EZBioCloud. El porcentaje de semejanza más alto fue de 94,11% con la cepa tipo *Halovenus aranensis* EB27^T. Estos resultados nos indicaron que esta nueva haloarquea podría estar relacionada con el género *Halovenus* y posiblemente se trate de una nueva especie de dicho género. El género *Halovenus* pertenece a la familia *Halobacteriaceae* y consta actualmente de cuatro especies.

Para caracterizar con detalle esta cepa hemos secuenciado su genoma y estamos procediendo a su análisis, así como a la determinación de diversos índices genómicos (orthoANI, digital DDH y AAI) y a la elaboración de un árbol basado en el core-genoma de esta cepa y de las especies de *Halovenus* y otras pertenecientes a los géneros más relacionados. Con todos estos datos podremos concluir si efectivamente se trata de una nueva especie o por el contrario debemos de incluirla como una cepa adicional de una de las especies ya descritas.

Financiación: Este estudio ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación/Agencia Estatal de Investigación (PID2020-118136GB-I00) y la Junta de Andalucía (P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.

Characterization of a new species of the genus *Halomicroarcula*

Dáša Straková, Cristina Galisteo, Rafael R. de la Haba, Cristina Sánchez-Porro and Antonio Ventosa

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla

Correo electrónico: dstrakova@us.es

Halophilic microorganisms are extremophiles able to grow optimally at high salt concentrations. They are well adapted to live in hypersaline habitats, such as saline lakes, salterns, saline soils, salt mines and salted foods. The study of hypersaline environments has enabled the isolation and characterization of many halophilic microorganisms during the last decades. The aquatic hypersaline habitats (saline lakes and salterns) have been thoroughly investigated, while the microbiological studies focused on hypersaline soils have been addressed only most recently. Based on previous studies, soil environments are the most diverse habitats on Earth, presumably due to a higher heterogeneity of the soil structure, and higher disturbance rates (Vera-Gargallo and Ventosa, 2018).

This work is focused on the characterization of the prokaryotic communities by culture-dependent methods as part of a larger study focused on the isolation and characterization of archaea and bacteria from hypersaline soils located in Odiel Saltmarshes Natural Park, Huelva. Prokaryotic isolates were studied initially by the determination of the 16S rRNA gene sequence and, in the case of haloarchaea, by sequencing the *rpoB*' gene. As a representative of a group of new haloarchaea, we studied in more detail strain S1CR25-12, which was related to the genus *Halomicroarcula*. In addition to the aforementioned phylogenetic studies, the determination of polar lipids by chromatographic methods, a complete phenotypic characterization (which involves morphological, physiological, biochemical and nutritional features), and whole-genome sequencing and comparison with the closely related taxa were carried out as part of a polyphasic taxonomic characterization. Based on these data we conclude that strain S1CR25-12 represents a new species of the genus *Halomicroarcula*, for which we propose the name *Halomicroarcula salsiterrestris* sp. nov.

Reference

1. Vera-Gargallo B, Ventosa, A. 2018. Metagenomic insights into the phylogenetic and metabolic diversity of the prokaryotic community dwelling in hypersaline soils from the Odiel Saltmarshes (SW Spain). *Genes* 9: 152.

Fundings: This research was funded by the Spanish Ministry of Science and Innovation/AEI (PID2020-118136GB-I00) and Junta de Andalucía (P20_01066 and BIO-213), which included FEDER funds.

***Spiribacter pallidus* sp. nov., una bacteria halófila aislada de una salina**
María José León, Cristina Sánchez-Porro y Antonio Ventosa

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, Sevilla

Correo electrónico: mjl@us.es

Estudios metagenómicos llevados a cabo en diferentes ambientes hipersalinos han proporcionado un conocimiento detallado de la diversidad procariota presente en estos hábitats, especialmente en los estanques de salinas solares. Tanto los estudios dependientes de cultivo, como los datos obtenidos de estudios independientes del cultivo de microorganismos, indican que en los estanques cristalizadores de las salinas los grupos dominantes son haloarqueas y la bacteria halófila extrema *Salinibacter*. En cambio, los estanques de salinidades intermedias presentan una mayor variedad de procariotas, que disminuyen con la salinidad. Uno de los resultados obtenidos de los análisis metagenómicos realizados en dichos estanques es la abundancia de miembros del género *Spiribacter*¹. Este género pertenece a la familia *Ectothiorhodospiraceae*, orden *Chromatiales*, dentro de la clase *Gammaproteobacteria*. Actualmente este género incluye cuatro especies: *Spiribacter salinus*, *Spiribacter curvatus* y *Spiribacter roseus*, aisladas de salinas, y *Spiribacter vilamensis*, aislada de una laguna salada. Los miembros de *Spiribacter* son bacterias halófilas moderadas, que se caracterizan por tener genomas bastante reducidos, con un solo operón ribosómico, y una versatilidad metabólica simplificada. Son especies que posiblemente poseen un modo de vida eficiente, lo que explica el éxito de estas bacterias en ambientes acuáticos con salinidades intermedias.

