

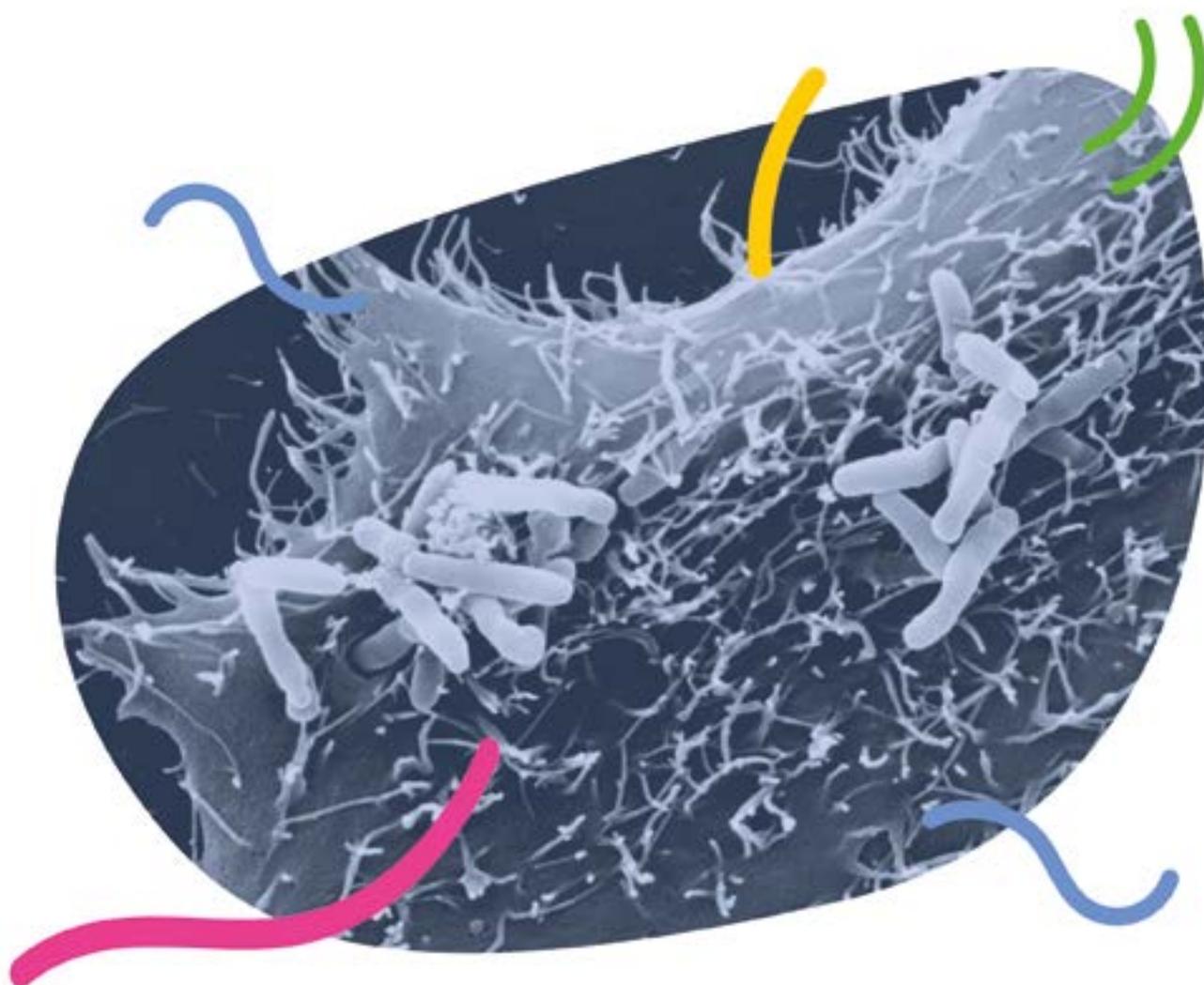


XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA
BURGOS 2023

LIBRO DE ABSTRACTS

**Microorganismos:
Un Universo en Continua Evolución.**

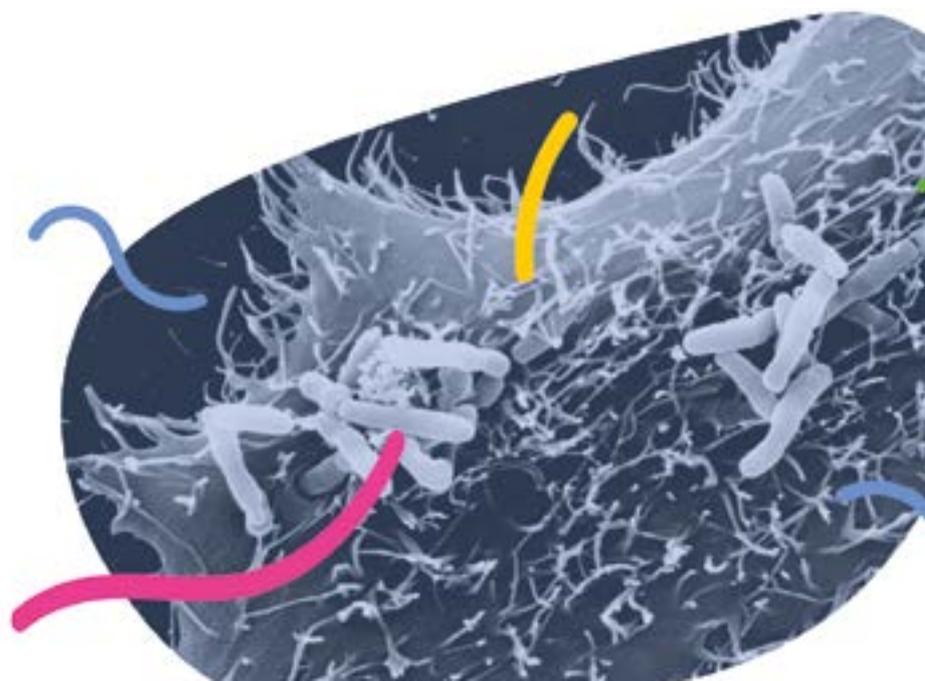
25 - 28 JUNIO 2023





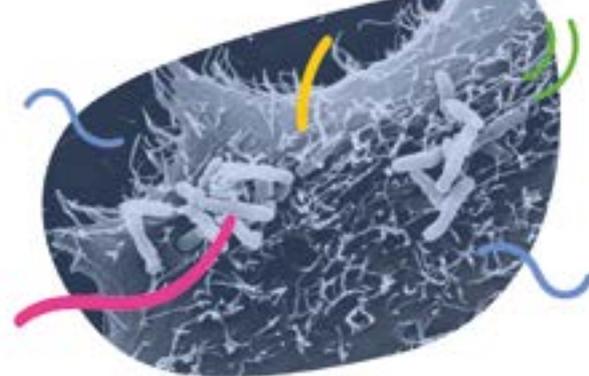
XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

BURGOS 2023



**Microorganismos:
Un Universo en Continua Evolución.**

25 - 28 JUNIO 2023



ÍNDICE

COMITÉS.....	4
CONFERENCIAS DE APERTURA.....	6
COMUNICACIONES DE SIMPOSIO	14
COMUNICACIONES ORALES	76
COMUNICACIONES PÓSTERES	185
CONFERENCIA DE CLAUSURA.....	516
ÍNDICE DE AUTORES	517



COMITÉS

JUNTA DIRECTIVA

PRESIDENTE:	Rafael Giraldo Suárez
VICEPRESIDENTA:	Inmaculada Llamas Company
SECRETARIA:	Alicia Prieto Orzanco
TESORERO:	Victor Jiménez Cid
VOCALES:	Inés Arana Basabe Ignacio Belda Aguilar Susana Campoy Sánchez Margarita Gomila Ribas Montserrat Llagostera Casas

EDITORA DE LA REVISTA INTERNATIONAL MICROBIOLOGY:

Asunción de los Ríos

DIRECTORA DE SEM@FORO:

Malema Martínez Cañamero

DIRECTORA DE NOTICIA SEM:

Jessica Gil Serna

RESPONSABLE CURSOS DE FORMACIÓN CONTINUA ON-LINE:

Diego Alejandro Moreno Gómez

DIRECTORA DE LA COLECCIÓN ESPAÑOLA DE CULTIVOS TIPO (CECT):

Rosa Aznar Novella

WEBMASTER DE LA SEM:

Manuel Sánchez Angulo

PRESIDENTES DE GRUPOS ESPECIALIZADOS:

Alicia Muro Pastor (*Microbiología molecular*)

Jesús López Romalde (*Taxonomía, filogenia y diversidad*)

Emilia López Solanilla (*Microbiología de plantas*)

Alicia Estévez Toranzo (*Microbiología del medio acuático*)

Gonzalo García de Fernando Minguillón (*Microbiología de los alimentos*)

José Antonio Gil Santos (*Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana*)

Óscar Zaragoza Hernández (*Biología de los microorganismos patógenos*)

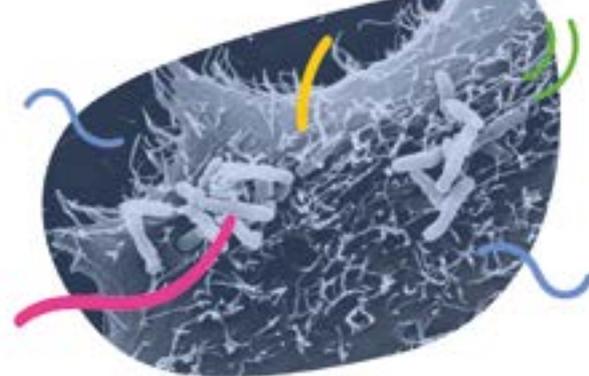
María Ángeles de la Torre Ruiz (*Hongos Filamentosos y Levaduras*)

Ignacio López-Goñi (*Docencia y difusión de la Microbiología*)

Ana M^a García Ruiz (*Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación*)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



COMITÉ ORGANIZADOR

PRESIDENTE:	David Rodríguez Lázaro (<i>Universidad de Burgos</i>)
VICEPRESIDENTE:	Juan Ayllón Beresain (<i>Universidad de Burgos</i>)
SECRETARIO:	Jorge Santamaria Palacios (<i>Universidad de Burgos</i>)
TESORERO:	Víctor Jiménez Cid (<i>Universidad Complutense de Madrid</i>)
VOCALES:	Rosa Capita González (<i>Universidad de León</i>) Lorena Casado Martin (<i>Universidad de Burgos</i>) José María Eiros Bouza (<i>Universidad de Valladolid</i>) Isabel Fernández Natal (<i>Complejo Asistencial Universitario de León</i>) José Antonio Gil Santos (<i>Universidad de León</i>) Marta Hernández Pérez (<i>ITACyL</i>) Beatriz Melero Gil (<i>Universidad de Burgos</i>) Daniel Pérez Alonso (<i>Universidad de Burgos</i>) Jordi Rovira Carballido (<i>Universidad de Burgos</i>) Nadine Yeramian Hakim (<i>Universidad de Burgos</i>)

COMITÉ CIENTÍFICO

CO-ORGANIZADORES:	Rafael Giraldo Suárez (<i>CNB-CSIC</i>) David Rodríguez-Lázaro (<i>Universidad de Burgos</i>)
SECRETARÍA:	Alicia María Prieto Orzanco (<i>CIB-CSIC</i>)
VOCALES:	Inés Arana Basabe (<i>Universidad del País Vasco</i>) Rosa Aznar Novella (<i>Universidad de Valencia - CECT</i>) Ignacio Belda Aguilar (<i>Universidad Complutense de Madrid</i>) Alicia Estévez Toranzo (<i>Universidad de Santiago de Compostela</i>) María José Figueras Salvat (<i>Universitat Rovira i Virgili</i>) Gonzalo García de Fernando Minguillón (<i>Universidad Complutense de Madrid</i>) Ana María García Ruiz (<i>Universidad Politécnica de Madrid</i>) Adolfo García Sastre (<i>Cornell University, USA</i>) José Antonio Gil Santos (<i>Universidad de León</i>) Jessica Gil Serna (<i>Universidad Complutense de Madrid</i>) Víctor Jiménez Cid (<i>Universidad Complutense de Madrid</i>) Montserrat Llagostera Casas (<i>Universidad Autónoma de Barcelona</i>) Inmaculada Llamas Company (<i>Universidad de Granada</i>) Ignacio López Goñi (<i>Universidad de Navarra</i>) Jesús López Romalde (<i>Universidad de Santiago de Compostela</i>) Emilia López Solanilla (<i>Universidad Politécnica de Madrid</i>) Magdalena Martínez Cañamero (<i>Universidad de Jaén</i>) Diego Alejandro Moreno Gómez (<i>Universidad Politécnica de Madrid</i>) Alicia Muro Pastor (<i>Centro de Investigaciones Científicas Isla de la Cartuja</i>) Asunción de los Ríos (<i>Museo Nacional de Ciencias naturales, CSIC</i>) Manuel Sánchez Angulo (<i>Universidad Miguel Hernández</i>) M ^a Ángeles de la Torre Ruiz (<i>Universidad de Lleida</i>) Antonio Ventosa Ucero (<i>Universidad de Sevilla</i>) Óscar Zaragoza Hernández (<i>Instituto de Salud Carlos III</i>)



CONFERENCIAS DE APERTURA

EL ORIGEN DE LA VIDA MICROBIANA EN LA TIERRA... ¿Y FUERA DE ELLA?

Carlos Briones Llorente.

(Departamento de Evolución Molecular. Centro de Astrobiología, CSIC-INTA, Madrid.)

La astrobiología es una ciencia joven y marcadamente interdisciplinar, que combina los avances en distintos campos de la física, geología, química, biología e ingeniería. En ese contexto estudiamos cómo comenzó la vida microbiana en nuestro planeta y si la transición entre la química y algún tipo de biología pudo darse también en otros entornos que consideramos "habitables" dentro del Sistema Solar. Entre ellos destacan el subsuelo de Marte, las nubes de Venus, y los satélites de Júpiter o Saturno que poseen océanos de agua líquida bajo su superficie, como Europa, Encélado o Titán. Fuera de nuestro vecindario cósmico se buscan señales de vida en los planetas extrasolares, de los que ya se conocen casi 6.000. Así, investigando en química prebiótica, evolución molecular y microbiología de ambientes extremos, nos preguntamos si es más probable que estemos solos... o que el Universo se encuentre lleno de vida.

MICROBIOS Y SAPIENS. ¿VIDAS PARALELAS?

Maria Martín.

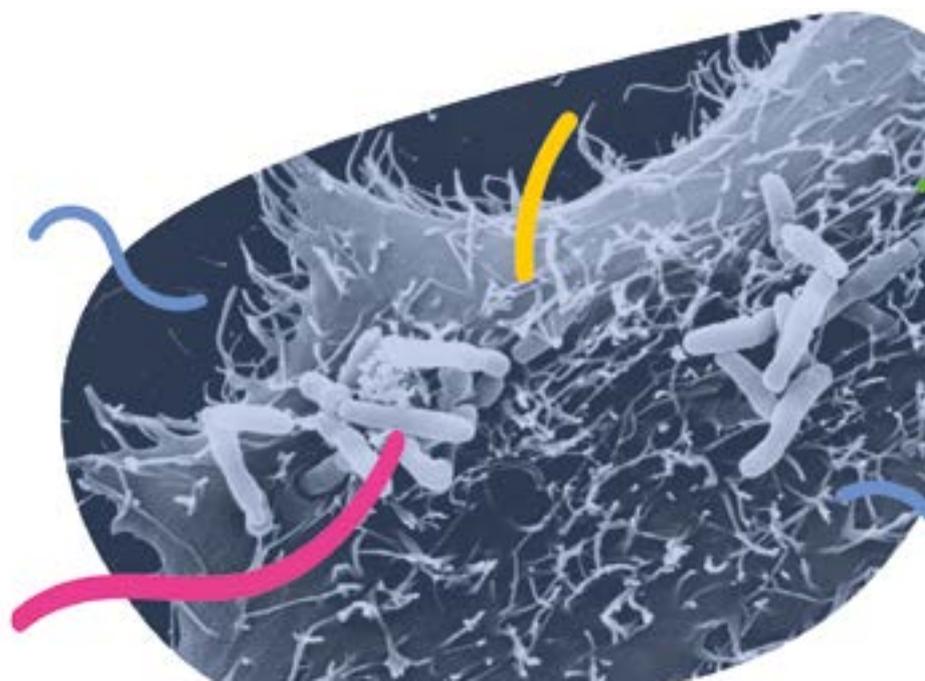
(Centro Nacional de Investigación sobre la Evolución Humana, CENIEH)

La teoría evolutiva tiene mucho que aportar a la comprensión de la enfermedad en nuestra especie. La reciente pandemia ha supuesto un mazazo al "orgullo sapiens" y pone sobre la mesa la vulnerabilidad de una especie que se creía bien adaptada. La selección natural parece incapaz de eliminar muchos de los males que afligen a una especie que, paradójicamente, ha creado su propio medio y destino ¿Son las enfermedades, simplemente, un signo de inadaptación? ¿Es Homo sapiens una chapuza evolutiva? ¿O quizá nuestras enfermedades hablan también de nuestras fortalezas?



XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

BURGOS 2023

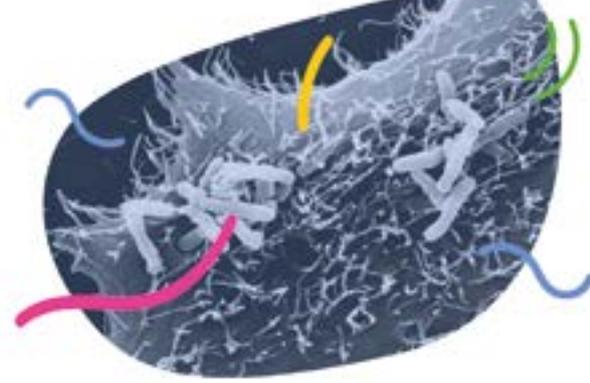




ÍNDICE
SIMPOSIO

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIOS

1. MICROBIOMA, CONSORCIOS MICROBIANOS Y COMUNIDADES SINTÉTICAS

- Impacto en el holobionte planta de un agente de biocontrol bacteriano.
Jesús Mercado (IAS-CSIC, Córdoba)
- Comunidades sintéticas para el diseño de inoculantes agrícolas y de protección ambiental.
Marta Martín Basanta (UAM, Madrid)
- Conjugación sintética dirigida.
Marta Robledo (IBBTEC, Cantabria)
- Microbial communities-driven distributed catalysis as a new paradigm in Industrial Biotechnology.
Juan Nogales (CNB-CSIC, Madrid)

2. RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS, LA PANDEMIA SILENCIOSA (I)

- Identifying plasmid-chromosome interactions to combat antibiotic resistance.
Cristina Herencias (H.U. Ramón y Cajal, Madrid)
- Enfoques evolutivos frente a las infecciones bacterianas: sensibilidad colateral estable y transitoria en *Pseudomonas aeruginosa*".
Sara Hernando-Amado (CNB-CSIC)
- "El resistoma móvil de *Salmonella enterica*".
María Pilar Garcillán (IBBTEC, Cantabria)
- Differences in vertical and horizontal transmission dynamics shape plasmid distribution in clinical enterobacteria.
Álvaro San Millán (CNB-CSIC)

3. MICROORGANISMOS Y EVOLUCIÓN

- Aplicación de la taxonomía de plásmidos al análisis de la propagación de *Salmonella typhi* XDR.
Fernando de la Cruz (IBBTEC, Cantabria)
- Asociación entre la evolución de genes del sistema inmune humano y la Peste Negra (1347-1352).
Javier Pizarro-Cerdá (Yersinia Research Unit, Institut Pasteur, Paris)
- Complejidad celular de un Asgardarquea y su posible relación con el origen de los eucariotas.
Rafael I. Ponce-Toledo (Archaea Biology and Ecogenomics Unit, U. Vienna, Austria)
- La dependencia de la vitamina B12 del hospedador ha modelado la evolución de las bacterias causantes de la tuberculosis.
Jesús Gonzalo-Asensio (U. Zaragoza)



4. GEOMICROBIOLOGÍA, MICROORGANISMOS Y CAMBIO CLIMÁTICO

- "Agroecosistemas sostenibles para las personas y los microorganismos".
Ángel Valverde (*IRNASA-CSIC, Salamanca*)
- Los microorganismos termófilos en suelos y el cambio climático.
Juan M. Gonzalez Grau (*IRNAS-CSIC*)
- Contribución de los microorganismos a la meteorización de las rocas bajo escenarios de cambio climático.
Asun de los Ríos (*MNCN, Madrid*)
- Ecología microbiana de la atmósfera y efectos del cambio global en la dispersión de microorganismos.
Emilio Ortega Casamayor (*CEAB-CSIC, Blanes*)