Hemos aislado en cultivo puro una nueva cepa, designada como SP10, perteneciente al género *Spiribacter*, procedente de la salina de Santa Pola, en Alicante. Su caracterización taxonómica, basada en un análisis filogenómico, quimiotaxonómico y fenotípico, sugiere que representa una nueva especie del género *Spiribacter*, para la que proponemos el nombre de *Spiribacter pallidus* sp. nov.

Referencias

1. León MJ, Fernández AB, Ghai R, Sánchez-Porro C, Rodríguez-Valera F y Ventosa A. 2014. From metagenomics to pure culture: Isolation and characterization of the moderately halophilic bacterium *Spiribacter salinus* gen. nov., sp. nov. *Applied and Environmental Microbiology* 80: 3850-3857.

***Marinobacter iranensis* sp. nov. una nueva bacteria aislada de un lago hipersalino de Irán**

Cristina Sánchez-Porro¹, Mohammad Ali Amoozegar² y Antonio Ventosa¹

¹Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla

²Extremophiles Laboratory. Dept. of Microbiology, Faculty of Biology, College of Science, University of Tehran, Iran

Correo electrónico: sanpor@us.es

Los ambientes hipersalinos están representados principalmente por sistemas acuáticos y suelos, aunque también se engloban en esta categoría los depósitos de sal, algunas plantas, salmueras de yacimientos petrolíferos y una gran variedad de alimentos en salazón entre otros. Estos ambientes acuáticos están ampliamente distribuidos por todo el planeta.

Desde hace más de 20 años nuestro grupo de investigación viene colaborando con investigadores de la Universidad de Tehran (Irán), con el propósito de estudiar la biodiversidad de los ambientes hipersalinos que se encuentran en este país. Como fruto de esta colaboración se han realizado numerosos trabajos y hemos descrito más de 60 nuevos taxones de arqueas y bacterias.

Actualmente estamos trabajando en colaboración en la descripción de una nueva especie del género *Marinobacter*, aislada del lago hipersalino Inche Broun (Irán). Concretamente, se trata de una nueva cepa designada 71-i. El género *Marinobacter* pertenece a la recientemente descrita familia *Marinobacteriaceae*, y actualmente agrupa a 57 especies, muchas de ellas aisladas de ambientes salinos.

El análisis de la secuencia del gen ARNr 16S mostró que la cepa 71-i presenta la máxima semejanza filogenética con respecto a *Marinobacter salarius* R9SW^T (97,5%). Hemos procedido también a la secuenciación de su genoma y a su análisis y determinación de índices genómicos como Hibridación digital DNA-DNA (dDDH), Identidad Nucleotídica Media (ANI) o Identidad Aminoacídica Media (AAI), cuyos resultados confirman la hipótesis de que se trata de un nuevo taxón. Hemos completado el estudio con una caracterización fenotípica y quimiotaxonómica, y podemos concluir que la cepa 71-i constituye una nueva especie del género *Marinobacter*, para la que proponemos el nombre de *Marinobacter iranensis* sp. nov.

Financiación: Este estudio ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación/Agencia Estatal de Investigación (PID2020-118136GB-I00) y la Junta de Andalucía (P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.

CONFERENCIA DE CLAUSURA
- PREMIO A LA MEJOR TESIS -

**Deciphering genomes: Comparative genomic analysis of legume associated
*Micromonospora***

Autor: Raúl Riesco Jarrín
Directora: Martha E. Trujillo

Universidad de Salamanca, Dpto. de Microbiología y Genética, Edificio Departamental,
Lab. 214, Campus Unamuno

Correo electrónico: shot89_1000@usal.es

Micromonospora es un género de bacterias con una amplia distribución en diversos ecosistemas. Posee un gran potencial biotecnológico, pero en los últimos años ha destacado por la capacidad de algunas especies de establecer una estrecha relación con tejidos vegetales, principalmente en plantas leguminosas.