5. MICROBIOTA Y SALUD

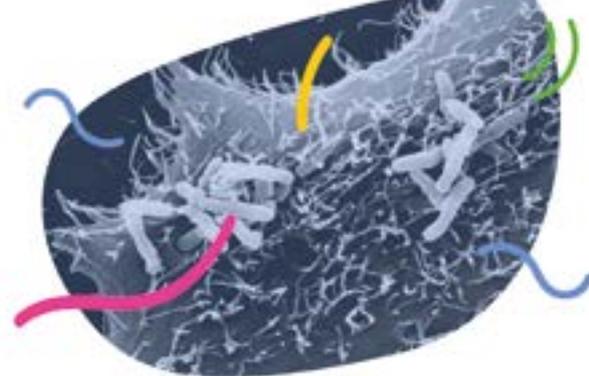
- Microbiota y Salud Humana.
Rosa del Campo (*H.U. Ramón y Cajal, Madrid*)
- Microbiota and neurodegenerative diseases: The prion-like connection.
Natalia Sanchez de Groot (*UAB*)
- Bioactivación de los fitoestrógenos por la microbiota intestinal.
José María Landete (*INIA-CSIC, Madrid*)
- Establecimiento de la microbiota intestinal en la infancia: factores que determinan su desarrollo e impacto en la salud.
Miguel Gueimonde (*IPLA-CSIC, Asturias*)

6. RESURRECCIÓN Y EVOLUCIÓN DIRIGIDA DE ENZIMAS MICROBIANAS: UN VIAJE AL PASADO Y AL FUTURO

- Ancestral sequence resurrection for the design of novel CRISPR-associated endonucleases.
Ylenia Jabalera (*CIC BioGUNE*)
- La evolución al servicio del diseño de enzimas.
Susana Camarero (*CSIC, Madrid*)
- "Towards a sustainable future: unleashing the power of evolution for engineering PET hydrolases".
Eva García (*ICP-CSIC, Madrid*)
- Reconstrucción de oxidorreductas ancestrales para entender la evolución de enzimas y organismos.
Iván Ayuso-Fernández (*Norwegian University of Life Sciences*)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



7. RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS, LA PANDEMIA SILENCIOSA (II)

- **One Health: Elementos Genéticos Móviles y Más.**
Bruno González Zorn (*Fac. Veterinaria, UCM, Madrid*)
- **La lucha contra la resistencia antimicrobiana: cómo la monitorización y la epidemiología basada en aguas residuales pueden marcar la diferencia.**
Marcos Quintela Baluja (*U. Santiago*)
- **Caracterización de aislados de Candida parapsilosis resistentes a azoles y causantes de brotes Hospitalarios de infección fúngica.**
Laura Alcázar Fuoli (*ISCIII, Madrid*)
- **Descuidando el jardín: resistencia a antibióticos y medio ambiente.**
Carles Borrego (*Instituto Catalán de Investigación del Agua - ICRA*)

8. MICROORGANISMOS EN BIOCONTROL DE PLAGAS Y ENFERMEDADES

- **Hongos entomopatógenos: más allá del control de plagas.**
Enrique Quesada Moraga (*Universidad de Córdoba*)
- **Explorando el microbioma asociado a olivo para la gestión de enfermedades causadas por patógenos vasculares.**
Blanca Landa (*IAS-CSIC, Córdoba*)
- **Retos y oportunidades de la Resistencia Inducida por micorrizas en la protección de cultivos.**
María José Pozo (*EEZ-CSIC*)
- **Cómo la matriz extracelular perfila la interacción mutualista Bacillus-planta.**
Diego Romero (*U. Málaga*)

9. BIOTECNOLOGÍA Y ECONOMÍA CIRCULAR

- **Fungal glycosyl hydrolases for cellulose and hemicellulose valorization.**
María Jesús Martínez (*CIB-CSIC*)
- **The Dark Side of Plant-Microbe Interactions: Harnessing the Power of Dark Septate Endophytes.**
Francesc X. Prenafeta (*IRTA, Barcelona*)
- **Acelerando la degradación de plásticos.**
Rafael Bosch (*UIB, Mallorca*)
- **Black yeast "Aureobasidium pullulans"- from polyextremotolerance to biocontrol.**
Nina Gunde-Cimerman (*U. Ljubljana, Eslovenia*)



10. COEVOLUCIÓN FAGOS-BACTERIAS Y TERAPIA FÁGICA

- Relevancia de lo bacteriófagos e islas de patogenicidad en la práctica clínica.
M^a Ángeles Tormo Más (*IIS La Fe, Valencia*)
- Bacteriófagos, endolisinas y seguridad alimentaria.
Pilar García (*IPLA-CSIC, Asturias*)
- Phage interactions in therapeutic cocktails: a tale of tails.
Pilar Domingo-Calap (*I2SysBio, U. Valencia-CSIC*)
- Dual pathogenicity island transfer by piggybacking lateral transduction.
José Rafael Penadés (*Imperial College, Londres*)

11. CAMBIO GLOBAL Y ENFERMEDADES EMERGENTES

- El virus de la enfermedad de Newcastle: Una plataforma vacunal contra infecciones viricas emergentes.
Adolfo García-Sastre (*H. Mount Sinai, NY, USA*)
- Malaria: una enfermedad de nuestros días.
Francisco Javier Gamo (*GSK*)
- Fauna, cambio climático y Candida auris.
Alba Ruiz Gaitan (*Hospital La Fe, Valencia*)
- Modelos de ratones quiméricos para estudiar virus zoonóticos emergentes.
Beatriz Escudero-Pérez

12. TALLER SOBRE COMUNICACIÓN CIENTÍFICA

- Sugerencias, claves y rutinas recomendables para escribir un libro de divulgación sobre microbiología.
Raúl Rivas (*U. Salamanca*)
- Esto va de Micro. The making of.
Jessica Gil (*Fac. Biología, UCM, Madrid*)
- Historia de la divulgación científica ¿Cuántos libros conocemos?
José Ramos Vivas (*U. Europea del Atlántico, Cantabria*)
- "Visible or vanish": o te haces visible o desapareces.
Ignacio López Goñi (*U. Navarra*)

13. DOMESTICACIÓN Y ADAPTACIÓN DE MICROORGANISMOS DE INTERÉS INDUSTRIAL Y ALIMENTARIO

- **Biodesinfección en entornos industriales: Nuevos horizontes de domesticación.**
Baltasar Mayo (*IPLA-CSIC, Asturias*)
- **Adaptación de *Lactiplantibacillus pentosus* a las fermentaciones de aceitunas de mesa.**
Albert Bordons (*Catedrático Emérito URV, Tarragona*)
- **Composición microbiana, sucesión e interacciones en una leche fermentada natural.**
Francisco Noé Arroyo (*IG-CSIC, Sevilla*)
- **Generando biodiversidad en *Lactococcus lactis* mediante evolución adaptativa.**
Beatriz Martínez Fernández (*IPLA-Asturias*)

14. ADAPTACIÓN MICROORGANISMOS PATÓGENOS AL HOSPEDADOR

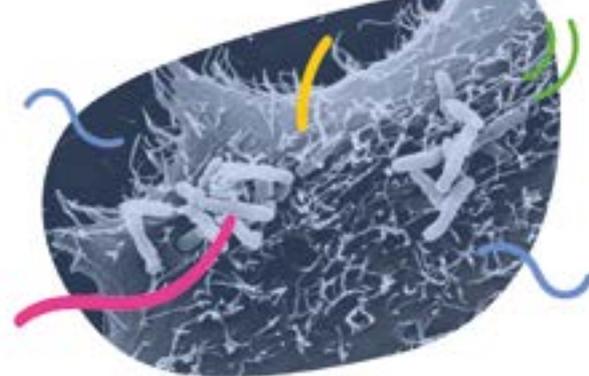
- **La pared celular bacteriana y la adaptación a la vida intracelular.**
Francisco García del Portillo (*CNB-CSIC, Madrid*)
- **Mecanismos de adaptación al estado comensal de *Candida albicans*: una cuestión de genética, nutrición y forma física.**
Jesús Pla Alonso (*UCM, Madrid*)
- **Participación de los progenitores hematopoyéticos en la inmunidad entrenada frente a las infecciones fúngicas.**
Alberto Yáñez (*UV, Valencia*)
- **Insights on the *Ralstonia solanacearum* life cycle: adaptation to the host and to the environment.**
Marc Valls (*CRAG/U. Barcelona*)

15. DESARROLLO PROFESIONAL EN MICROBIOLOGÍA: ¿UNA CARRERA DE OBSTÁCULOS?

- **Enfermé dehors - azar y contingencia en la carrera investigadora.**
José A. Escudero (*UCM, Veterinaria*)
- **¿Por qué entiendes abracadabra cuando quiero decir eureka?**
Oscar J. Esteban Cabornero (*Grupo Entrepinares*)
- **¿Es posible investigar en una empresa privada en nuestro país?**
Daniel Ramón (*Biopolis, I2SysBio, Valencia*)
- **Desarrollo profesional y desarrollo personal en Microbiología.**
Fernando Baquero (*H.U. Ramón y Cajal, Madrid*)



COMUNICACIONES SIMPOSIO



SIMPOSIO 1

Microbioma, consorcios microbianos y comunidades sintéticas

IMPACTO EN EL HOLOBIONTE PLANTA DE UN AGENTE DE BIOCONTROL BACTERIANO

Jesús Mercado Blanco¹.

¹(Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada, España)

Resumen de la comunicación

La planta y su microbioma asociado constituyen un holobionte. Las complejas comunidades microbianas que colonizan el interior y la superficie de los órganos y tejidos de dicho metaorganismo, así como las interacciones entre sus componentes, influyen decisivamente en su desarrollo, salud, productividad y capacidad para confrontar situaciones adversas tales como el estrés causado por el ataque de patógenos. En un contexto de manejo integrado de enfermedades de los cultivos, el control biológico puede considerarse como una de las estrategias más sostenible y respetuosa con el medio ambiente. Sin embargo, muchos aspectos de la interacción holobionte planta-fitopatógeno-agente de biocontrol quedan aún por dilucidar. Para profundizar en ellos son necesarios abordajes holísticos que contemplen a la planta como la suma del organismo vegetal y su microbioma. En el caso de enfermedades de difícil control, caso de la verticilosis del olivo o la fusariosis del banano, el uso de agentes de biocontrol (ABC) ofrece interesantes expectativas y prometedores resultados. Las aproximaciones habituales son de tipo de reduccionista, basadas en el empleo de un único ACB. Sin embargo, el uso de consorcios o comunidades sintéticas de microorganismos ofrece interesantes perspectivas aún poco exploradas. *Pseudomonas simiae* PICF7 es una rizobacteria con gran versatilidad como ABC y promotora del crecimiento vegetal que hemos usado como modelo. En esta ponencia se resumirán los efectos más relevantes que la cepa PICF7 provoca en diferentes cultivos de indudable interés económico. Se ofrecerá una visión global del efecto que su aplicación tiene sobre el holobionte banano. Los resultados obtenidos pueden abrir novedosas líneas de investigación en programas de mejora frente a estreses y en el diseño de estrategias de control de enfermedades.

Financiación

Proyectos PID2019-106283RB-I00 (MICIU/AEI) y Horizon 2020 MUSA (grant no. 727624).

Referencias

Cardoni y col. (2023) *Environmental Microbiome* 18: 21.

Fernández-González y col. (2021) *Computational and Structural Biotechnology Journal* 19: 4777-4789.

Gómez-Lama Cabanás y col. (2022) *Frontiers in Microbiology* 13:809126.



MICROBIAL COMMUNITIES-DRIVEN DISTRIBUTED CATALYSIS AS A NEW PARADIGM IN INDUSTRIAL BIOTECHNOLOGY.

Mónica Montoya¹, Laura Carrera¹, Daniel Garrido-Sanz², Miguel Redondo-Nieto¹, David Durán¹, Rafael Rivilla¹ y Marta Martín¹.

¹(Facultad de Ciencias, Dpto de Biología UAM, Madrid, España)

²(Department of Fundamental Microbiology, University of Lausanne, CH-1015 Lausanne, Switzerland)

Resumen de la comunicación

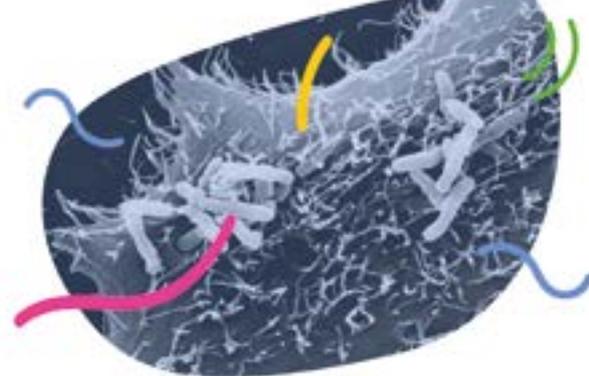
El aislamiento de consorcios naturales para ser utilizados como inoculantes agrícolas o en tecnologías de medio ambiente tiene riesgo de contener taxones indeseables. Es necesaria su deconstrucción para la obtención de consorcios sintéticos (SynComs) libres de patógenos. Para optimizar el rendimiento del SynCom en medios naturales, se busca diversidad filogenética y cierta redundancia funcional. Se ha seguido la estrategia de aislamiento de cepas cultivables mediante crecimiento en diferentes medios de cultivo o aislamiento robótico utilizando un medio de cultivo generalista y posterior dilución a extinción. Las cepas aisladas se identifican provisionalmente mediante secuenciación del 16S y se conoce su potencial por la determinación del metagenoma. Siguiendo esta estrategia hemos construido dos SynComs para ser utilizados en biorremediación de hidrocarburos y la promoción del crecimiento del tomate. Se partió de un suelo contaminado con aceites pesados para el diseño de la comunidad biorremediadora y se aisló un consorcio de rizosfera de tomates crecidos en una parcela comercial para diseñar el inoculante agrícola. En el primer caso, se utilizaron cultivos de enriquecimiento con Diésel y para el caso del inoculante agrícola, cultivos con exudados radiculares y extractos de raíz. El consorcio biorremediador obtenido tenía alrededor de 50 taxones diferentes (ASVs) incluyendo algunas bacterias indeseables y el SynCom final está compuesto por 8 cepas que albergan el mismo potencial metabólico que todo el consorcio en su conjunto. El consorcio promotor del crecimiento del tomate contenía 75 ASVs, algunos potencialmente dañinos. Se diseñó y construyó un SynCom más reducido con 23 ASVs que albergaba múltiples rasgos promotores del crecimiento y que ha sido probado en plantas de tomate crecidas en invernadero habiendo demostrado mejorar el significativamente el rendimiento agrícola. Para facilitar su trazabilidad y registro hemos reducido esta SynCom a una que contiene 6 cepas que mantienen su potencial promotor del crecimiento del tomate.

Financiación

This work has been financed by PID2021-125070OB-I00 (MINECO/FEDER EU) y Greener H2020 GA 826312.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



CONJUGACIÓN SINTÉTICA DIRIGIDA

Marta Robledo Garrido^{1,2}, Beatriz Álvarez González³, David Ruano Gallego⁴, Luis Ángel Fernández Herrero³, Fernando De La Cruz Calahorra¹.

¹(Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, Santander, España)

²(Biomar Microbial Technologies, León, España)

³(Centro Nacional de Biotecnología, Madrid, España)

⁴(Centro De Biología Molecular Severo Ochoa, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La manipulación genética in situ de comunidades microbianas naturales es un desafío biotecnológico. La conjugación, que permite la transferencia natural de material genético entre bacterias, sería método de entrada más adecuado pero es un proceso inespecífico e ineficiente, especialmente en medio líquido. Por ello, en este trabajo (1) nos propusimos desarrollar de una nueva metodología para la transferencia de elementos genéticos móviles de forma dirigida, convirtiendo la conjugación en un proceso específico y eficiente que permita la transferencia de DNA a células diana presentes en comunidades microbianas complejas. Nuestro método de conjugación dirigida está basado en un sistema sintético de adhesión bacteriana (2). Aquí, las bacterias donadoras tienen localizados en su membrana externa Nanobodies específicos (Nb) contra antígenos (Ag) presentes en la superficie de células diana receptoras. El puente sintético formado por los pares Nb-Ag aumenta hasta 1000 veces la frecuencia de conjugación y movilización de varios plásmidos conjugativos, especialmente de los grupos IncP, IncN and IncW en medio líquido, e incluso en presencia de sistemas de exclusión de entrada. Estos resultados confirman además que la adhesión célula-célula es el proceso esencial que limita la eficiencia de la conjugación.

Nuestro sistema permite además una conjugación eficiente a células patógenas que expresan Ag específicos, como *Escherichia coli* enterohemorrágica (EHEC), dentro de una comunidad microbiana. Por tanto, estos resultados abren la puerta a la posibilidad de programar intervenciones a nivel genético de bacterias presentes en comunidades nativas complejas de forma selectiva para diversas aplicaciones clínicas o ambientales.

Financiación

PID2020-117923GB-I00, BIO2017-89081-R, PLEC2021-007739

Hipervínculo

<https://doi.org/10.1093/nar/gkac1164>

Referencias

(1) Robledo y col. (2022) *Nucleic Acid Research*, 50 (22) 12938–50.

(2) Piñero-Lambecka y col. (2015) *ACS Synthetic Biology*, 4, 463–473.

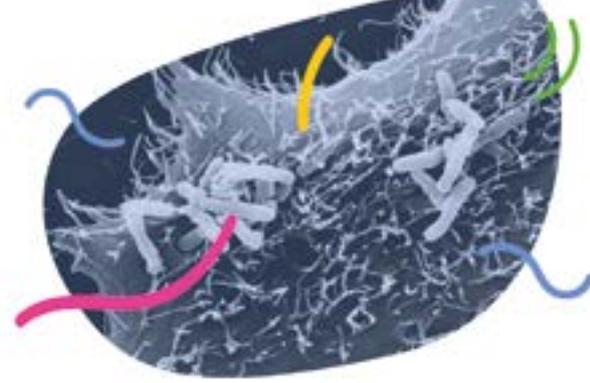


MICROBIAL COMMUNITIES-DRIVEN DISTRIBUTED CATALYSIS AS A NEW PARADIGM IN INDUSTRIAL BIOTECHNOLOGY

Juan Nogales.

Resumen de la comunicación

Microbes do not live in isolation but in microbial communities. The relevance of microbial communities is increasing due to growing awareness of their influence on a huge number of environmental, health and industrial processes. Hence, being able to control and engineer the output of both natural and synthetic communities would be of great interest. However, in vivo microbial consortia development is extremely difficult and costly because it implies replicating suitable environments in the wet-lab. Computational approaches thus emerge as alternative to study and engineer microbial communities. In this talk it will be discussed the use of computational approaches toward the design of complex biological phenotypes in the context of microbial consortia. Furthermore, it would be shown the application of this technology in (un)conventional biotechnological applications.



SIMPOSIO 2

Resistencia a antimicrobianos, la pandemia silenciosa (I)

IDENTIFYING PLASMID-CHROMOSOME INTERACTIONS TO COMBAT ANTIBIOTIC RESISTANCE.

Cristina Herencias.

Resumen de la comunicación

Servicio de Microbiología, Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRYCIS), Hospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid; Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas-CIBERINFEC, Instituto de Salud Carlos III, Madrid.

The rise and worldwide spread of antimicrobial resistance (AMR) has become a great concern for global public health in recent years. Bacterial pathogens share AMR genes primarily through horizontal gene transfer facilitated by mobile genetic elements accelerating the dissemination of AMR, and leading to a greater burden of drug resistance. Consequently, there is an urgent necessity to develop new strategies aimed at controlling bacterial infections and curtailing the proliferation of AMR.

Plasmids are one of these elements facilitating the horizontal transfer of AMR genes between bacteria. However, under non-selective conditions, plasmid acquisition often comes with a fitness cost. This cost translates into a reduced growth rate and weakened competitiveness of plasmid-bearing strains. Despite the paramount importance of plasmids for bacterial ecology and evolution, the molecular mechanisms driving plasmid fitness costs still need to be better understood.

In this study, we used CRISPR interference (CRISPRi) screenings to shed light on these mechanisms. CRISPRi screens provide information on the fitness effects produced by individually blocking the transcription of all genes within a genome one by one. By targeting all genes within the *Escherichia coli* genome, we deciphered the molecular basis of the fitness costs produced by diverse AMR plasmids with unprecedented throughput and precision. Our results revealed multiple plasmid-specific responses highlighting the pervasive crosstalk between plasmid and chromosomal genes. More importantly, we uncovered a source of fitness costs that is conserved across plasmids and involves the cellular periplasmic stress response. These findings have significant implications for plasmid evolution while suggesting a common mechanism for plasmid fitness costs. Additionally, they unveil promising candidate genes that could serve as targets in novel therapies for effectively curbing the dissemination of AMR plasmids.



ENFOQUES EVOLUTIVOS FRENTE A LAS INFECCIONES BACTERIANAS: SENSIBILIDAD COLATERAL ESTABLE Y TRANSITORIA EN PSEUDOMONAS AERUGINOSA

Sara Hernando Amado¹, Pablo Laborda^{1,2,3}, José Luis Martínez¹.

¹(Centro Nacional de Biotecnología. CSIC, Madrid, España)

²(The Novo Nordisk Foundation Center for Biosustainability, Technical University of Denmark, Copenhagen, Dinamarca)

³(Department of Clinical Microbiology 9301, Rigshospitalet, Copenhagen, Dinamarca)

Resumen de la comunicación

La sensibilidad colateral (SC) es un trade-off evolutivo, tradicionalmente vinculado a la adquisición de mutaciones (o genes) de resistencia, por el que la adquisición de resistencia a un antibiótico causa sensibilidad a otro. La aplicación clínica de la SC se ve dificultada por su falta de conservación en distintos contextos genéticos de una misma especie, siendo necesario identificar patrones robustos de SC. Hemos visto que la adquisición de distintas mutaciones de resistencia a ciprofloxacino da lugar a una SC robusta a tobramicina en mutantes de *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a los antibióticos, así como en aislados clínicos con secuenciotipos y resistomas mutacionales variados (1, 2); un caso de convergencia fenotípica en ausencia de evolución paralela. Así, el uso combinado de ciprofloxacino y tobramicina resultó ser muy eficaz causando la extinción de los contextos genéticos analizados. Si bien las diferentes vías de adquisición de resistencia a ciprofloxacino dan lugar a SC a tobramicina, su intensidad es mayor cuando se seleccionan mutantes en *nfxB*, que sobreproducen la bomba de expulsión MexCD-OprJ. Por tanto, planteamos la hipótesis de que sería posible inducir un estado de SC transitoria (no heredable) mediante el uso del antiséptico cloruro de decualinio (3), un inductor de la expresión de *mexCD-oprJ* que causa resistencia transitoria a ciprofloxacino. Esta estrategia induce un estado de SC transitoria a tobramicina en los distintos mutantes resistentes analizados, incluyendo aislados clínicos variados, algunos de ellos previamente resistentes a tobramicina e incluyendo clones de alto riesgo. Además, la combinación de tobramicina y cloruro de decualinio da lugar a la extinción de dichos aislados. Nuestros datos respaldan que la SC transitoria podría permitir el diseño de nuevas estrategias para tratar infecciones, incluyendo aquellas causadas por bacterias resistentes a los antibióticos y evitando la adquisición de resistencia de la que depende la SC heredable.

Referencias

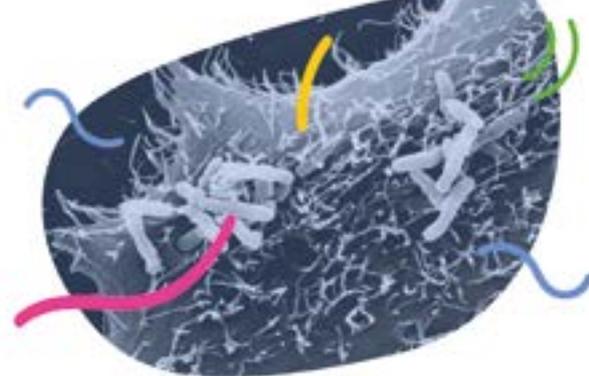
(1) Hernando-Amado, S., Laborda, P., Valverde, J. R. & Martínez, J. L. Mutational background influences *P. aeruginosa* ciprofloxacin resistance evolution but preserves collateral sensitivity robustness. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 119, e2109370119, doi:10.1073/pnas.2109370119 (2022).

(2) Hernando-Amado, S. et al. Rapid Phenotypic Convergence towards Collateral Sensitivity in Clinical Isolates of *Pseudomonas aeruginosa* Presenting Different Genomic Backgrounds. *Microbiology Spectrum*, e0227622, doi:10.1128/spectrum.02276-22 (2022).

(3) Hernando-Amado, S., Laborda, P. & Martínez, J. L. Tackling antibiotic resistance by inducing transient and robust collateral sensitivity. *Nature Communications* 14, 1723, doi:10.1038/s41467-023-37357-4 (2023).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



EL RESISTOMA MÓVIL DE SALMONELLA ENTERICA

M. Pilar Garcillán Barcia¹, Arancha Peñil Celis¹, Santiago Redondo Salvo², Fernando De La Cruz Calahorra¹.

¹(Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, Santander, España)

²(Biomar Microbial Technologies, León, España)

Resumen de la comunicación

Salmonella enterica (Salen) abarca un grupo de microorganismos patógenos relevantes para la salud pública a nivel global. Salen contiene plásmidos implicados en la virulencia y en la adquisición y diseminación de resistencias a antimicrobianos (AMR). Por ello, resulta relevante estudiar las propiedades del plasmidoma global de Salen. En este estudio hemos analizado el plasmidoma de un conjunto de 845 genomas completos de Salen. Los 928 plásmidos fueron clasificados en 64 unidades taxonómicas plasmídicas (PTUs) para las que se diseccionaron sus características idiosincráticas, incluyendo el análisis del genoma persistente, pangenoma, rango de hospedador, capacidad de transmisión y coexistencia con otras PTUs. Encontramos que los genes AMR y los de virulencia segregan en PTUs diferentes. Los genes AMR son más abundantes en plásmidos, especialmente en aquellos transmisibles por conjugación, que en cromosomas. 30 PTUs codifican genes AMR y 15 de ellas confieren a sus hospedadores fenotipo de resistencia múltiple (MDR). Las PTUs con más alta densidad de genes AMR son también las que codifican más resistencias a metales y biocidas y tienen capacidad conjugativa. Hemos detectado indicios de transferencia genética horizontal (HGT) reciente entre plásmidos de distintas PTUs y entre plásmidos y cromosomas, siendo los genes AMR los más abundantes, y hemos analizado la posible implicación de los elementos transponibles en estas transferencias.

Financiación

Proyecto PID2020-117923GB-I00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033, Ministerio de Ciencia e Innovación, Gobierno de España)

Contratos 75D30119C06679 y 75D30121C11978 (The Centers for Disease Control and Prevention, USA)

Doctorado Industrial DI-17-09164 (Ministerio de Economía y Competitividad, Gobierno de España)



ANTIMICROBIAL RESISTANCE LEVEL AND CONJUGATION PERMISSIVENESS SHAPE PLASMID DISTRIBUTION IN CLINICAL ENTEROBACTERIA

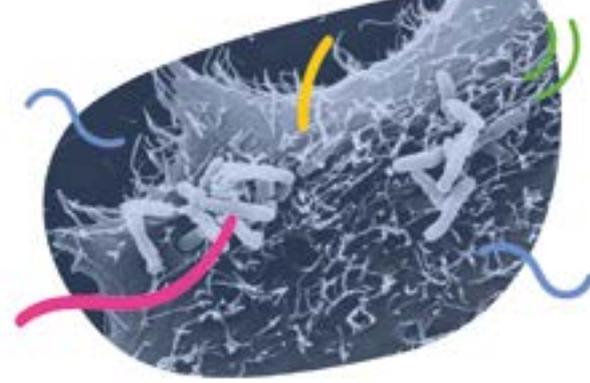
Álvaro San Millán

Resumen de la comunicación

Conjugative plasmids play a key role in the dissemination of antimicrobial resistance (AMR) genes across bacterial pathogens. AMR plasmids are widespread in clinical settings, but their distribution is not random, and certain associations between plasmids and bacterial clones are particularly successful. For example, the globally spread carbapenem resistance plasmid pOXA-48 can use a wide range of enterobacterial species as hosts, but it is usually associated with a small number of specific *Klebsiella pneumoniae* clones. These successful associations represent an important threat for hospitalized patients. However, knowledge remains limited about the factors determining AMR plasmid distribution and maintenance in clinically relevant bacterial communities. Here, we combined in vitro and in vivo experimental approaches to analyze pOXA-48-associated AMR levels and conjugation dynamics in a collection of wild type enterobacterial strains isolated from hospitalized patients. Our results reveal significant variability in these traits across different bacterial hosts, with *Klebsiella* spp. strains showing higher pOXA-48-mediated AMR and conjugation frequencies than *Escherichia coli* strains. Using experimentally determined parameters, we developed a simple mathematical model to interrogate the contribution of AMR levels and conjugation permissiveness to plasmid distribution in bacterial communities. The simulations revealed that a small subset of clones, combining high AMR levels and conjugation permissiveness, play a critical role in stabilizing the plasmid in different polyclonal microbial communities. These results help to explain the preferential association of plasmid pOXA-48 with *K. pneumoniae* clones in clinical settings. More generally, our study reveals that species- and strain-specific variability in plasmid-associated traits shape AMR evolution in clinically relevant bacterial communities.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 3

Microorganismos y evolución

SNP ACCUMULATION VS. ADMIXTURE IN SALMONELLA TYPHI EVOLUTION

Arancha Peñil-Celis¹, Santiago Redondo-Salvo^{1,2}, Luis Vielva³, M Pilar Garcillan-Barcia¹, Fernando de la Cruz^{1*}.

¹(Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, (CSIC, Universidad de Cantabria), Santander, Spain)

²(Biomar Microbial Technologies, León, Spain)

³(Departamento de Ingeniería de las Comunicaciones, Universidad de Cantabria, Santander, Spain)

Resumen de la comunicación

Bacterial genome relatedness is typically measured, and molecular relationships are inferred, by comparing core-genomes, which approximates vertical evolution, or homology-by-descent. The accessory genome, composed of plasmids and other mobile genetic elements, enables rapid adaptation to new niches and acute environmental selection pressures. Measuring homology in the accessory genome – homology-by-admixture – could offer important molecular information for public health application. We applied Jaccard Index (JI) to compute pangenome relatedness for the globally important pathogen *Salmonella enterica* serotype Typhi (Typhi), and graphically express both homology-by-descent and homology-by-admixture in a reticulate network. JI Network Analysis revealed structure in the Typhi pangenome, that can be harnessed to enhance discriminatory power for surveillance, track antimicrobial resistance, and refine our understanding of homology for outbreak management and prevention. This offers a more intricate, multidimensional framework for understanding pathogen evolution.



ASOCIACIÓN ENTRE LA EVOLUCIÓN DE GENES DEL SISTEMA INMUNE HUMANO Y LA PESTE NEGRA (1347-1352)

Javier Pizarro Cerda ¹.

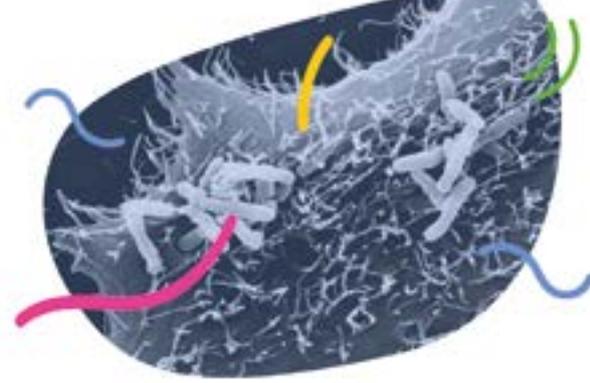
¹(Unidad de Investigación Yersinia Departamento de Microbiología Instituto Pasteur Paris FRANCIA)

Resumen de la comunicación

Las enfermedades infecciosas se encuentran entre las presiones selectivas más fuertes que han moldeado la evolución humana. Esto incluye el mayor acontecimiento de mortalidad de la historia de la humanidad el primer brote de la segunda pandemia de peste, comúnmente llamada la Peste Negra, causada por la bacteria *Yersinia pestis*. Esta pandemia devastó Eurasia, matando hasta el 30-50% de la población entre 1347 y 1352. Para identificar los loci que podrían haber sido objeto de selección durante la Peste Negra, caracterizamos la variación genética en torno a genes relacionados con la inmunidad a partir de 206 extractos de ADN antiguo, procedentes de dos poblaciones europeas diferentes (Londres y Dinamarca) antes, durante y después de la Peste Negra. Los loci inmunes están fuertemente enriquecidos en sitios altamente diferenciados en relación con un conjunto de loci no inmunes, lo que sugiere una selección positiva. Identificamos 35 variantes alélicas altamente diferenciadas en el conjunto de datos de Londres, cuatro de las cuales se replicaron en la cohorte independiente de Dinamarca, y representan los candidatos más fuertes a la selección positiva. El alelo seleccionado para una de estas variantes está asociado con la producción de un transcrito completo del gen *erap2*. Macrófagos provenientes de individuos homocigotos para esta variante tienen una mayor capacidad para destruir *Y. pestis* y muestran un perfil pro inflamatorio en cuanto a la producción de citoquinas después de ser estimulados con el bacilo de la peste. Mostramos igualmente que los alelos protectores se asocian hoy en día con una mayor susceptibilidad a desarrollar enfermedades autoinmunes, proporcionando pruebas empíricas del papel que desempeñaron las pandemias pasadas en la conformación de la susceptibilidad actual a diversas enfermedades.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



COMPLEJIDAD CELULAR DE UN ASGARDARQUEA Y SU POSIBLE RELACIÓN CON EL ORIGEN DE LOS EUCARIOTAS

Rafael Isaac Ponce Toledo¹, Thiago Rodrigues Oliveira², Florian Wollweber³, Jinwei Xu³, Andreas Klingl⁴, Simon Rittmann², Martin Pilhofer³, Christa Schleper².

¹(University of Vienna, Wien, Austria)

²(University of Vienna, Viena, Austria)

³(ETH Zürich, Zurich, Suiza)

⁴(Ludwig-Maximilians-Universität München, Munich, Alemania)

Resumen de la comunicación

Las Asgardarqueas se consideran los parientes más cercanos conocidos de los eucariotas. Sus genomas contienen cientos de proteínas de firma eucariotas (ESP, por sus siglas en inglés), que han inspirado hipótesis sobre el origen y evolución de la célula eucariota^{1,2,3}. Se ha postulado un papel de los ESP en la formación de un citoesqueleto elaborado y estructuras celulares complejas^{4,5}, pero nunca se ha visualizado. Aquí describimos un cultivo altamente enriquecido de 'Candidatus Lokiarchaeum ossiferum', un miembro del filo Asgard, que prospera anaeróbicamente a 20 °C en fuentes de carbono orgánico. Los ESP representan el 5% de sus genes codificadores de proteínas, incluidos cuatro homólogos de actina. Las células son cocoides y contienen una red de protuberancias ramificadas con constricciones frecuentes. La envoltura celular consta de una sola membrana y estructuras superficiales complejas. Un citoesqueleto de largo alcance se extiende a lo largo de los cuerpos celulares, protuberancias y constricciones. La arquitectura de doble cadena retorcida de los filamentos es consistente con la actina F. La inmunotinción indica que los filamentos comprenden Lokiactina, uno de los ESP más conservados en las Asgardarqueas. Proponemos que un citoesqueleto complejo basado en actina es anterior a la aparición de los primeros eucariotas y fue una característica crucial en la evolución del filo Asgard mediante el andamiaje de estructuras celulares elaboradas.

Financiación

European Research Council (AdG TACKLE, 695192),

Austrian Science Fund (FWF): W1257.

Referencias

1. Zaremba-Niedzwiedzka, K. et al. Asgard archaea illuminate the origin of eukaryotic cellular complexity. *Nature* 541, 353–358 (2017).
2. Liu, Y. et al. Expanded diversity of Asgard archaea and their relationships with eukaryotes. *Nature* 593, 553–557 (2021).
3. Eme, L., Spang, A., Lombard, J., Stairs, C. W. & Ettema, T. J. G. Archaea and the origin of eukaryotes. *Nat. Rev. Microbiol.* 15, 711–723 (2017).
4. Stairs, C. W. & Ettema, T. J. G. The archaeal roots of the eukaryotic dynamic actin cytoskeleton. *Curr. Biol.* 30, R521–R526 (2020).
5. Akil, C. et al. Mythical origins of the actin cytoskeleton. *Curr. Opin. Cell Biol.* 68, 55–63 (2021).



LA DEPENDENCIA DE LA VITAMINA B12 DEL HOSPEDADOR HA MODELADO LA EVOLUCIÓN DE LAS BACTERIAS CAUSANTES DE LA TUBERCULOSIS.

Elena Campos Pardos, Santiago Uranga Maiz, Jesús Gonzalo Asensio.¹

¹(Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

La tuberculosis humana y animal está causada por las bacterias del complejo Mycobacterium tuberculosis (MTBC), que ha sufrido una decadencia genómica de los genes biosintéticos de la cobalamina (vitamina B12). En consecuencia, y contrariamente a las micobacterias ambientales, oportunistas y ancestrales; hemos demostrado que *M. tuberculosis* (Mtb), *M. africanum*, y los linajes adaptados a animales, carecen de producción endógena de cobalamina, aunque conservan la capacidad de captación exógena. Un modelo de anemia de B12 en ratones inmunocomprometidos e inmunocompetentes, demuestra una mejor supervivencia, y menores bacterias en órganos, en animales anémicos infectados con Mtb en relación con los controles no anémicos. Por el contrario, no se observaron diferencias entre los grupos de ratones infectados con *M. canettii*, considerado el antecesor del MTBC, y que conserva la biosíntesis de cobalamina. El transcriptoma de respuesta a B12 en tres cepas del MTBC definió la síntesis de L-metionina por los genes *metE* y *metH* como un fenotipo clave. La expresión de *metE* está reprimida por un riboswitch de cobalamina, mientras que *MetH* requiere cobalamina como cofactor. Así, la delección de *metE* atenúa predominantemente Mtb en ratones anémicos; aunque la inactivación de *metH* causa exclusivamente atenuación en controles no anémicos. Estos fenotipos son específicos de Mtb, que a diferencia de *M. canettii* y las micobacterias ambientales, es incapaz de consumir L-metionina exógena. En resumen, en este trabajo mostramos cómo una concentración sub-óptimas de B12 en el hospedador antagoniza la virulencia de Mtb, y describimos una nueva interrelación hospedador-patógeno con implicaciones para las poblaciones con déficit de B12.

Financiación

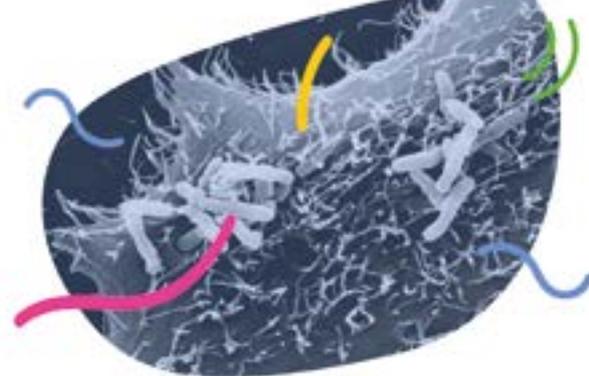
Este trabajo ha sido financiado por un proyecto PID2019-104690RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 a J. G.-A. y por un contrato FPU17/02909 financiado por el Ministerio de Universidades español a E. C.-P.

Hipervínculo

<https://www.researchsquare.com/article/rs-2487911/v1>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 4

Geomicrobiología, microorganismos y cambio climático

AGROECOSISTEMAS SOSTENIBLES PARA LAS PERSONAS Y LOS MICROORGANISMOS

Ángel Valverde ¹.

¹ (IRNASA-CSIC, Salamanca)

Resumen de la comunicación

La mejora genética de los cultivos y la aplicación de cantidades masivas de fertilizantes y pesticidas sintéticos han aumentado significativamente la productividad agrícola. Sin embargo, los cultivos agrícolas con una diversidad ecológica y genética muy baja (monocultivos) son más susceptibles a los eventos climáticos extremos y a patógenos y plagas. Además, la intensificación agrícola reduce la biodiversidad en general, y la diversidad microbiana del suelo en particular, con consecuencias para la regulación del clima, el ciclado de los nutrientes, el crecimiento de las plantas, y el control de plagas y enfermedades.

Una alternativa más sostenible a esta agricultura intensiva, es integrar los procesos ecológicos en las estrategias de gestión de la tierra con el objetivo de mejorar la prestación de servicios ecosistémicos y reducir los aportes antropogénicos; la denominada intensificación ecológica. Los agroecosistemas manejados de esta manera pueden ayudar a mantener la biodiversidad en su conjunto, brindando así una mayor resiliencia de los agroecosistemas al cambio climático. Además, la intensificación ecológica puede mejorar de forma sostenible los rendimientos de los agroecosistemas, mejorando a su vez la rentabilidad y la seguridad alimentaria. Estas nuevas prácticas de gestión se ejemplifican en los sistemas silvopastorales tradicionales de dehesa.