La creciente disponibilidad de datos genómicos del género *Micromonospora*, en especial procedentes de la secuenciación de cepas tipo, han permitido que podamos estudiar la relación y diversidad genómica intra- e inter-especies a un nivel nunca visto. Esta tesis, como primer objetivo, busca ahondar en la relación beneficiosa de *Micromonospora* con la planta, haciendo un estudio de genómica comparativa para intentar dilucidar los sistemas biológicos que condicionan la relación entre esta bacteria y su planta huésped. Como segundo objetivo principal, se ha realizado un estudio taxogenómico de las dos especies más frecuentemente aisladas de nódulos de leguminosas, *M. saelicesensis* y *M. noduli*.

Para la realización del primer objetivo, se secuenciaron los genomas de diecisiete cepas de *Micromonospora*, aisladas de diferentes leguminosas (*Cicer* sp., *Medicago* sp., *Lupinus* sp., *Ononis* sp., *Pisum* sp. and *Trifolium* sp.) y tejidos vegetales (nódulos y hojas). Gracias a la inclusión de estos genomas, hemos construido una base de datos de setenta y cuatro genomas, con un número similar de genomas asociados a cepas aisladas de suelo y a cepas endófitas. Mediante el uso de genómica comparativa y distintas bases de datos de relación planta-microorganismo (Levy et al., 2018) se han podido determinar varios rasgos genómicos que potencialmente pueden estar relacionados con la interacción *Micromonospora*-planta.

En 2016, la especie *M. noduli* fue descrita como una especie muy próxima a *M. saelicesensis* (Carro et al., 2016). Ambas especies comparten muchos rasgos, tanto genómicos como fisiológicos, lo que ponía en duda su distinción como especies independientes. Incorporando once genomas de cepas de estas dos especies, se ha estudiado la relación taxogenómica entre *M. saelicesensis* y *M. noduli* para concluir que efectivamente son dos especies distintas pero muy cercanas entre sí.

Referencias

1. Carro L, Riesco R, Spröer C, Trujillo ME. 2016. *Micromonospora ureilytica* sp. nov., *Micromonospora noduli* sp. nov. and *Micromonospora vinacea* sp. nov., isolated from *Pisum sativum* nodules. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 66: 3509–3514.
2. Levy A, Salas Gonzalez I, Mittelviefhaus M, Clingenpeel S, Herrera Paredes S, Miao J, et al. 2018. Genomic features of bacterial adaptation to plants. *Nature Genetics* 50: 138–150.

LISTADO DE AUTORES Y COMUNICACIONES

	Página
Aguilera Gómez, Margarita	20, 22, 24, 48
Bosch Zaragoza, Rafael	26, 32, 42, 52, 65
Busquets Bisbal, Antonio	26, 36, 38, 40, 42, 65
Cano Jiménez, Ibai	38
Cañellas Cifre, Maria	26, 42
Carro García, Lorena	61
Coll García, Guillem	52, 65
Colman Vega, Pamela Jael	32
Fernández Bravo, Ana	47
Galisteo Gómez, Cristina	30, 69
García Roldán, Alicia	67
García-Valdés Pukkits, Elena Isabel	38, 66
Gomez Bolivar, Jaime	34
Gomila Ribas, Margarita	18, 26, 36, 38, 40, 42, 66
Granados Casas, Alan Omar	47
Imperial Ródenas, Juan	57
Lalucat, Jorge	15, 36, 38, 66
León León, María José	71
López Moreno, Ana	20, 22, 24
López Romalde, Jesus	44
Martínez-Checa Barrero, Fernando	53
Menéndez Gutiérrez, Esther	28
Monteoliva Sánchez, Mercedes	20, 22, 24, 48
Moreno Rodríguez, María Alejandra	20, 24, 48
Mulet Pol, Maria Magdalena	38, 66
Muñoz Jiménez, Raul	45
Nogales Fernández, Balbina	32
Ortiz Sandoval, Pilar	20, 48
Ortúzar Turza, Maite	35, 59
Pujalte Domarco, María Jesús	63
Riesco Jarrin, Raul	35, 59, 74
Ruiz Arahal, David	50, 55
Ruiz de la Haba, Rafael	30, 50, 69
Ruiz Rodríguez, Alicia	20, 22, 48
Sánchez-Porro Álvarez, Cristina	30, 50, 67, 69, 71, 72
Seguí Crespí, Guillem	36, 40
Serpa Laço, José Maria	18
Straková, Dáša	69
Trujillo Toledo, Martha	35, 59, 74
Ventosa Uceró, Antonio	30, 50, 67, 69, 71, 72

LISTADO DE PARTICIPANTES

Margarita Aguilera Gómez
Departamento de Microbiología
Facultad de Farmacia
Universidad de Granada
España
maguilera@ugr.es

Rafael Bosch Zaragoza
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
rbosch@uib.es

Antonio Busquets Bisbal
Servicios Científico-Técnicos
Universitat de les Illes Balears
España
toni.busquets@uib.es