LOS MICROORGANISMOS TERMÓFILOS EN SUELOS Y EL CAMBIO CLIMÁTICO

Juan M. Gonzalez Grau¹, Enrique J. Gomez Fernandez¹, Jose Antonio Delgado Romero², Margarida Santana³.

¹ (Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, IRNAS-CSIC, Sevilla, España)

² (Universidad de Loyola, Sevilla, España)

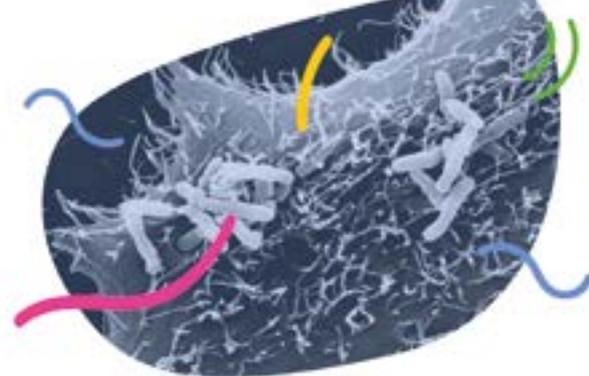
³ (Centro de Ecología, Evolução e Alterações Ambientais, Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal)

Resumen de la comunicación

Los suelos son ambientes muy heterogéneos que albergan una diversidad microbiana extremadamente elevada. Además, los microorganismos desempeñan un papel decisivo en los ciclos biogeoquímicos de los elementos contribuyendo al mantenimiento y buen funcionamiento del ecosistema suelo. Sin embargo, nuestro conocimiento sobre el funcionamiento de los microorganismos del suelo y sus consecuencias en relación al cambio climático aún es limitado. Este estudio se centrará en la presencia, funcionamiento y consecuencias de los microorganismos termófilos presentes en suelos como un modelo de estudio de un tipo de microorganismos generalmente discriminado en las comunidades microbianas del suelo. Los termófilos del suelo están mayoritariamente representados por Firmicutes, principalmente relacionados con el género (Para)Geobacillus. Estas bacterias se encuentran mayoritariamente como células viables y participan activamente en los ciclos del C, N, S y P procesando la materia orgánica del suelo y liberando nutrientes que quedan disponibles a plantas y otros microorganismos. El paso limitante para la descomposición de los compuestos orgánicos complejos del suelo son las enzimas extracelulares de los microorganismos. Las enzimas extracelulares de los microorganismos termófilos del suelo además de funcionar óptimamente a temperaturas elevadas parecen adaptarse a condiciones de bajo contenido hídrico. Estas condiciones son típicas en las capas superiores de suelos durante períodos cálidos y de sequía. Como consecuencia del cambio climático, estos eventos de desecación y elevada temperatura se prevé que aumenten en frecuencia y duración. Por tanto, la actividad de estos termófilos se espera que aumente en el futuro. El papel de estos termófilos es de interés para comprender el funcionamiento de suelos, especialmente suelos áridos, y sus posibles consecuencias a distintas escalas, tanto a nivel local en el ecosistema como a nivel global.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



CONTRIBUCIÓN DE LOS MICROORGANISMOS A LA METEORIZACIÓN DE LAS ROCAS EN ESCENARIOS DE CAMBIO GLOBAL

Asunción De Los Ríos Murillo¹.

¹ (Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las rocas constituyen importantes reservorios de diversidad microbiana a lo largo de todo el Planeta. Los microorganismos forman en ellas comunidades complejas y estables, que juegan un papel muy relevante, pero todavía muy desconocido, en los ecosistemas donde se integran. A la vez que colonizan las rocas, los microorganismos interactúan con sus componentes minerales de forma específica, induciendo en ellas cambios físicos y químicos, que pueden favorecer su meteorización y así la llegada de nutrientes esenciales a estas comunidades microbianas y a otras comunidades microbianas y vegetales en proximidad. Estas interacciones microorganismo-mineral pueden tener lugar también dentro de las costras bióticas que se desarrollan en los suelos y ser de la misma manera fuente de nutrientes para las comunidades que allí se desarrollan. Todos estos procesos geomicrobiológicos son especialmente relevantes en zonas áridas y en regiones polares donde la llegada de nutrientes es limitada y las condiciones ambientales son muy adversas, durante gran parte del año. En estas áreas, los microorganismos pueden usar las rocas como superficie en la que crecer (comunidades epilíticas), pero también usarlas como refugio, colonizando fisuras y cavidades internas de la roca (comunidades endolíticas) y en zonas de pavimento desértico situándose en la zona ventral de pequeños fragmentos de roca (comunidades hipolíticas), donde encuentran protección. Sin embargo, todavía conocemos poco de cómo estas comunidades litobióticas van a responder al cambio climático. El retroceso de los glaciares está favoreciendo en regiones polares y alpinas procesos de sucesión primaria en los que la biometeorización inducida por microorganismos pioneros es clave para el desarrollo de comunidades más complejas. Por otro lado, los previsibles incrementos de aridez pueden favorecer una colonización de microorganismos en hábitats endolíticos e hipolíticos más extensiva, y consecuentemente una actividad de biometeorización más intensa.

Financiación

Proyecto de la AEI, PID2019-105469RB-C22



ECOLOGÍA MICROBIANA DE LA ATMÓSFERA Y EFECTOS DEL CAMBIO GLOBAL EN LA DISPERSIÓN DE MICROORGANISMOS

Emilio O. Casamayor¹.

¹(Centro de Estudios Avanzados de Blanes-CSIC, Blanes, España)

Resumen de la comunicación

La atmósfera es una vía relevante para la dispersión microbiana intercontinental, incluidos microorganismos patógenos, genes de resistencia a antibióticos y alérgenos, con fuertes implicaciones en el funcionamiento de los ecosistemas y la salud global. La atmósfera comprende una serie de capas concéntricas ordenadas verticalmente cuya altitud y profundidad están definidas principalmente por propiedades térmicas. La troposfera es la capa atmosférica más baja, contiene el 75 % de su masa molecular y gaseosa, la mayor parte del vapor de agua y las partículas atmosféricas y la mayoría de las células microbianas. Incluye la capa límite atmosférica (también conocida como capa límite planetaria) que está en contacto directo con la superficie y, además, la troposfera libre superpuesta que es de gran relevancia para la dispersión regional y global debido a la circulación intercontinental de masas de aire. La dispersión microbiana a larga distancia se ve facilitada por el movimiento del aire a elevadas altitudes en la troposfera libre y se ve afectada por el forzamiento antropogénico, el cambio climático y la circulación general atmosférica, principalmente en la zona de convergencia intertropical. Las condiciones atmosféricas extremas representan un desafío para la supervivencia que requiere estrategias de adaptación específicas. La supervivencia de los microorganismos durante el transporte atmosférico y su potencial invasivo en zonas remotas son cuestiones fundamentales, pero los datos son escasos. Actualmente, la atmósfera se enfrenta a un cambio profundo debido a las emisiones antropogénicas y esto puede tener un efecto sustancial en la microbiota aerotransportada. Urge, por tanto, una mejor comprensión de la dispersión de microorganismos a larga distancia que requiere que las investigaciones se centren tanto en los factores locales que afectan a las emisiones, como a las condiciones que influyen en el transporte y la supervivencia a grandes altitudes y a la eventual deposición en los lugares sumidero.

Financiación

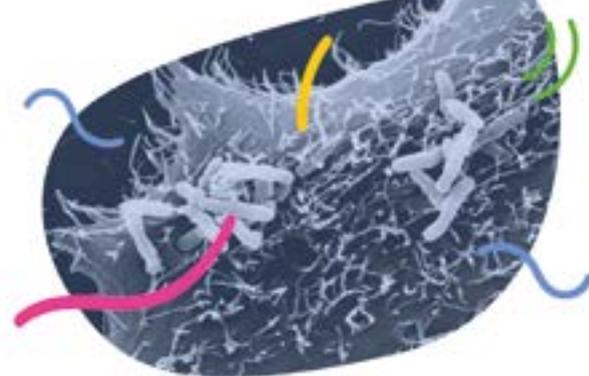
AEROSMIC PID2021-127701NB-I00 (AEI-MICIN-FEDER)

Referencias

Caliz y col. (2022) *Environ International* 160:107077
Šantl-Temkiv y col. (2022) *FEMS Micro Rev* 46: fuac009
Casamayor y col. (2023) *Curr Opin Biotechnol* 81:102945

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 5

Microbiota y salud

MICROBIOTA Y SALUD HUMANA

Rosa del Campo Moreno¹.

¹(Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Ramón y Cajal e Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRYCIS), Madrid, España.)

Resumen de la comunicación

Desde que la secuenciación masiva permitió conocer la verdadera complejidad de la microbiota intestinal, son muchos los estudios en los que se ha intentado descifrar su implicación en diferentes enfermedades. Más allá de la alta variabilidad entre las personas, parece que determinados patrones de composición se agrupan significativamente con algunas enfermedades. Las tendencias actuales incorporan otras técnicas de estudio como la proteómica o la metabolómica que permiten obtener resultados funcionales más allá de la simple composición. A pesar de todo lo publicado, aún no disponemos de un consenso de composición de una “microbiota normal”, y mucho menos criterios metabólicos de normalidad. Además, aunque podamos diagnosticar una alteración en la microbiota, no disponemos de herramientas para abordar su modulación. La problemática actual de incremento de resistencias limita el uso de antibióticos y a pesar de que sabemos que la alimentación es el mayor factor que determina la composición de la microbiota, aún no se conocen los mecanismos subyacentes.

En 2015 se incorporó en las guías asistenciales la técnica de la transferencia de la microbiota fecal (TMF) de un donante sano, aunque por el momento la única indicación clínica de este procedimiento es el tratamiento de la infección recurrente por *Clostridioides difficile*, donde logra tasas de erradicación muy superiores a las de los antibióticos. Si bien son muchas las patologías en las que se espera que tenga un enorme potencial, las evidencias científicas son aún limitadas, particularmente por el desconocimiento de las leyes ecológicas que rigen el ecosistema intestinal microbiano. Nuestro centro fue pionero en el establecimiento de esta técnica que actualmente se utiliza en proyectos de investigación con los objetivos de erradicar los uropatógenos del tracto intestinal para evitar las recurrencias de la infección urinaria, optimizar de la homeostasis intestinal de los pacientes con cáncer de pulmón en tratamiento inmunomodulador, o descolonizar el tracto intestinal de bacterias con multiresistencia a los antibióticos en pacientes ingresados en la UCI de nuestro hospital. Para analizar los resultados de estas intervenciones utilizamos técnicas clásicas de tipado molecular como PFGE y MLST, como nuevas metodologías de secuenciación masiva de amplicones 16S rADN o de genoma completo. También hemos incorporado las herramientas de inteligencia artificial basadas en machine learning para predecir la modificación de la microbiota intestinal, la respuesta a tratamiento y detectar los posibles biomarcadores de enfermedad en la microbiota.



MICROBIOTA AND NEURODEGENERATIVE DISEASES: THE PRION-LIKE CONNECTION

Natalia Sanchez De Groot, Jofre Seira Curto, Adan Dominguez Martinez, Maria Rosario Fernandez Gallegos.¹

¹(Universidad Autónoma de Barcelona, Bellaterra, España)

Resumen de la comunicación

Our life is closely linked to microorganisms, either through a parasitic or symbiotic relationship. The microbiome contains more than 1,000 different bacterial species and outnumbers human genes by 150 times. Worryingly, during the last 10 years, it has been observed a relationship between alterations in microbiota and neurodegeneration. Several publications support the hypothesis that amyloid structures formed by microorganisms may trigger host proteins aggregation. The crosstalk between human and microbiota amyloid proteins is feasible and, probably, a more common event than expected before. The combination of their outnumbers, the long periods of time that stay in our bodies, and the widespread presence of amyloid proteins in the bacteria Domain outline a worrying scenario. However, the identification of the exact microorganisms and the mechanisms through which they can influence human disease also opens the door to developing a new and diverse set of therapeutic strategies.

Financiación

This research was funded by grants 2022-FISDUR-0072 (AGAUR), FPU21/03897, RYC2019-026752-I and PID2020-117454RA-I00/AEI/10.13039/501100011033 from Ministerio de Ciencia e Innovación and by L'Oréal-UNESCO For Women in Science Programme.

Hipervínculo

<https://sites.google.com/view/degrootlab/>

Referencias

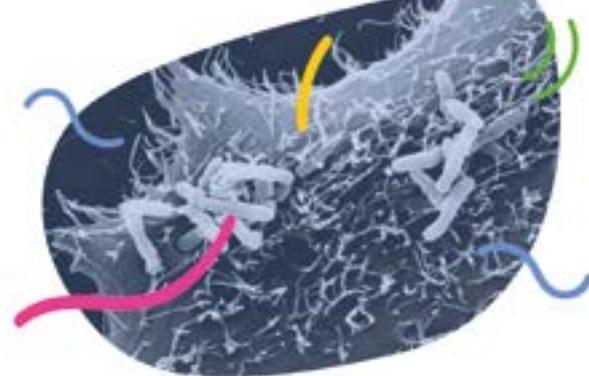
Front Mol Biosci. 2022 Jun 16;9:926702. doi: 10.3389/fmolb.2022.926702. eCollection 2022.

Microbiome Impact on Amyloidogenesis

Jofre Seira Curto, Amat Surroca Lopez, Maria Casals Sanchez, Iva Tic, Maria Rosario Fernandez Gallegos, Natalia Sanchez de Groot

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



BIOACTIVACIÓN DE LOS FITOESTRÓGENOS POR LA MICROBIOTA INTESTINAL

José M^a Landete iranzo, José Antonio Curiel Gámiz, Ángela Peirotén Herrero, Ana Ruiz De La Bastida.¹

¹ (INIA-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los fitoestrógenos (FEs) son polifenoles con estructura similar al 17 β -estradiol que les confiere actividad estrogénica y antiestrogénica. Isoflavonas, lignanos y elagitaninos son los tres principales grupos de FEs y están presentes en alimentos de consumo común como soja, cereza, granada, fresas, semillas de lino y calabaza. El consumo de FEs es asociado con efectos beneficiosos en la salud, aunque existen discrepancias entre los estudios. Los FEs se encuentran en forma no biodisponibles en la naturaleza y con escasa actividad biológica, tras la ingestión, las isoflavonas, lignanos y elagitaninos sufren modificaciones metabólicas por acción de la microbiota intestinal que conducen a la formación de una serie de FEs bioactivos entre los que destacan equol (isoflavona), enterolignanos (lignanos) y urolitinas (elagitaninos). Estos compuestos de origen microbiano presentan mayor biodisponibilidad y bioactividad que sus precursores, pudiendo presentar actividad antiinflamatoria, antineoplásica y/o apoptótica, además de estrogénica/antiestrogénica y antioxidante, y son los principales responsables de los efectos beneficiosos en la menopausia, enfermedad cardiovascular y cánceres. La discrepancia antes comentadas entre los estudios, y las diferentes efectos en la salud que muestran los alimentos ricos en FEs en la población, se deben principalmente a las diferencias que existen entre la microbiota intestinal de los individuos para metabolizar los FEs. Así por ejemplo, podemos diferenciar individuos productores de equol de individuos no productores de equol. En el Grupo de Alimentos Funcionales del INIA trabajamos en la selección, identificación y posterior utilización de bacterias lácticas y bifidobacterias capaces de producir estos FEs bioactivos de manera natural, o mediante ingeniería genética. La utilización de estas bacterias en la fermentación de alimentos vegetales como la bebida de soja y de lino, nos ha permitido desarrollar bebidas vegetales enriquecidas en FEs bioactivos, y en concentraciones adecuadas, para mostrar efectos beneficioso en modelos animales de menopausia y fertilidad.

Financiación

PID2020-11960RB-I00 Ministerio de Ciencia e Innovación, Plan Nacional.



ESTABLECIMIENTO DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN LA INFANCIA: FACTORES QUE DETERMINAN SU DESARROLLO E IMPACTO EN LA SALUD

Miguel Gueimonde Fernández.¹

¹ (Instituto de Productos Lácteos de Asturias. IPLA-CSIC. Paseo Río Linares s/n, 33000 Villaviciosa, Asturias. Tel. 985892131. Email: mgueimonde@ipla.csic.es)

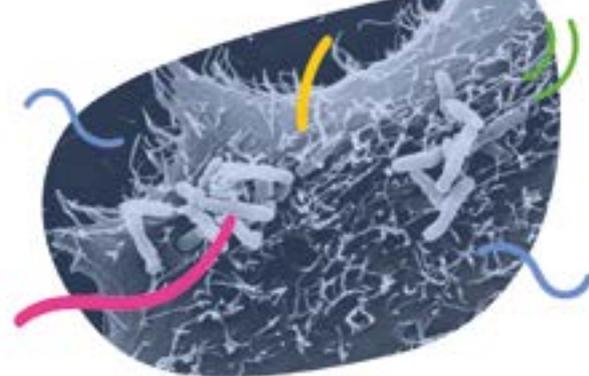
Resumen de la comunicación

Durante las últimas décadas nuestra comprensión sobre la composición y actividad de la microbiota humana ha aumentado enormemente. Hoy sabemos que la microbiota intestinal desempeña un papel clave en el mantenimiento de la salud y que la interacción microbiota-huesped en los primeros años de vida es especialmente importante. El establecimiento de la microbiota en el recién nacido está determinado por diferentes factores, como la edad gestacional, el modo de parto o la alimentación, cuyos efectos son bien conocidos. Además, este proceso está modulado por otros factores perinatales. El bebé sano nacido a término por vía vaginal y alimentado exclusivamente con leche materna, a menudo se ha considerado como el estándar de una microbiota "saludable". Desafortunadamente, este estándar no siempre se cumple y situaciones como el parto prematuro, la cesárea, la exposición a antibióticos o la alimentación con fórmula pueden introducir alteraciones en el proceso de desarrollo de la microbiota con posibles implicaciones para la salud futura del individuo.

A lo largo de esta presentación se discutirán los factores que determinan el proceso de desarrollo de la microbiota durante los primeros meses de vida del niño. Se prestará especial atención al impacto de la exposición a antibióticos en la etapa perinatal y posnatal temprana. Además de datos sobre los efectos en la composición global de la microbiota, se discutirá en detalle el impacto sobre algunos microorganismos especialmente relevantes, como la población de bifidobacterias. Además, se mostrará que las alteraciones en el proceso de establecimiento de la microbiota no solo afectarán a la composición microbiana, sino que también tendrán una repercusión a nivel funcional, afectando la producción de los principales metabolitos bacterianos. Los datos presentados permitirán identificar las modificaciones clave en el patrón global de colonización y en la población específica de bifidobacterias resultantes de la prematuridad, la cesárea, la alimentación con fórmula o la exposición a antibióticos. Estas alteraciones en el proceso de desarrollo de la microbiota pueden tener un impacto no solo en el riesgo de enfermedad posterior, sino también en el desarrollo del niño. Esto sugiere el interés del desarrollo de estrategias de intervención dirigidas a favorecer el correcto desarrollo de la microbiota neonatal en aquellos casos en que este proceso de colonización microbiana pueda estar comprometido.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 6

Resurrección y evolución dirigida de enzimas microbianas: un viaje al pasado y al futuro

ANCESTRAL SEQUENCE RESURRECTION FOR THE DESIGN OF NOVEL CRISPR-ASSOCIATED ENDONUCLEASES

Ylenia Jabalera Ruz¹, Sara Samperio Blázquez¹, Raul Perez Jimenez^{1,2}.

¹(CIC bioGUNE, Bilbao, España)

²(Ikerbasque Foundation for Science, Bilbao, España)

Resumen de la comunicación

Clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)-associated Cas9 is a crucial effector protein in the prokaryotic adaptive immune system, responsible for targeting and cutting invading DNA to render it inactive. However, despite its wide use and applications in genome editing, the origin and evolution of the *Streptococcus pyogenes* CRISPR-Cas9 system remain poorly understood. In this study, we applied ancestral sequence resurrection techniques to investigate the evolutionary history of Cas9 from resurrected ancient nucleases (anCas) in extinct Firmicutes species that lived 2.6 billion years ago. Our findings revealed that these ancient forms of Cas9 were more flexible in their requirements for guide RNA and protospacer-adjacent motifs (PAMs) compared to modern-day Cas9 enzymes. Furthermore, anCas enzymes displayed a gradual palaeoenzymatic adaptation from nickase to double-strand break activity and exhibited high levels of activity with both single-stranded DNA and single-stranded RNA targets. Importantly, we demonstrated the editing activity of anCas enzymes in human cells. Our study sheds light on the evolutionary trajectory of Cas9, revealing functionally flexible ancient enzymes with unique properties.

Financiación

This work has been supported by grant no. PID2019-109087RB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation. This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement no. 964764. We acknowledge financial support from the Spanish Foundation for the Promotion of Research of Amyotrophic Lateral Sclerosis.

Referencias

Alonso-Lerma, B., Jabalera, Y., Samperio, S. et al. Evolution of CRISPR-associated endonucleases as inferred from resurrected proteins. *Nat Microbiol* 8, 77-90 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41564-022-01265-y>



LA EVOLUCIÓN AL SERVICIO DEL DISEÑO DE ENZIMAS

Susana Camarero Fernández¹.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las enzimas aportan a los procesos industriales menor impacto ambiental y mayor selectividad que los procesos químicos. Sin embargo, las enzimas naturales no suelen tener los niveles de expresión, actividad o estabilidad necesarios. La evolución dirigida ha abordado estas limitaciones con notable éxito proporcionando enzimas recombinantes con actividades mejoradas o nuevas adaptadas a las condiciones de aplicación industrial. Durante su evolución *in vitro*, la enzima se somete a rondas iterativas de diversificación y cribado o selección para conseguir variantes mejoradas en la propiedad de interés, gracias a la acumulación de mutaciones en su secuencia. La probabilidad de descubrir las variantes más exitosas se correlaciona con la extensión del espacio de secuencias explorado. La exploración y estudios evolutivos *in silico* de secuencias de enzimas disponibles en genomas y bases de datos, los modelos de dinámica molecular y mecánica cuántica, y la aparición de algoritmos basados en datos de aprendizaje automático han revolucionado el diseño de enzimas. Se expondrán algunos ejemplos en los que hemos aplicado la evolución dirigida y el diseño computacional de oxidasas multicobre para obtener biocatalizadores a medida para química verde o revalorizar residuos de biomasa, y de estudios genómicos y evolutivos que han permitido descubrir nuevos tipos de enzimas y reconstruir enzimas ancestrales para aportar conocimiento y abordar nuevos retos de ingeniería.

Financiación

WoodZymes (H2020-BBI-JTI-2017-792070)

GENOBIOREF (BIO2017-86559-R)

INDOX (FP7-KBBE-2013-7-613549)

NOESIS (BIO2014-56388-R)

Referencias

Aza et al. *Comput. Struct. Biotechnol. J.* 2023;21:1041-53.

Rodríguez-Escribano et al. *Biotechnol. Biofuels Bioprod.* 2022; 29;15(1):149.

Aza et al. *Cell. Mol. Life Sci.* 2021, 78 (7): 3691-3707.

Aza et al. *Int. J. Mol. Sci.* 2021, 22 (3):1157.

Ruiz-Dueñas et al. *Mol. Biol. & Evol.* 2020, 38 (4): 1428-1446.

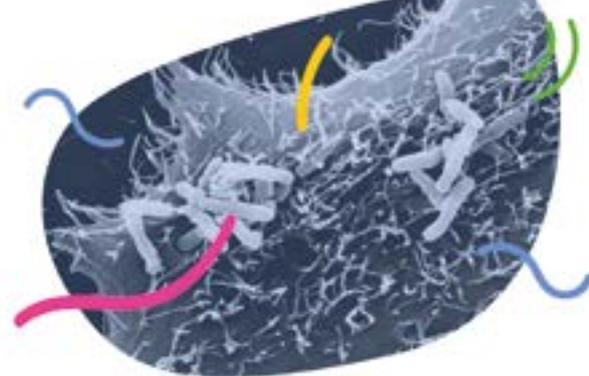
De Salas et al. *Green Chem.* 2019, 21: 5374.

Pardo et al. *Sci. Reports* 2018, 8 (1): 1-10.

Santiago et al. *ACS Catal.*, 2016, 6 (8): 5415-5423.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



TOWARDS A SUSTAINABLE FUTURE: UNLEASHING THE POWER OF EVOLUTION FOR ENGINEERING PET HYDROLASES

Eva García Ruiz¹.

¹(Instituto de Catálisis y Petroleoquímica, ICP-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

The accumulation of plastic waste, including polyethylene terephthalate, PET, in landfills and oceans, pose significant threats to the environment and human health. Although PET recycling efforts are ongoing, developing an efficient and cost-effective recycling system remains a challenge. To address this problem, we have employed a cutting-edge approach that harnesses the power of evolution to engineer highly efficient PET-degrading enzymes. This approach combines two advanced engineering strategies: Ancestral Sequence Reconstruction (ARS) and directed evolution (1). Through the implementation of these combined strategies, we have successfully developed potentially ancestral enzymes with improved properties and further optimized their PET-degrading activity through directed evolution campaigns. This innovative approach has proven to be a promising avenue for developing efficient and environmentally friendly PET recycling solutions.

Financiación

This study is funded by the Comunidad de Madrid project 2019-T1/BIO-13207.

Referencias

(1) *Microbial Biotechnology* (2017) 10(1), 22– 24.

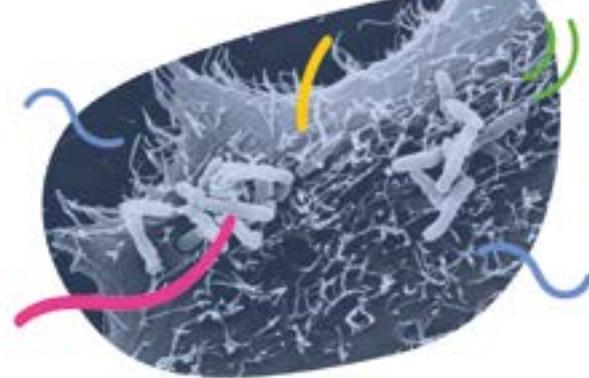


RECONSTRUCCIÓN DE OXIDORREDUCTASAS ANCESTRALES PARA ENTENDER LA EVOLUCIÓN DE ENZIMAS Y ORGANISMOS

Ivan Ayuso-Fernandez ¹.

Resumen de la comunicación

El estudio de la evolución está limitado por las técnicas disponibles para estudiarla. A parte del uso del registro fósil, establecer filogenias de proteínas o genes puede proporcionar una visión global de las historias evolutivas de las distintas familias de proteínas u organismos de interés. Sin embargo, estas herramientas proporcionan poca información a nivel bioquímico, y por tanto están muy limitadas para explicar la evolución de enzimas y reacciones. En la última década, dicha limitación ha sido superada con el establecimiento de métodos de reconstrucción de secuencias ancestrales. La reconstrucción de secuencias ancestrales permite la “resurrección” en el laboratorio de proteínas inferidas de organismos extintos, convirtiéndose en una herramienta esencial para estudiar la evolución a nivel bioquímico. Esta charla se centra en el estudio evolutivo de organismos implicados en la degradación de la biomasa lignocelulósica, en concreto en los hongos de la madera. Múltiples estudios recientes se han centrado en estudiar la evolución de las distintas familias de enzimas implicadas en dicha degradación, incluyendo la reconstrucción ancestral como herramienta clave. Nuestro trabajo se centra en la reconstrucción ancestral y resurrección de las oxidoreductasas implicadas en este proceso fundamental para el ciclo del carbono, y en cómo su evolución a nivel de sitios activos y propiedades bioquímicas se puede correlacionar con la evolución de los hongos y de sus plantas hospedadoras.



SIMPOSIO 7

Resistencia a antimicrobianos, la pandemia silenciosa (I)

ONE HEALTH: ELEMENTOS GENÉTICOS MÓVILES Y MÁS

Bruno González-Zorn¹.

¹(Fac. Veterinaria, UCM, Madrid)

Resumen de la comunicación

La resistencia a los antibióticos se ha convertido en un desafío global para la salud pública en todo el mundo. El aumento en la aparición y propagación de bacterianas resistentes y panresistentes ha llevado a un aumento significativo en las infecciones difíciles de tratar, prolongando la duración de las enfermedades y aumentando la mortalidad hasta más del 1,2 Millones de muertes anuales en la actualidad. El enfoque "One Health" reconoce la interconexión entre la salud humana, animal y ambiental, y es esencial para abordar este problema complejo.

El enfoque "One Health" se presenta como una estrategia integral para abordar la resistencia a los antibióticos. La cooperación entre profesionales de la salud humana, veterinaria y ambiental es fundamental para implementar políticas efectivas de uso de antibióticos, mejorar la vigilancia de la resistencia y promover prácticas de higiene adecuadas. En estos años estamos incluyendo investigación en todas las ciencias, incluidas las ciencias sociales, en la aproximación One Health, para abordar esta Pandemia Silenciosa. Además, se requiere una mayor investigación para comprender mejor los mecanismos de transferencia de genes de resistencia, centrados en los elementos genéticos móviles (EGM). Aquí abordaremos la últimas aproximaciones en este sentido, que incluyen la cooperación de EGM que incrementan la generación y diseminación de la resistencia a los antibióticos en el mundo. Nos centraremos en este tipo de abordajes, que se extienden desde la adaptación plasmídica a nuevas especies e incluso géneros bacterianos, al flujo de EGM y la resistencia a antibióticos de último recurso en ecosistemas ambientales complejos.

La resistencia a los antibióticos es un problema creciente que amenaza la eficacia de los tratamientos. Los EGM desempeñan un papel crucial en la propagación de la resistencia a los antibióticos. Abordar este problema requiere un enfoque "One Health" que integre los esfuerzos de profesionales es esencial, y la microbiología y el estudio de los EGM juegan y va a jugar un papel esencial para ganar esta batalla.



LA LUCHA CONTRA LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA: CÓMO LA MONITORIZACIÓN Y LA EPIDEMIOLOGÍA BASADA EN AGUAS RESIDUALES PUEDEN MARCAR LA DIFERENCIA

Marcos Quintela Baluja ¹.

¹(Universidad de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

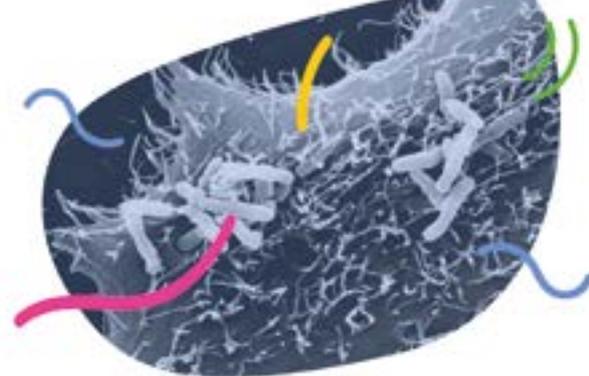
La lucha contra la resistencia antimicrobiana (RAM) es un desafío cada vez mayor para la salud pública, y la monitorización y la epidemiología basada en aguas residuales pueden ser herramientas valiosas para abordar este problema. La nueva propuesta de la Directiva del Parlamento Europeo y del Consejo sobre el tratamiento de aguas residuales urbanas es un paso importante en la dirección correcta, ya que exige que los Estados miembros de la UE monitoreen la RAM en las salidas de las plantas de tratamiento de aguas residuales urbanas a partir de enero de 2025. Además, la epidemiología basada en aguas residuales ha demostrado ser una herramienta valiosa para determinar el estado epidemiológico de una población, como se ha visto durante la pandemia de COVID-19. Incorporar este enfoque en el monitoreo de AMR en la comunidad puede proporcionar información crucial sobre la dinámica de transmisión de RAM y facilitar medidas proactivas para controlar la propagación de bacterias y genes de RAM y proteger la salud pública. Sin embargo, es importante tener en cuenta que, para garantizar una monitorización efectiva, se deben monitorear indicadores específicos de RAM y establecer pautas claras para su medición e interpretación. En este sentido, en esta charla abordare los avances y los desafíos de varios programas de vigilancia de AMR en los que he trabajado en los últimos años, desde entornos

Financiación

Juan de la Cierva- formación 2021 fellowship
(FJC2021-046716-I/MCIN/AEI/10.13039/501100011033) from the European Union
"NextGenerationEU"/PRTR

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



CARACTERIZACIÓN DE AISLADOS DE CANDIDA PARAPSILOSIS RESISTENTES A AZOLES Y CAUSANTES DE BROTES HOSPITALARIOS DE INFECCIÓN FÚNGICA.

Laura Alcazar fuoli^{1,2}, Nuria Trevijano Contador¹, Alba Torres Cano¹, Cristina De Armentia Roldán¹, Alejandra Roldán Muño³, Cristina Carballo González³, Oscar Zaragoza¹.

¹ (ISCIII, Madrid, España)

² (Center for Biomedical Research in Network in Infectious Diseases (CIBERINFEC), Madrid, España)

³ (CIBERINFEC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Candida parapsilosis es una causa frecuente de candidemia a nivel mundial. Su incidencia está asociada al uso de implantes médicos, como catéteres venosos centrales o nutrición parenteral y ha surgido como una causa frecuente de brotes nosocomiales. Esta especie tiene susceptibilidad reducida a las equinocandinas y es susceptible a polienos y azoles. Recientemente se han descrito múltiples brotes causados por cepas no sensibles al fluconazol. Esta tendencia se ha observado también en España ya que tras analizar el perfil de susceptibilidad de los aislados de C. parapsilosis recibidos en el Laboratorio de Referencia e Investigación de Micología desde el año 2000, se vio un incrementado significativo en el número de aislados con resistencia adquirida a fluconazol y voriconazol en los dos últimos años. Se comprobó que este incremento no estaba asociado a un aumento en el uso de antifúngicos durante la pandemia de COVID-19. Se llevó a cabo una caracterización molecular de 634 cepas para la detección de mecanismos de resistencia y su tipificación molecular mediante análisis de microsátélites. La tipificación de los aislamientos reveló que algunos clones prevalentes se habían diseminado por varios hospitales de la misma región geográfica como entre hospitales de Cataluña, u hospitales de Madrid y Burgos. Los resultados de la caracterización molecular mostraron que la mutación Y132F en el gen ERG11 era mayoritaria y reportamos la presencia de aislamientos con el G458S principalmente en dos hospitales diferentes en España (Hospital de Móstoles de Madrid y Hospital Virgen del Rocío de Sevilla). Se ha visto que las cepas que albergaban la mutación G458S son más resistentes a los azoles que las que tenían Y132F, en particular, al voriconazol y al isavuconazol. El genotipado demostró que la mayoría de los aislamientos con la mutación G458S pertenecían a un genotipo mayoritario presente en ambos hospitales.

Financiación

CIBER -Consortio Centro de Investigación Biomédica en Red de enfermedades infecciosas.

CIBERINFECT: CB21/13/00105

Fondo de Investigación Sanitaria: MPY 305/20

Referencias

Trevijano-Contador N, Torres-Cano A, Carballo-González C, Puig-Asensio M, Martín-Gómez MT, Jiménez-Martínez E, Romero D, Nuvials FX, Olmos-Arenas R, Moretó-Castellsagué MC, Fernández-Delgado L, Rodríguez-Sevilla G, Aguilar-Sánchez MM, Ayats-Ardite J, Ardanuy-Tisaire C, Sanchez-Romero I, Muñoz-Algarra M, Merino-Amador P, González-Romo F, Megías-Lobón G, García-Campos JA, Mantecón-Vallejo MÁ, Alcoceba E, Escribano P, Guinea J, Durán-Valle MT, Fraile-Torres AM, Roiz-Mesones MP, Lara-Plaza I, de Ayala AP, Simón-Sacristán M, Collazos-Blanco A, Nebreda-Mayoral T, March-Roselló G, Alcázar-Fuoli L, Zaragoza O. Global Emergence of Resistance to Fluconazole and Voriconazole in Candida parapsilosis in Tertiary Hospitals in Spain During the COVID-19 Pandemic. Open Forum Infect Dis. 2022 Nov 7;9(11):ofac605. doi: 10.1093/ofid/ofac605. PMID: 36467290; PMCID: PMC9709632.



DESCUIDANDO EL JARDÍN: RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS Y MEDIO AMBIENTE

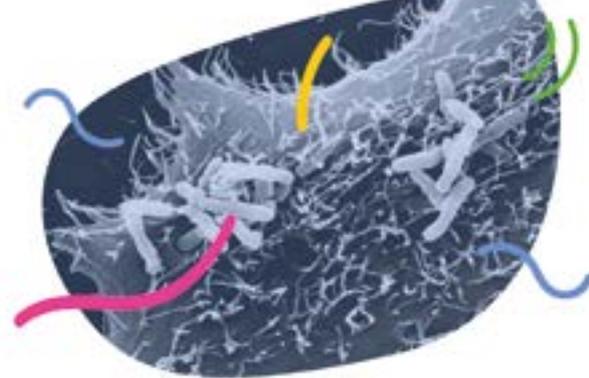
Carles Borrego^{1,2}.

¹ (Institut Català de Recerca de l'Aigua (ICRA))

² (Grup d'Ecologia Microbiana Molecular, Institut d'Ecologia Aquàtica, Universitat de Girona)

Resumen de la comunicación

La resistencia a los antibióticos suele asociarse al ámbito clínico y veterinario, pero su dimensión ambiental es enorme y tiene difícil solución. La contaminación del medio ambiente por los residuos que generan las actividades humanas (vertidos de agua residual, biosólidos, purines de granjas, entre otros) enriquece el resistoma ambiental y favorece la diseminación de las resistencias entre los microorganismos del agua y del suelo. Este impacto es cada vez más conocido y foco de atención para preservar lo que se denomina "Environmental Health". Sin embargo ¿Cómo medimos esta salud ambiental? ¿Cuál es nuestra referencia? ¿Cómo podemos cuantificar el impacto de la contaminación? En esta charla se darán algunos ejemplos para ilustrar el problema y se plantearán preguntas a las que debemos responder para calibrar adecuadamente no solo a lo que nos enfrentamos sino también para mitigar sus consecuencias.



SIMPOSIO 8

Microorganismos en biocontrol de plagas y enfermedades

LA DOBLE PERSONALIDAD DE LOS HONGOS ENTOMOPATÓGENOS: MÁS ALLÁ DEL CONTROL DE PLAGAS DE ARTRÓPODOS

Enrique Quesada Moraga.¹

¹(Universidad de Córdoba, Córdoba, España)

Resumen de la comunicación

La creciente presión social por la inocuidad alimentaria ha impulsado el desarrollo de estrategias de control de plagas más respetuosas con el medioambiente y los seres vivos, tales como el control biológico de plagas, y más específicamente, el control microbiano por medio de ascomicetos entomopatógenos (AE). Los AE, que tienen un modo de acción por único por contacto, se adoptan para la protección de cultivos a pequeña y gran escala con popularidad creciente en los últimos años. Tradicionalmente, el suelo se ha considerado el principal reservorio de los AE, junto con las poblaciones de insectos que regulan de forma natural, aunque durante el siglo XXI se ha puesto de relieve la asociación de los AE con las plantas en el filoplano, en la rizosfera, o como endófitos, donde desempeñan papeles ecológicos adicionales. El comportamiento endofítico o competente en la rizosfera de los AE ha modificado la base de su uso como agentes de biocontrol en la agricultura, al proporcionar nuevas aplicaciones para el control de plagas y para la producción de cultivos. Varios estudios se han centrado en el uso de cepas endófitas de AE para la protección sistémica de cultivos contra plagas crípticas, cuyo ciclo vital limita seriamente la viabilidad de los productos químicos y otras técnicas de control. Además, las asociaciones de los AE con las plantas pueden permitir no sólo su protección frente a plagas de artrópodos, sino también la mejora de la respuesta del cultivo frente a otros estreses bióticos, como microorganismos fitopatógenos, y abióticos, como estreses nutricionales, hídricos o térmicos, o la inducción de la respuesta defensiva y promoción del crecimiento vegetal. El éxito comercial de los AE dependerá en gran medida de la puesta en valor de su papel como valiosos microorganismos beneficiosos multipropósito, característica diferencial sobre los denostados insecticidas químicos.