Ibai Cano Jiménez
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
ibcaji@gmail.com

Maria Cañellas Cifre
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
mariacanyellasc@gmail.com

Loren Carro García
Departamento de Microbiología y Genética
Universidad de Salamanca
España
lcg@usal.es

Guillem Coll García
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
guillem.collgar@gmail.com

Pamela Jael Colman Vega
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
p.colman@uib.es

Maribel Farfán Sellarés
Departament de Microbiologia i Parasitologia Sanitàries
Facultat de Farmàcia
Universitat de Barcelona
España
mfarfan@ub.edu

Ana Fernández Bravo
Unidad de Microbiología
Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud
Universitat Rovira i Virgili
España
ana_7_fernandez@hotmail.com

M^a Carmen Fusté Munné
Departament de Microbiologia i Parasitologia Sanitàries
Facultat de Farmàcia
Universitat de Barcelona
España
mcfuste@ub.edu

Cristina Galisteo Gómez
Departamento de Microbiología y Parasitología
Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
crigalgomez@us.es

Alicia García Roldán
Departamento de Microbiología y Parasitología
Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
agroldan@us.es

Elena García-Valdés Pukkits
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
elena.garciavaldes@uib.es

Jaime Gomez Bolívar

Departamento de Microbiología
Facultad de Ciencias
Universidad de Granada
España
jabobo@ugr.es

Margarita Gomila Ribas

Microbiología (Dpto. Biología)
Universidad de las Islas Baleares
España
marga.gomila@uib.es

Alan Omar Granados Casas

Unidad de Microbiología
Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud
Universidad Rovira i Virgili
España
alanomar.granados@urv.cat

Juan Imperial Ródenas

CBGP, UPM-INIA/CSIC
España
juan.imperial@csic.es

Jorge Lalucat Jo

Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
jlalucat@uib.es

Jesús López Romalde

Departamento de Microbiología y Parasitología
Universidade de Santiago de Compostela
España
jesus.romalde@usc.es

María José León León

Departamento de Microbiología y Parasitología
Facultat de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
mjl@us.es

Ana López Moreno

Departamento de Microbiología
Facultad de Farmacia
Universidad de Granada
España
alopez@ugr.es

Fernando Martínez-Checa Barrero

Facultad de Farmacia
Universidad de Granada
España
fmcheca@ugr.es

Esther Menéndez Gutiérrez

Departamento de Microbiología y Genética
Universidad de Salamanca
España
esthermenendez@usal.es

Mercedes Monteoliva Sánchez

Departamento de Microbiología
Facultad de Farmacia
Universidad de Granada
España

Maria Alejandra Moreno Rodríguez

Departamento de Microbiología
Facultad de Farmacia
Universidad de Granada
España
marialemr@correo.ugr.es

Maria Magdalena Mulet Pol

Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
mmagdalena.mulet@uib.es

Raul Muñoz Jiménez

Pharmamar
España
rmunoz@pharmamar.com

Balbina Nogales Fernández
Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
bnogales@uib.es

Pilar Ortíz Sandoval
Centro de Investigación biomédica
Universidad de Granada
España
marialemr@correo.ugr.es

Maite Ortúzar Turza
Departamento de Microbiología y Genética
Universidad de Salamanca
España
maiteortuzar@usal.es

María Jesús Pujalte Domarco
Departamento de Microbiología y Ecología
Universitat de València
España
maria.j.pujalte@uv.es

Raúl Riesco Jarrin
Departamento de Microbiología y Genética
Universidad de Salamanca
España
shot89_1000@usal.es

David Ruiz Arahál
Departamento de Microbiología y Ecología
Universidad de Valencia - CECT
España
arahal@uv.es

Rafael Ruiz de la Haba
Departamento de Microbiología y Parasitología
Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
rrh@us.es

Alicia Ruiz Rodriguez

Departamento de Microbiología
Facultad de Farmacia
Universidad de Granada
España
aliruizrodriguez@ugr.es

Cristina Sánchez-Porro Álvarez

Departamento Microbiología y Parasitología
Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
sanpor@us.es

Guillem Seguí Crespí

Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
g.segui@uib.es

José María Serpa Laço

Microbiología (Dpto. Biología)
Universitat de les Illes Balears
España
j.serpa@uib.es

Dáša Straková

Departamento Microbiología y Parasitología
Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
dasstr@alum.us.es

Martha Trujillo Toledo

Departamento de Microbiología y Genética
Universidad de Salamanca
España
mett@usal.es

Antonio Ventosa Ucero

Departamento Microbiología y Parasitología
Facultad de Farmacia
Universidad de Sevilla
España
ventosa@us.es