Financiación

PID2019-103844RB-I00 Broading the use of endophytic and rhizosphere competent entomopathogenic fungi for pest control in strategic Mediterranean crops (BENEFUNGIP)

Referencias

- Quesada-Moraga, E. 2020. Entomopathogenic fungi as endophytes: Their broader contribution to IPM and crop production. *Biocontrol Science & Technology* 30: 864-877. <https://doi.org/10.1080/09583157.2020.1771279>.
- Quesada-Moraga, E., Garrido-Jurado, I., Yousef, M., González-Mas, N. 2022. Multitrophic interactions of entomopathogenic fungi in biocontrol. *Biocontrol* 67: 457-472. DOI 10.1007/s10526-022-10163-5.
- Quesada-Moraga, E., Herrero, N., Zabalgoeazcoa, I. 2014. Chapter 4. Entomopathogenic and nematophagous fungal endophytes. In "Advances in Endophytic Research. Verma, V. & Gange, A. (eds.). DOI 10.1007/978-81-322-1575-2_41arch, 85, pp 85-99. © Springer India.
- Quesada-Moraga, E, Rodríguez-Sánchez, A., Garrido-Jurado, I. 2019. Capítulo 8. Hongos Patógenos de



Insectos como Endófitos. Pp 151-166. In "Micopatología de artrópodos: hongos entomopatógenos para ser usados como bioinsumos en el control microbiano de plagas". López-Lastra, C. y Lecuona, Roberto Eduardo (eds.). Ediciones INTA, 2019. 263 pp. ISBN 978-987-521-975-5. CDD 632.9 Ediciones INTA, CABA. Argentina. Quesada-Moraga, E, Yousef-Naef, M., Garrido-Jurado, I. 2020. Chapter 5. Advances in the use of entomopathogenic fungi as biopesticides in suppressing crop insect pests. In "Biopesticides for sustainable agriculture (ed. Prof Nick Birch & Prof Travis Glare)". Burleigh Dodds Science Publishing Ediciones. Burleigh Dodds Science Publishing Ediciones pp 63-98. ISBN10 1786763567 ISBN13 9781786763563

EXPLORANDO EL MICROBIOMA ASOCIADO A OLIVO PARA LA GESTIÓN DE ENFERMEDADES CAUSADAS POR PATÓGENOS VASCULARES

Manuel Anguita Maeso, Carmen M Haro, M. Pilar Velasco Amo, Miguel Montes Borrego, Juan A. Navas Cortés, Blanca B. Landa.¹

¹ (Instituto de Agricultura Sostenible (IAS)-CSIC, 14004 Córdoba, España, Cordoba, España)

Resumen de la comunicación

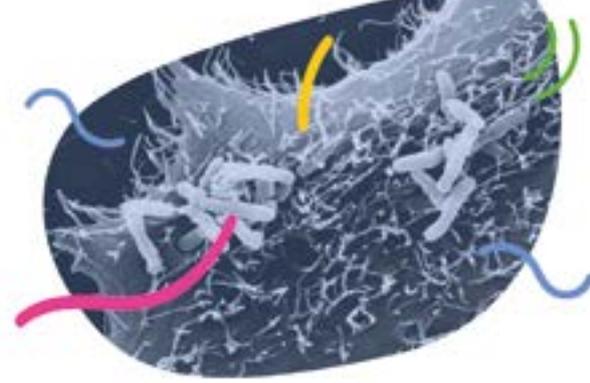
En la actualidad, el estado sanitario de los olivares está siendo amenazado por un notable incremento de diversas enfermedades, causadas por agentes fitopatógenos, entre las que destacan las de naturaleza vascular como las causadas por la bacteria de cuarentena *Xylella fastidiosa* y el hongo de suelo *Verticillium dahliae*. Estas enfermedades, para las que actualmente no existen medidas de control eficientes representan las principales amenazas globales para la producción del olivar a nivel mundial; por tanto, es necesario buscar herramientas para evitar su establecimiento o disminuir su incidencia y severidad. Los microorganismos beneficiosos asociados a las plantas, tanto los que habitan el suelo como los que colonizan sus diferentes nichos ecológicos, especialmente los endófitos, pueden controlar el crecimiento de patógenos a través de interacciones de competición y antagonismo, y mediante el estímulo de la inmunidad natural de la planta. Sin embargo, el papel potencial que pueden desempeñar las comunidades microbianas en la supresividad de los suelos de olivar a *V. dahliae* o el microbioma que habita en el xilema en la respuesta de resistencia en olivo a patógenos vasculares no ha sido explorada con suficiente profundidad. En este trabajo se presentarán resultados de diversas investigaciones cuyo objetivo ha sido caracterizar el microbioma del suelo y del xilema y su asociación con la supresividad natural de los suelos o de la planta al desarrollo de enfermedades vasculares. Se abordarán aspectos que incluyen desde la optimización de los enfoques metodológicos de análisis NGS para su estudio, hasta la caracterización del efecto de factores bióticos y abióticos que son claves modelando su estructura y diversidad, al condicionar las interacciones existentes entre los componentes de dicho microbioma en olivo.

Financiación

Financiado por BeXyl-101060593 (EU-Horizon Europe); XF-ACTORS 727987 (EU-H2020); PID2020-114917RB-I00 (AEI-Ministerio de Ciencia e Innovación-España); P10-AGR-05908 (Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa, Junta de Andalucía).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



OPPORTUNITIES AND CHALLENGES OF MYCORRHIZA INDUCED RESISTANCE FOR CROP PROTECTION

Z. Minchev¹, B. Ramirez¹, M. Garcia-Alonso¹, J.M. Garcia¹, J. Lidoy¹, L. Dejana¹, A. Frattini², A. Martinez Medina³, S. Herrero², V. Flors⁴, J.A. Lopez Raez¹, M.J. Pozo¹.

¹(Department of Soil and Plant Microbiology, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada, Spain)

²(University Institute of Biomedicine and Biotechnology (BIOTECMED), Department of Genetics, Universitat de València, Spain)

³(Plant-Microorganism Interactions Unit, Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca (IRNASA-CSIC), Salamanca, Spain)

⁴(Department of Biology, Biochemistry and Natural Sciences, Universitat Jaume I, Castellón, Spain)

Resumen de la comunicación

Beneficial soil microorganisms can boost plant defences increasing their resistance against pathogens and insect herbivores, and their potential application in agriculture for sustainably protecting crops is of major interest. Still, induced resistance by microorganisms is highly context dependent, and the resulting variability in the protection achieved under production conditions is limiting their application in agriculture. Using tomato as a model system, we have shown that mycorrhizal colonization improve plant direct and indirect defences against necrotrophic foliar pathogens and chewing herbivores. Inoculation of tomato plantlets with different Arbuscular mycorrhizal fungi reduced the performance of the generalist chewer *Spodoptera exigua* and the specialist leafminer *Tuta absoluta*. The reduction was associated to a primed accumulation in attacked leaves of antiherbivore metabolites including alkaloids and polyamine conjugates. Moreover, the symbiosis altered the volatile blends released by the plant, and enhanced attraction of natural enemies of the pests -commonly used in biocontrol programs-. We have addressed different factors driving the context dependency of the induced resistance and found that the plant genotype and nutrient availability are key drivers. Despite of the variability, comparisons across different experimental scales from controlled lab set-ups to commercial production conditions confirmed that the resistance can be achieved under agronomic conditions. Moreover, we show that mycorrhiza induced resistance can be compatible with other biocontrol methods, and accordingly, it can be incorporated in current Integrated Pest Management Programs.

Hipervínculo

<https://grupos.eez.csic.es/mycostress/>



CÓMO LA MATRIZ EXTRACELULAR PERFILA LA INTERACCIÓN MUTUALISTA BACILLUS-PLANTA

Diego Romero.¹

¹ (Departamento de Microbiología. Universidad de Málaga)

Resumen de la comunicación

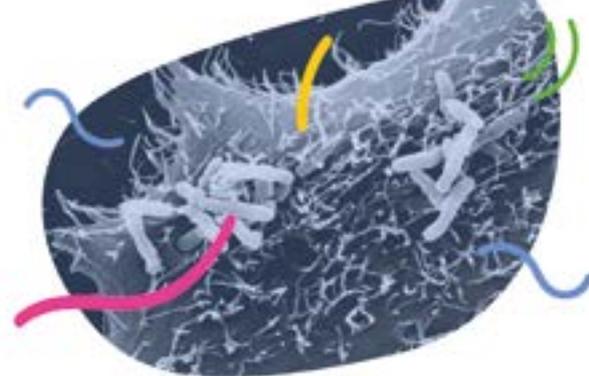
Las plantas conviven con una multitud de microorganismos que ayudarán a perfilar su adaptación a diferentes nichos. Los hay patógenos que disminuyen la viabilidad de la planta, saprófitos que pueden causar enfermedades en otros organismos, y beneficiosos. El grupo de los beneficiosos ha adquirido una enorme relevancia dada la variedad de herramientas usadas para contribuir a la adaptación y protección de la planta huésped frente a diferentes tipos de estreses. Entre ellos se encuentra *Bacillus subtilis* y especies relacionadas, bacterias gran positivas que viven de forma saprófita en el suelo, y que se caracterizan por esporular y formar comunidades llamadas biofilms. Un elemento esencial de los biofilms es la matriz extracelular (MEC) que a modo de tejido da soporte estructural a la población, protege a las células, y media la comunicación de las células con el entorno. Esta variedad de funciones es posible gracias a la diversidad química de los componentes que la integran y la forma en la que se regula su expresión o ensamblaje. Nosotros estamos estudiando el papel de la MEC en la interacción beneficiosa *Bacillus*-planta, y hemos observado complementariedad de funciones de cada uno de los elementos que la integran: i) Los exopolisacáridos protegen a las células durante la interacción con otras especies bacterianas, ii) una proteína de tipo amiloide es clave en la ecología de *Bacillus* en filosfera, y la interacción antagonista con hongos, iii) esta proteína y un metabolito secundario son esenciales en la comunicación de células de *Bacillus* con semillas. El estudio de este tejido microbiano contribuirá a entender mejor como las bacterias modulan las interacciones nutricionales con el entorno, y su posible traducción en eficientes e innovadoras soluciones sostenibles a problemas fitosanitarios.

Referencias

- Molina-Santiago y col. (2019) *Nature Communications* 10(1):1919.
Cámara-Almirón y col. (2020) *Nature Communications* 11(1):1859.
Berlanga-Clavero y col. (2022) *Nature Microbiology* 7(7):1001.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 9

Bioteología y economía circular

GLICOSIL HIDROLASAS FÚNGICAS PARA LA VALORIZACIÓN DE CELULOSA Y HEMICELULOSA

María Jesús Martínez.¹

¹(Departamento de Biotecnología Microbiana y de Plantas, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC))

Resumen de la comunicación

La lignocelulosa es la biomasa renovable más abundante en la Naturaleza y el componente esencial de las paredes celulares de las plantas. Está compuesta, principalmente, por polisacáridos, la celulosa y hemicelulosa, y un polímero aromático, la lignina. Los hongos que crecen sobre la lignocelulosa juegan un papel esencial en la degradación de los residuos vegetales y el reciclado de sus componentes, contribuyendo al desarrollo de procesos sostenibles y el desarrollo de estrategias de economía circular.

En los últimos años, nuestro grupo de investigación ha trabajado para elucidar el sistema enzimático del ascomiceto *Talaromyces amestolkiae* implicado en la degradación de los polisacáridos de la pared celular vegetal. Las principales enzimas que participan en el proceso son celulasas (endoglucanasas, celobiohidrolasas and β -glucosidasas) y hemicelulasas (endoxilanasas, β -xilosidasas and arabinofuranosidasas). Hemos caracterizado muchas de ellas, demostrando sus excelentes propiedades en procesos de hidrólisis y su gran potencial para la sacarificación de residuos vegetales y la obtención de prebióticos, a partir de componentes de la pared celular vegetal. Además, hemos estudiado la habilidad de algunas de estas enzimas, y sus variantes obtenidas por mutagénesis dirigida (con actividad hidrolítica reducida o nula), para transferir moléculas de azúcar a aglicones específicos, por transglicosilación, y así sintetizar nuevos glicoconjugados con propiedades bioactivas.

Actualmente, en el marco de la plataforma TransENER del CSIC, en la que el CIB construirá una planta de etanol de segunda generación, se está comparando el potencial de las enzimas de *Talaromyces* con enzimas comerciales, para hidrolizar la celulosa procedente de residuos agroindustriales pretratados con un solvente verde.

Financiación

MICIU/AEI/FEDER (RTI2018-093683-B-I00), Comunidad de Madrid (RETOPROSOST-2-CM P2018/EMT-4459) y TransENER (Plataforma interdisciplinaria del CSIC).



THE DARK SIDE OF PLANT-MICROBE INTERACTIONS: HARNESSING THE POWER OF DARK SEPTATE ENDOPHYTES

Carlos García Gálvez¹, Carme Biel Loscos², Belén Fernández García¹, Francesc Xavier Prenafeta Boldú¹.

¹(Institute of Agrifood Research and Technology (IRTA), Caldes De Montbui, España)

²(Institute of Agrifood Research and Technology (IRTA), Cabriels, España)

Resumen de la comunicación

Dark septate endophytes (DSEs) are a diverse group of conspicuously melanized fungi, primarily from the ascomycetous class Dothideomycetes and order Chaetothyriales, that colonize the roots of a wide range of plant species. They have been increasingly recognized for their beneficial effects on plant growth and tolerance to biotic and abiotic stresses. DSEs can improve plant productivity by enhancing nutrient uptake, especially of phosphorus, which is often limited in soil. They also help plants tolerate drought, salinity, and heavy metal toxicity, by absorbing metals and protecting against oxidative stress.

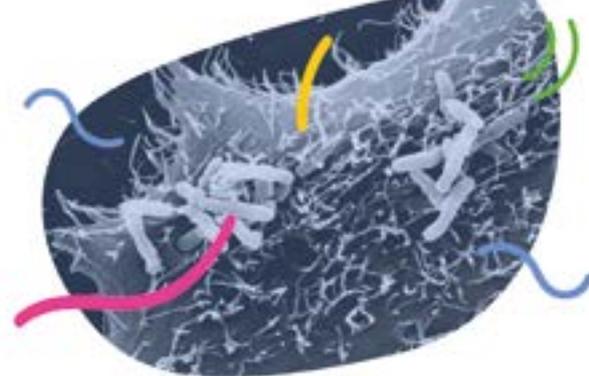
Furthermore, DSEs stimulate plant defense mechanisms against pathogens and herbivores, thereby reducing the need for chemical pesticides. DSEs might improve soil health and carbon sequestration, due to the recalcitrance of melanin to biodegradation. Recent studies have shown that DSEs can be harnessed for sustainable agriculture, particularly in the context of climate change and environmental degradation. Despite the promising potential of DSEs, there are still many gaps in our understanding of their ecology, physiology, and interactions with plants and other microorganisms. A reason explaining this lag may be the slow growth and low competitive ability of many species under common laboratory conditions, where they are easily overlooked in routine studies. In addition, black yeasts are notoriously difficult to identify on morphological grounds. We have developed a specific isolation method based on the oil flotation technique, and several DSEs from different host plants have been identified and characterized. Currently, we are testing the effect of some of these strains in agronomical assays under controlled conditions, alone and in combination with other beneficial rhizospheric fungi. The final purpose is to inoculate and enrich organic fertilizers with DSEs, for producing innovative and high value biofertilizers.

Financiación

This research is funded by the European Commission (grant agreement 101060430) and the Spanish Ministry of Science and Innovation (Project number PID2020-119312RR-I00).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



ACELERANDO LA DEGRADACIÓN DE PLÁSTICOS

Rafael Bosch^{1,2}, Sergi Quetglas-Llobera¹, Paula Ordóñez-Jiménez¹, M. Mar Aguiló-Ferretjans¹, Theo Obrador-Viel¹, Pamela J. Colman-Vega¹, Alberto Contreras-Moll¹, Rocía D. I. Molina¹, Balbina Nogales¹, Joseph A. Christie-Oleza¹.

¹(Microbiología. Departamento de Biología, Universidad de las Islas Baleares (UIB), Palma De Mallorca, España)

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

Resumen de la comunicación

La contaminación por plásticos, tanto en el ecosistema marítimo como terrestre, es un problema global, tanto desde un punto de vista ecológico como económico. A pesar de que la única solución real al problema pasa por prevenir nuevas entradas, el incremento en el uso de los mismos, así como la presencia actual de plásticos en dichos ambientes, hace que cualquier estrategia para eliminarlos de manera eficiente no sea de aplicación inmediata, especialmente a lo que se refiere a los microplásticos (plásticos con tamaños inferiores a 1 milímetro). Desde el grupo de investigación Microbiología de la UIB tenemos la certeza que las bacterias, debido al enorme potencial catabólico que tienen codificado en su genoma, son parte esencial de la solución. Por este motivo, y utilizando el polietileno de tereftalato (PET) como plástico modelo, hemos abordado el problema de su degradación con tres estrategias distintas: i) aislamiento y caracterización de degradadores en cultivo puro, ii) diseño de comunidades microbianas sintéticas y iii) introducción por ingeniería genética de una exo-esterasa específica (PETasa modificada de *Ideonella sakaiensis*) de expresión constitutiva. En la presentación se mostrará el estado experimental actual de las tres estrategias utilizados, haciendo especial hincapié en los pros y contras con los que nos hemos encontrado durante la ejecución de dichas estrategias de degradación.

Financiación

Proyecto financiado por PID2019-109509RB-I00 (MCIN/ AEI /10.13039/501100011033).



BLACK YEAST "AUREOBASIDIUM PULLULANS"- FROM POLYEXTREMOTOLERANCE TO BIOCONTROL

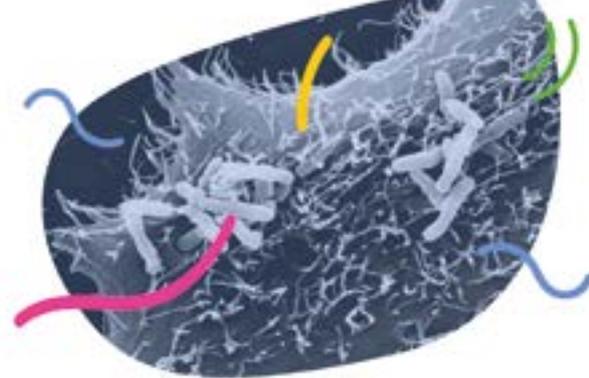
Nina Gunde-Cimerman, Anja Černoša, Cene Gostinčar.¹

¹(Department of Biology, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, 1000 Ljubljana, Slovenia)

Resumen de la comunicación

Aureobasidium subglaciale is a black yeast-like fungus notable for its narrow ecological amplitude and rare occurrence. Strains now classified as *A. subglaciale* had a status of variety within *Aureobasidium pullulans* (de Bary) Arnoud until 2014. *A. pullulans* shows remarkable adaptive abilities as well as a ubiquitous and abundant presence in temperate, polar and tropical habitats. It is found in association with biotic substrates like plants and animals, and abiotic substrates indoors and outdoors. It is also found in extreme habitats such as hypersaline water of salterns, glacial ice, frozen or salt-preserved food, and even radiation-polluted areas. In contrast, the handful of *A. subglaciale* strains isolated so far have been limited to a narrow set of cold environments. The species was first found in the glacial ice of Spitsbergen glaciers, where the majority of currently known isolates were obtained from. The ecology of the existing *A. subglaciale* strains reflects their pronounced psychrophilic nature. So far they were found in either glacial or subglacial ice, moss in colder part of the year or even in cool human-made environments, such as refrigerators. In addition to its ability to grow at low ambient temperatures (4 °C), *A. subglaciale* also tolerates elevated salinity, high UV radiation, heavy metal contamination and even gamma irradiation. Despite such substantial differences in the ecological preferences of *A. subglaciale* and *A. pullulans*, the two species are not easily distinguishable in laboratory settings, due to their high phenotypic plasticity and the resulting overlapping morphological and physiological traits of taxonomic importance. Although multilocus DNA sequence analysis distinguished between both species and noted differences in temperature growth range, stress resistance and degree of melanisation, they were described as separate species only after the whole genome sequencing revealed a large genomic distance between them.

Due to their phenotypic similarity, some of the biotechnological potential of *A. subglaciale* may be estimated from the many biotechnological uses of *A. pullulans*. The latter is known as producer of pullulan, numerous enzymes and antifungal peptides. Besides pullulan production the most commercially successful application of *A. pullulans* is in agriculture, where it is used as a biocontrol agent against several plant pathogens. Its use is expected to grow with increasing demand for fungicide-free environmentally friendly control of plant diseases. When the biocontrol potential of *A. subglaciale*, it showed high efficacy in reducing the pathogen growth with its soluble metabolites as well as with its volatile organic compounds. These and other results indicated the need for further research of *A. subglaciale*, possibly leading to its commercial exploitation for biocontrol.



SIMPOSIO 10

Coevolución Fagos-Bacterias y terapia fágica

RELEVANCIA DE LOS BACTERIÓFAGOS E ISLAS DE PATOGENICIDAD EN LA PRÁCTICA CLÍNICA

María Ángeles Tormo Mas¹, Patricia Bernabé Quispe², Mercedes Cervera Alamar³, Marina Costa Lacuesta², Samara Sabsabi Soriano², Amparo Valentín Martín¹, Ana Gil Brusola¹, M^a Del Pilar Marin Muela², Javier Pemán García¹.

¹(Hospital Universitari i Politècnic La Fe, Valencia, España)

²(Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, Valencia, España)

³(Universidad Católica de Valencia, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Las infecciones asociadas con la asistencia sanitaria (IAAS), la mayoría de ellas causadas por especies del género *Staphylococcus*, representan un grave problema sanitario mundial debido a su frecuencia y a la morbimortalidad asociada. El espectacular aumento de cepas multirresistentes (MDR) a los antibióticos dificulta su tratamiento y provoca un mayor número de fracasos terapéuticos y muertes; por tanto es necesaria la urgente incorporación de nuevas terapias.

Los elementos genéticos móviles (EGM), como los bacteriófagos e islas de patogenicidad, juegan un papel fundamental en la adaptación bacteriana y en la adquisición de factores de virulencia, como los genes relacionados con la resistencia antibiótica. Sin embargo, los fagos líticos están adquiriendo relevancia como alternativa al tratamiento antimicrobiano. Por este motivo, hemos caracterizado una amplia colección de cepas clínicas de *Staphylococcus* spp. aisladas de nuestro Hospital de pacientes con fibrosis quística o con infecciones asociadas a dispositivos médicos, como catéteres e implantes protésicos; así mismo, hemos analizado la presencia de EGM, su participación en la movilización de factores de virulencia y sus posibles implicaciones clínicas.

Además, hemos obtenido y caracterizado una colección de fagos líticos, aislados de aguas residuales, efectivos frente a cepas MDR de *Staphylococcus aureus*, los cuales podrían ser utilizados en el futuro como terapia compasiva alternativa al uso de antibióticos o en combinación con los mismos. Finalmente abrimos un debate sobre el papel dual que juegan los fagos como EGM responsables de la adaptación bacteriana y adquisición de factores de virulencia y su uso en el tratamiento pacientes en los que ha fallado el tratamiento antibiótico previo.

Financiación

Proyecto PID2021-122875OB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación

Proyecto AICO/2021/306 de la Conselleria d'Innovació, Universitats, Ciència i Societat Digital de la Generalitat Valenciana



BACTERIÓFAGOS, ENDOLISINAS Y SEGURIDAD ALIMENTARIA

Pilar García Suárez ¹.

¹ (IPLA-CSIC, Villaviciosa, Asturias, España)

Resumen de la comunicación

La cadena alimentaria es una vía de dispersión de microorganismos patógenos que pueden llegar a causar toxiinfecciones alimentarias. Además, es un sector en el que es preciso reducir el uso de antibióticos y otros biocidas. Los bacteriófagos son los depredadores naturales de las bacterias. Su abundancia y especificidad les hace especialmente adecuados para la eliminación de patógenos. Las endolisinas son proteínas fágicas con actividad antimicrobiana, ya que degradan la pared bacteriana de aquellas células que sirven como huésped para la infección del fago. Tanto bacteriófagos como endolisinas cuando se añaden externamente sobre bacterias actúan como antimicrobianos muy eficaces. El uso de bacteriófagos para eliminar a bacterias patógenas (Terapia Fágica) iba destinado a tratar enfermedades infecciosas. Actualmente, se ha extendido su estudio a la aplicación en otros campos como la agricultura o la veterinaria. Así, las investigaciones ya han dado lugar a productos comerciales frente a los patógenos más comunes como Salmonella, Listeria o E. coli. Además, multitud de artículos prueban la eficacia de los mismos como bioconservantes en diferentes matrices alimentarias, como carne, pescado, verduras y productos lácteos. El grupo DairySafe (IPLA-CSIC) está trabajando en bacteriófagos que infectan a Staphylococcus aureus, y en las endolisinas codificadas por los mismos, todo ello con vistas a su aplicación como conservantes en productos lácteos. Nuestros trabajos confirman la eficacia de las mezclas de fagos para eliminar el patógeno de leche y queso.

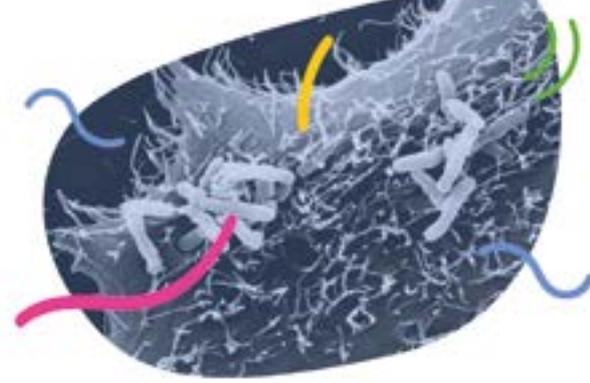
Recientemente, nos hemos centrado en el uso de endolisinas modificadas con alta actividad, las cuales pueden controlar la contaminación en queso fresco. La comercialización de productos fágicos está limitada a algunos países y en muchos otros falta una legislación para su uso en alimentos. A pesar de ello, la EMA ha publicado recientemente una guía para el uso de fagos en animales de granja, lo que muestra una nueva tendencia.

Financiación

This research was funded by grants PID2019-105311RB-I00 (MICIU/AEI/FEDER, UE, Spain), and AYUD/2021/52120 (Program of Science, Technology and Innovation 2021-2023 and FEDER EU, Principado de Asturias, Spain).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



PHAGE INTERACTIONS IN THERAPEUTIC COCKTAILS: A TALE OF TAILS

Pilar Domingo-Calap, Lucas Mora-Quilis, Rafael Sanjuán. ¹

¹ (Instituto de Biología Integrativa de Sistemas, Universitat de València-CSIC, Paterna, Spain.)

Resumen de la comunicación

The use of phages, bacterial viruses, as an alternative to antibiotics is hampered by the rapid emergence of phage resistance. The study of phage combinations that together overcome or delay resistance may help in the design and development of phage cocktails. We aim to isolate a combination of *Klebsiella* phages that delays resistance, and to investigate the mechanisms underlying the resistance process. We isolated from wastewater a lytic phage ($\alpha 62$) infecting *K. pneumoniae* KL-1. We obtained resistant bacteria against $\alpha 62$, and used them to isolate a second phage ($\lambda 15$). We used cell sorting to determine the proportion of bacterial cells sensitive to each phage, and stained bacteria to visualize capsules. Phages and bacteria were fully sequenced to determine the genetic basis of infection and resistance. The combination of both phages showed a synergistic effect in terms of delaying bacterial resistance. Phage $\alpha 62$ encoded depolymerases allowing infection of encapsulated bacteria, while $\lambda 15$ infected acapsular cells only. Infection with either phage caused the population to fluctuate between the capsular and acapsular states. Sequencing revealed that some $\alpha 62$ -resistant clones carried a deletion in a capsule synthesis gene, but we also found resistant clones that lacked any mutation, suggesting host phenotypic plasticity in response to infection. In both cases, infection with phage $\alpha 62$ increased sensitivity to phage $\lambda 15$, explaining the synergistic effect achieved when combining these two phages. In conclusion, the isolation and combination of phages that target encapsulated and acapsular resistant bacteria may help to design better phage cocktails that delay or overcome phage resistance.



DUAL PATHOGENICITY ISLAND TRANSFER BY PIGGYBACKING LATERAL TRANSDUCTION

Jose R Penades Casanova ¹.

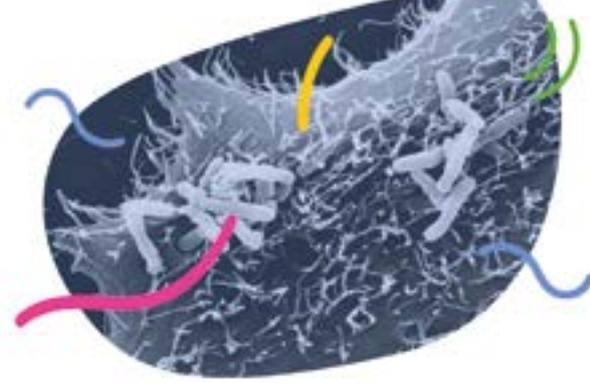
¹ (Imperial College London, London, Reino Unido)

Resumen de la comunicación

Lateral transduction (LT) is the process by which temperate phages mobilize large sections of bacterial genomes. Despite its importance, LT has only been observed during prophage induction. Here we report that superantigen-carrying staphylococcal pathogenicity islands (SaPIs) employ a related but more versatile and complex mechanism of gene transfer to drive chromosomal hypermobility while self-transferring with additional virulence genes from the host. We found that after phage infection or prophage induction, activated SaPIs form concatamers in the bacterial chromosome by switching between parallel genomic tracks in replication bubbles. This dynamic lifecycle enables SaPI_{bov1} to piggyback its LT of staphylococcal pathogenicity island vSa, which encodes an array of genes involved in host-pathogen interactions, allowing both islands to be mobilized intact and transferred in a single infective particle. Our findings highlight previously unknown roles of pathogenicity islands in bacterial virulence and show that their evolutionary impact extends beyond the genes they carry.

Financiación

This work was supported by grants MR/M003876/1, MR/V000772/1 and MR/S00940X/1 from the Medical Research Council (UK), BB/V002376/1 and BB/V009583/1 from the Biotechnology and Biological Sciences Research Council (BBSRC, UK), and EP/X026671/1 from the Engineering and Physical Sciences Research Council (EPSRC, UK).



SIMPOSIO 11

Cambio global y enfermedades emergentes

NEWCASTLE DISEASE VIRUS: A VACCINE PLATFORM AGAINST EMERGING VIRUS INFECTIONS

Adolfo García Sastre.

Resumen de la comunicación

Newcastle disease virus (NDV) is an avian paramyxovirus that infects poultry, resulting in many instances in high mortality. Successful live attenuated vaccines for poultry against this virus have been generated in the last century based on naturally circulating NDV strains that only cause asymptomatic infections, but protect from the virulent strains. We have engineered a live attenuated NDV strain to be used as a vaccine platform against different pathogens.

Expression of influenza H5 or H7 antigens by NDV resulted in protection of poultry against these influenza viruses when used as a poultry vaccine. Moreover, NDV vaccines appear safe and highly immunogenic also in mammals. An NDV vaccine expressing F of respiratory syncytial virus (RSV) protects mice, cotton rats and cows against RSV challenge. More recently, we have generated NDV vaccines expressing stabilized S of SARS-CoV-2 and we are investigating preclinically and clinically their possible use as COVID-19 vaccines. Interestingly, this vaccine induces mucosal immunity when administered intranasally without induction of adverse events. NDV and their closely related avian paramyxovirus might be used as vaccine platforms to rapidly respond to pandemics.



CAMBIO GLOBAL Y ENFERMEDADES EMERGENTES MALARIA: UNA ENFERMEDAD DE NUESTROS DÍAS

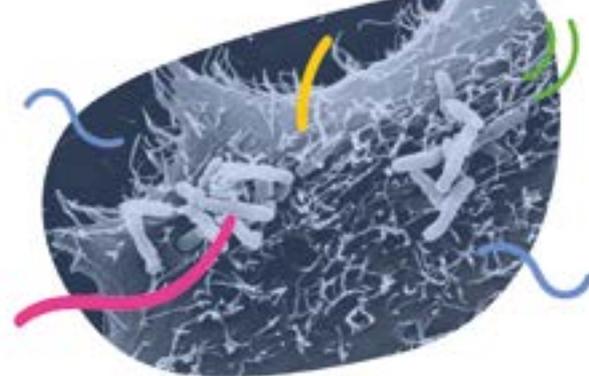
F. Javier Gamo.

Resumen de la comunicación

La malaria es una lacra que ha afectado a la humanidad desde tiempos remotos. Los avances que se habían conseguido durante los últimos años se están desvaneciendo y la enfermedad está emergiendo de nuevo. Las razones para este nuevo incremento tanto en el número de casos como en el de muertes ocasionadas por la enfermedad son variadas y a veces complejas. No obstante, una de las principales causas es el desarrollo de resistencias a las aproximaciones actuales que la comunidad científica está usando. Durante la exposición revisaremos la evolución de la malaria durante los últimos años, así como las nuevas soluciones que se están implementando para luchar contra esta enfermedad.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



FAUNA, CAMBIO CLIMÁTICO Y CANDIDA AURIS

Alba Ruiz Gaitán^{1,2}.

¹ (Hospital Universitario y Politécnico la Fe, Valencia, España)

² (Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, VALENCIA, España)

Resumen de la comunicación

La climatología de la tierra ha ido variando a lo largo del tiempo, pero los cambios actuales se producen a un ritmo más rápido producto de la actividad humana. Las repercusiones del cambio climático tienen un gran alcance y afectan a al medio ambiente, la economía y la salud humana. Una de las preocupaciones relacionadas con el cambio climático es el aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas, entre ellas las fúngicas que afectan a humanos y animales, y que puede dar lugar a la emergencia de nuevos hongos patógenos y a brotes epidémicos. *Candida auris* es un hongo patógeno emergente multirresistente que se identificó por primera vez en Japón en 2009. Desde entonces, se ha propagado rápidamente por todo el mundo, causando brotes nosocomiales en centros hospitalarios en más de 45 países. Uno de los rasgos más desconcertantes de *C. auris* es la aparición simultánea e independiente de cinco clados genéticamente distintos en los tres continentes. El origen exacto de *C. auris* aún no está claro, pero se ha propuesto el calentamiento global como un factor que contribuye a esta aparición, debido a la termotolerancia que presenta en comparación con otras especies filogenéticamente relacionadas. Esta hipótesis postula la adaptación de *C. auris* a un medio más cálido a partir de un reservorio ambiental, posiblemente en humedales o en ecosistemas oceánicos, y ser posteriormente transportada por aves migratorias a otras zonas del planeta donde, tras transmisión interespecífica en zonas rurales, tuvo lugar la colonización del ser humano y su posterior aparición en el ámbito sanitario. Teniendo en cuenta este concepto, para la adecuada comprensión de las nuevas pandemias y de la emergencia y propagación de nuevos patógenos, es fundamental asumir que la salud humana, la sanidad animal y el medioambiente son interdependientes, conformando el concepto denominado "One Health".

Referencias

1. Lockhart SR, Etienne KA, Vallabhaneni S, et al. Simultaneous emergence of multidrug resistant *Candida auris* on 3 continents confirmed by whole-genome sequencing and epidemiological analyses. *Clin Infect Dis*. 2017;64(2):134-140. doi: 10.1093/cid/ciw691
2. García-Bustos V, Cabañero-Navalon MD, Ruiz-Gaitán AC, Salavert M, Tormo-Mas MÁ, Pemán J. Climate change, animals, and *Candida auris*: insights into the ecological niche of a new species from a one health approach. *Mar 17:S1198-743X(23)00132-5*. doi: 10.1016/j.jcmmi.2023.03.016. Epub ahead of print. PMID: 36934871.



MODELOS DE RATONES QUIMÉRICOS PARA ESTUDIAR VIRUS ZONÓTICOS EMERGENTES

Beatriz Escudero Pérez ¹.

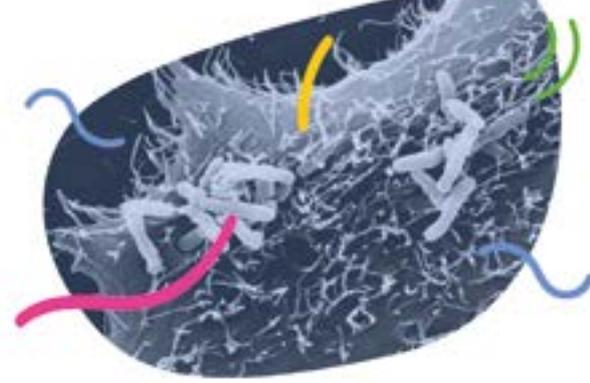
¹ (Bernhard Nocht Institut for Tropical Medicine, Hamburg, Alemania)

Resumen de la comunicación

El virus del Ébola (EBOV) y el virus Nipah (NiV) son virus altamente patógenos. En el caso del virus EBOV, perteneciente a la familia Filoviridae, causa una enfermedad hemorrágica grave en humanos y primates no humanos (NHP). Su tasa de letalidad puede alcanzar el 90% en humanos. La enfermedad causada por el virus del Ébola (EVD, de Ebola virus Disease) es una enfermedad infecciosa compleja caracterizada por una elevada inflamación, fallo multiorgánico, desregulación de las respuestas inmunitarias innata y adaptativa y anomalías de la coagulación. El virus NiV, de la familia Paramixoviridae, es un patógeno zoonótico emergentes causante de graves brotes de enfermedad en humanos y cerdos que desarrollan rápidamente una enfermedad respiratoria y encefalitis. El virus es transmitido por murciélagos y, en humanos, sus tasas de mortalidad pueden alcanzar el 92%, por lo que, junto al virus EBOV, son dos de los virus más mortíferos conocidos para el ser humano. Existen varios pequeños modelos animales como el ratón para estudiar los mecanismos moleculares responsables de la patogenicidad de EBOV y NiV, sin embargo, aunque algunos son adecuados para estudios de patogénesis y tratamientos por ejemplo, no todos reflejan adecuadamente la respuesta inmunitaria humana frente a la infección por EBOV o NiV. Hemos desarrollado varios modelos de ratón xenoquiméricos que pueden recapitular in vivo los procesos inmunitarios que tienen lugar durante las infecciones de EBOV y NiV. Estos modelos pueden ser útiles para descifrar las interacciones y respuestas inmunitarias del huésped que le protegen o bien le hacen susceptible contra estos virus.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 12

Taller sobre comunicación científica

SUGERENCIAS, CLAVES Y RUTINAS RECOMENDABLES PARA ESCRIBIR UN LIBRO DE DIVULGACIÓN SOBRE MICROBIOLOGÍA

Raúl Rivas González.¹

¹(Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Escribir un libro de divulgación es un trabajo arduo y, en muchas ocasiones, accidentado. Entonces, ¿por qué es deseable e importante que los científicos escriban libros dirigidos a una audiencia general? Las razones son múltiples y poderosas. Desde acomodar el lenguaje científico para hacerlo comprensible y cautivador, hasta comunicar y mejorar la educación científica de un sector amplio de la Sociedad, pasando por transmitir el entusiasmo por la ciencia a través de la literatura, despertar vocaciones científicas, inspirar a futuros investigadores o mejorar el conocimiento social relativo a los beneficios que aporta el desarrollo científico, solo por citar algunas de las cuantiosas cuestiones relacionadas. Por suerte, los ejemplos de libros de divulgación vinculados al ámbito microbiológico son abundantes y, en algunos casos, cómo “Yo contengo multitudes” de Ed Yong o “Cazadores de microbios” de Paul de Kruif, sobresalientes y sempiternos. Desde luego, concebir un libro de divulgación en microbiología es una práctica exigente que puede suponer una carga mental y física mayúscula, por lo que es prudente tener en cuenta algunos aspectos relacionados con el proceso de escritura. El principal es gestar una buena idea de lo que pretendo escribir y reflexionar sobre si soy capaz de crear una narrativa de calidad o necesito entrenar antes de emprender el proyecto. A partir de ahí, deben pivotar otras cuestiones cómo el por qué quiero escribir el libro, qué puede aportar la obra, cuál es el tono que debo utilizar, cuánto esfuerzo personal y familiar puede requerir esta aventura, a quién va dirigido, etc. Dicho esto, para obtener un producto de calidad son pertinentes otra serie de aspectos inherentes al proceso, cómo son confiar en el criterio del editor, ser autocrítico, encontrar un estilo propio, tomar tiempo para leer mucho, razonar, meditar, relacionar y redactar con esmero.



ESTO VA DE MICRO: THE MAKING OF

Jessica Gil Serna ¹.

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los podcasts están ganando seguidores de manera exponencial en los últimos años y se están convirtiendo en uno de los formatos favoritos para la divulgación científica. Las causas de este auge son la facilidad de acceso a los programas a través de un teléfono móvil y la posibilidad de escucharlos en cualquier horario y mientras se realizan otras tareas. En el curso 2021-2022, comenzamos a emitir "Esto va de Micro" un podcast de Microbiología realizado por estudiantes de la Universidad Complutense. Bajo la tutorización de un profesor, grupos de 3-4 estudiantes realizan entrevistas a personas expertas en distintas áreas de la Microbiología. El comienzo del programa supuso la puesta a punto de numerosas herramientas para la grabación, edición y difusión de los podcasts que han ido evolucionando hasta llegar a emitir el programa tal y como se hace hoy en día. Realizar un podcast no es complejo ni requiere de una inversión inicial elevada. Con un simple móvil y aplicaciones gratuitas se puede tener un producto de una calidad aceptable para ser colgado en las plataformas digitales. En esta charla, se darán distintas opciones para realizar cada una de las etapas de creación de un podcast teniendo en cuenta las posibles limitaciones a las que hay que enfrentarse. Se contará la experiencia de la puesta a punto de "Esto va de Micro" para que pueda servir como modelo en futuros podcasts de divulgación en Microbiología... Aunque eso sí, tener una buena idea para empezar es cosa vuestra.

Financiación

Este proyecto está financiado por el proyecto INNOVA-DOCENCIA UCM 136/2022.

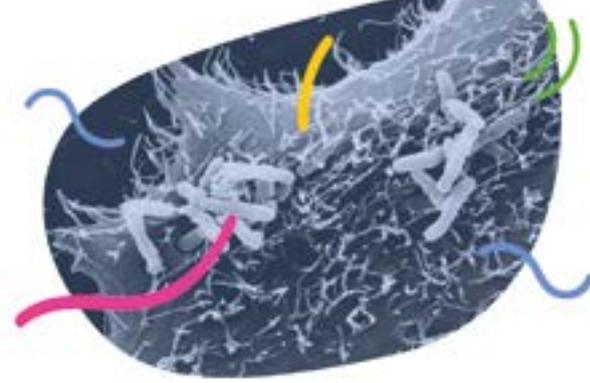
Hipervínculo

<https://go.ivoox.com/sq/1520391>

<https://open.spotify.com/show/0GmakLNqIvIjTg45qbw5CC>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



HISTORIA DE LA DIVULGACIÓN CIENTÍFICA CUANTOS LIBROS CONOCEMOS?

José Ramos Vivas.¹

¹(Universidad Europea del Atlántico, Santander, España)

Resumen de la comunicación

Los libros de ciencia proporcionan la estructura y cohesión que una colección de artículos científicos no da. Tanto la estructura como la cohesión son muy importantes porque afectan a cómo la información es procesada por los lectores. Los libros comenzaron a ocupar también hace muchos años un papel crucial en la divulgación de la ciencia; porque contaban historias. En la década de 1630 se publicaron dos libros que podrían ser considerados como los primeros con contenido divulgativo. Estaban escritos en el idioma materno de los autores, por lo que, al no estar escritos en latín, se considera que así eran más accesibles “al pueblo”, que no poseía conocimientos en esa lengua culta. El primero se publicó en 1632 firmado por Galileo Galilei y se titula: “Diálogos sobre los dos máximos sistemas del mundo, el ptolemaico y el copernicano”. Posteriormente, el sacerdote católico francés Marin Mersenne, publicó en 1634 “Preguntas inauditas”, y en 1686, Bernard Le Bovier de Fontenelle publicó: “Conversaciones acerca de la pluralidad de los mundos”. Pasando por autores como Francesco Algarotti, Joseph Lefrançois de Lalande, Charles Darwin, Ebenezer Brewer, Julian Huxley o el propio Ramón y Cajal, llegamos a escritores como Rae Goodell o Carl Sagan, que nos han ofrecido libros de divulgación maravillosos. También algunos autores han escrito libros de divulgación sobre Microbiología, como Paul de Kruif, Greer Williams o Gwyn Macfarlane, entre otros. Pero, durante los dos últimos siglos, algunos investigadores han escrito libros de texto sobre que podrían ser considerados también como auténticos libros de divulgación científica en Microbiología. Durante mi ponencia repasaré especialmente los que, dentro de estos últimos, me han fascinado de especial manera, como las biografías de Lister, Fleming y Pasteur, o el libro “La sifilización” de Auzias-Turenne. Todos los microbiólogos deberían buscar algún momento en sus vidas para leerlos.



“VISIBLE OR VANISH”: O TE HACES VISIBLE O DESAPARECES

Ignacio López-Goñi ¹.

¹(Universidad de Navarra, Pamplona, España)

Resumen de la comunicación

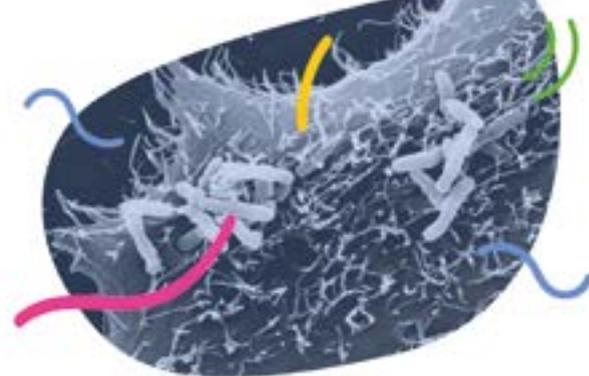
Cada día se publican varios miles de artículos científicos. La inmensa mayoría de ellos no los leerá nadie y nunca serán citados. Existe además una tendencia cada vez mayor a que los sistemas de evaluación de los currícula de los investigadores valoren también otras actividades como la divulgación y difusión de la ciencia. Por eso, se debe completar nuestro trabajo con una difusión más amplia y para eso hay que usar blogs, redes sociales... Ya va siendo hora de sustituir el famoso “Publica o perezcas” (Publish or perish) por “Hazte visible o desapareces” (Visible or vanish”). Aunque existen millones de blogs especializados en el ciberespacio, publicar en un blog todavía sigue siendo una forma muy eficaz de dar visibilidad al trabajo investigador. En esta ponencia mostraremos algunos consejos a la hora de escribir un artículo divulgativo para un blog individual o colectivo. Se mostrarán ejemplos de la plataforma The Conversation, con la que la SEM tiene un convenio de colaboración, que se ha convertido en una excelente vía de difusión de la microbiología. Pero, además, hoy es necesario mostrar nuestro trabajo a través de las redes sociales. Veremos las posibilidades y ventajas que permiten las redes sociales, especialmente Twitter e Instagram, y cómo, bien empleadas, son una excelente herramienta para el desarrollo profesional y para la docencia y difusión de la microbiología. Estas herramientas de divulgación, fáciles de usar, son un escaparate para nuestro trabajo, nos permiten hacer contactos profesionales de calidad y crear una comunidad virtual, son una fuente de información e inspiración, fomentan nuestra creatividad y el debate, nos ayudan a crear opinión de forma activa y, además, es una manera divertida de difundir nuestra ciencia.

Referencias

López-Goñi I, y col. (2018) *FEMS Microbiol Lett.* 365(2).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 13

Domesticación y adaptación de microorganismos de interés industrial y alimentario

COMPOSICIÓN MICROBIANA, SUCESIÓN E INTERACCIONES EN UNA LECHE FERMENTADA NATURAL

Baltasar Mayo Pérez ^{1,2}.

¹(Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Villaviciosa, España)

²(Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo, España)

Resumen de la comunicación

Las leches fermentadas naturales (LFN) son probablemente los productos fermentados de la leche más antiguos. Se distinguen dos clases de LFN: las inoculadas y las no inoculadas. Las no inoculadas se producen por acidificación espontánea de la leche por las bacterias ácido-lácticas (BAL) nativas. Las inoculadas se elaboran agregando una porción de un lote anterior a un nuevo sustrato de leche, técnica denominada habitualmente con el término inglés "backslopping". En nuestro laboratorio analizamos la composición microbiana y la sucesión de poblaciones en una LFN inoculada procedente del este de Europa. Con posterioridad, se han caracterizado las cepas de BAL encontradas y se han estudiado sus interacciones. Mediante DGGE, seguida de aislamiento en cultivo y tipificación se vio que la composición microbiana de esta LFN estaba compuesta por tres cepas de BAL de las especies *Lactococcus lactis*, *Lactococcus cremoris* y *Lactiplantibacillus plantarum*. El consorcio resultó ser muy estable, manteniéndose a lo largo del tiempo composición y número de los biotipos. Las tres cepas se han caracterizado fenotípica y genéticamente, incluyendo su secuenciación genómica. Las interacciones en la leche entre los miembros del consorcio se han estudiado mediante cultivos individuales y co-cultivos. Solo una de las cepas, *L. cremoris* LA10, es capaz de crecer rápidamente en leche y coagularla; esta posee una actividad caseinolítica extracelular debido a una proteasa PrtP. La cepa de *L. lactis* pertenece a la biovariedad diacetylactis, utiliza citrato, produce diacetilo y acetoína, y presenta en su genoma el operón plasmídico de la permeasa de citrato (citQRP). Las tres cepas presentan gran número de pseudogenes, lo que sugiere que están bien adaptadas ("domesticadas") al entorno lácteo. El estudio de consorcios simples ayuda a revelar las interacciones entre microorganismos y su influencia en las propiedades sensoriales de los productos fermentados.

Financiación

PID2019-110549RB-I00/AEI/10.13039/501100011033; AYUD/2021/50916, AYUD/2021/57336; BP19-098.



LOS MICROBIOS "AUTODOMESTICADOS" DEL VINO: LEVADURAS Y BACTERIAS LÁCTICAS

Albert Bordons.¹

¹(Catedrático Emérito URV, Tarragona)

Resumen de la comunicación

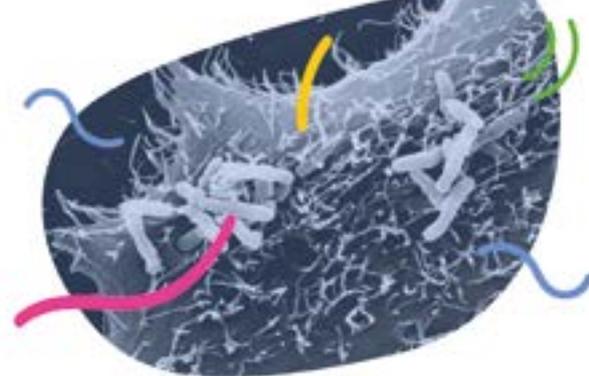
Además de animales y plantas, los humanos también han domesticado algunos microbios al irse desarrollando los alimentos fermentados, pero en este caso sin intención humana directa, y hasta hace poco más de un siglo, sin saber que existen microorganismos en estos alimentos. Estos microbios son sobre todo las bacterias lácticas de productos lácteos y de vegetales fermentados, las levaduras de las bebidas alcohólicas, y los mohos de algunos quesos y derivados de la soja. En cuanto al vino en concreto, los principales son las levaduras de la fermentación alcohólica (FA) como *Saccharomyces cerevisiae* y las bacterias de la fermentación maloláctica (FML) como *Oenococcus oeni*.

La levadura *S. cerevisiae* es un hongo ascomiceto unicelular, presente en las fermentaciones del pan, cerveza y vino. Convierte eficazmente los azúcares en etanol, antimicrobiano para el que ella es muy tolerante. Aunque otras especies de levaduras también hacen la FA, los *S. cerevisiae* vínicos han adquirido rasgos específicos como la tolerancia al cobre y a los sulfitos, entre otros, mediante diversos mecanismos genéticos.

O. oeni es una bacteria láctica (BL) que sólo se encuentra en el vino, donde realiza la FML, aportando unos beneficios de reducción de la acidez y mejora organoléptica. Es excepcional por su capacidad de sobrevivir en un medio tan hostil como es el vino, con etanol, pH ácido, polifenoles y muy pocos nutrientes. *O. oeni* aparece bien diferenciada evolutivamente de las otras BL, debido a una tasa muy alta de mutabilidad, y un genoma más pequeño y con menor capacidad biosintética. Es única sobreviviendo en el vino, gracias a aprovechar el L-málico, tener proteínas protectoras del etanol, y sistemas antioxidantes eficaces como el glutatión.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



ADAPTACIÓN DE LACTIPLANTIBACILLUS PENTOSUS A LAS FERMENTACIONES DE ACEITUNAS DE MESA

Francisco Noé Arroyo-López, Antonio Benítez-Cabello & Elio López García. ¹

¹(Campus Universitario Pablo de Olavide. Edificio 46. 41013, Sevilla. e-mail: fnoe@ig.csic.es)

Resumen de la comunicación

La aceituna de mesa es el vegetal fermentado más importante de los países de la cuenca Mediterránea, con una producción anual que supera los 3 millones de toneladas. España es el primer país productor de aceituna de mesa, con casi el 25% de la producción mundial. Este sector genera al PIB de nuestro país >1.000 millones de euros anuales, principalmente en las comunidades de Andalucía y Extremadura.

Se estima que el cultivo del olivo se originó en el oriente próximo hace más de 6.000 años. Las primeras referencias escritas sobre elaboración de aceitunas de mesa se deben a Columela en su libro *De Re Rustica* (Siglo I. D.C). Por lo tanto, estamos ante un proceso de selección y domesticación microbiana que en el menor de los casos dura ya 2.000 años.

Las bacterias lácticas, y especialmente *Lactiplantibacillus pentosus* (ex *Lactobacillus pentosus*), juegan un papel muy relevante durante el proceso de fermentación de la aceituna de mesa, determinando la calidad, seguridad y características organolépticas del producto final. Esta especie consume los azúcares suministrados por el fruto para producir ácido láctico, que baja el pH del medio hasta valores inferiores a 4,2 que inhiben el desarrollo de patógenos y alterantes. También tiene la capacidad de formar biofilms sobre la epidermis de los frutos, de manera que un solo gramo de aceituna fermentada contiene >10 millones de UFC.

Durante el proceso de fermentación de la aceituna de mesa *L. pentosus* ha tenido que adaptarse a condiciones muy específicas, tales como: i) altas concentraciones de sal (6-8%), ii) bajos pH (<4,2), iii) presencia de compuestos antimicrobianos (oleuropeína, hidroxitirosol, etc.), iv) competencia con otros microorganismos (*Clostridium*, *Propionibacterias*, *Clostridium*, etc.), v) asimilación de los azúcares suministrados por el fruto (glucosa, fructosa, sacarosa y manitol), o vi) la presencia de fagos.

El análisis que hemos realizado del genoma de la cepa *L. pentosus* LPG1, aislada de biofilms de aceitunas de mesa, nos muestra que este microorganismo dispone de una maquinaria enzimática que le permite adaptarse adecuadamente a este ambiente. De este modo, su genoma contiene un total de 3.700.503 pb repartidos en 1 cromosoma y 2 plásmidos, con 3.345 genes codificantes de los cuales 195 genes están asociados al transporte y metabolismo de carbohidratos, además de 4 profagos, 2 clúster de producción de bacteriocinas (pediocina y plantaricina), 2 clústers de síntesis de EPS, enzimas que le permiten degradar compuestos fenólicos (esterasas, carboxilesterasa, etc.) y chaperonas involucradas en la respuesta a estrés ácido (DnaK, DnaJ, GroEL, GroES y GrpE).

Finalmente, un análisis realizado mediante técnicas de Machine Learning con el genoma de 82 cepas de *L. pentosus* obtenidas del NCBI, 65 de fermentaciones vegetales y 17 de otros orígenes, nos muestra que existen ciertos genes que discriminan entre estos 2 grupos de *L. pentosus*. De este modo el gen LPKW2_06135, que está presente en mayor proporción en las cepas que no tienen un origen vegetal, codifica para una proteína involucrada en procesos

de adhesión al intestino y activar la respuesta inmune en el huésped, mientras que el gen LPEN_RS02140, mayormente presente en las cepas de vegetales fermentados, codifica para una permeasa transportadora de acetoina que previene de la sobre-acidificación del citoplasma.



GENERANDO BIODIVERSIDAD EN LACTOCOCCUS LACTIS MEDIANTE EVOLUCIÓN ADAPTATIVA

Beatriz Martínez Fernández ^{1,2}.

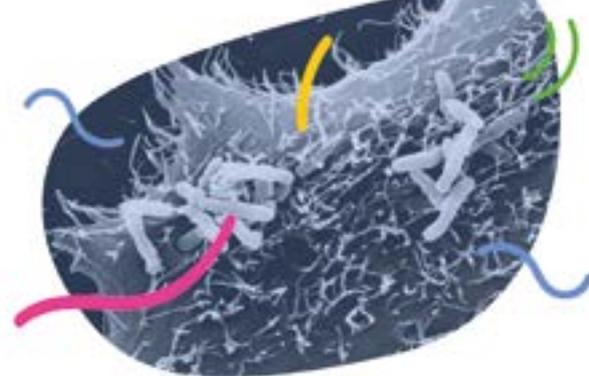
¹ (IPLA-CSIC, Villaviciosa, España)

Resumen de la comunicación

Lactococcus lactis y Lactococcus cremoris son el componente principal de los cultivos iniciadores mesófilos utilizados en la elaboración de productos lácteos fermentados, fundamentalmente queso. Son responsables de la acidificación de la leche y contribuyen al desarrollo de las propiedades organolépticas del producto final. Teniendo en cuenta que el éxito de una fermentación industrial depende de la viabilidad y actividad de los cultivos microbianos utilizados, se demandan cepas robustas que resistan las condiciones adversas, inherentes a estos procesos industriales, para mejorar su competitividad. Esto unido a la creciente demanda de productos con características organolépticas distintivas propicia la búsqueda de nuevas estrategias para aumentar la diversidad de cepas disponibles que presenten nuevos fenotipos y funcionalidades. Nuestro grupo de investigación ha evaluado la viabilidad de la evolución adaptativa como estrategia de grado alimentario para diversificar los cultivos iniciadores lácticos disponibles. Concretamente, aplicamos la bacteriocina Lcn972 que inhibe la síntesis de la pared celular como agente selectivo debido a que la integridad de la pared celular es un factor determinante para garantizar la supervivencia. Los resultados mostraron que, concomitante a la selección de mutantes resistentes a la bacteriocina, es posible seleccionar fenotipos de interés tanto en cepas de laboratorio como aquellas de uso industrial sin alterar sus aptitudes tecnológicas más importantes. También se identificó la pérdida de plásmidos como uno de las principales desventajas de la evolución adaptativa. Por otro lado, la comparación de genomas y análisis transcripcionales nos permitió determinar los principales mecanismos moleculares implicados en la respuesta al daño de la pared celular en L. lactis. En su conjunto, los resultados obtenidos confirman la plasticidad de L. lactis en su adaptación al estrés sobre la pared celular y avala la utilidad de la evolución adaptativa para generar diversidad funcional en L. lactis sin hacer uso de la tecnología del ADN recombinante.

Financiación

PID2020-119697RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033



SIMPOSIO 14

Adaptación microorganismos patógenos al hospedador

LA PARED CELULAR BACTERIANA Y LA ADAPTACIÓN A LA VIDA INTRACELULAR

Francisco García del Portillo.¹

¹(Centro Nacional de Biotecnología (CNB)-CSIC Darwin, 3. 28049 Madrid fgportillo@cnb.csic.es)

Resumen de la comunicación

La pared celular es la estructura que dota a la bacteria de una forma definida y asegura su integridad. Dentro de la pared celular, el peptidoglicano es su principal soporte sintetizándose como una macromolécula gigante con uniones covalentes entre cadenas glucosídicas y péptidos, y cubriendo por entero la superficie de la bacteria.

De acuerdo con la función esencial que juega el peptidoglicano, los textos de Microbiología inciden en la protección que proporciona esta malla poniendo como ejemplo su importancia ante alteraciones súbitas en la osmolaridad del medio externo, una situación que probablemente enfrentan muchas bacterias en la Naturaleza. Esta función queda sin embargo un tanto indefinida cuando la bacteria coloniza un ambiente no fluctuante como puede ser el interior de la célula eucariota, bien dentro de un compartimento vacuolar ácido o en el citosol. De hecho, algunas bacterias intracelulares obligadas muestran un patrón incompleto de las funciones que son absolutamente necesarias para la síntesis de peptidoglicano. Esta evidencia sustentaría un modelo de evolución tendente a perder peptidoglicano en aquellas bacterias que se adaptan de forma irreversible a la vida intracelular. Otro importante factor que podría acelerar esta evolución es la existencia de receptores de defensa innata que reconocen patrones moleculares con estructuras típicamente bacterianas como el peptidoglicano. Algunos de estos receptores, como NOD1 y NOD2, muestran localización intracelular.

Nuestro grupo lleva décadas estudiando mecanismos de adaptación al ambiente intracelular de un patógeno bacteriano como *Salmonella enterica*, el cual alterna entre un modo de vida extracelular, cuando se disemina en el ambiente, e intracelular cuando infecta las células de su hospedador. Nuestros datos más recientes muestran un fenómeno de modificación de la estructura del peptidoglicano que este patógeno realiza de forma exclusiva cuando percibe señales del ambiente intracelular. Curiosamente, esta modificación parece disminuir el reconocimiento por receptores de defensa, tratándose por tanto de un mecanismo de evasión inmune que sólo se activaría en respuesta a señales propias del interior celular eucariota. Unido a ello, expondré algunos de nuestros últimos resultados en referencia al control de la forma celular cuando *Salmonella* coloniza el ambiente intracelular.

Financiación

Investigación financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación (ayuda PID2020-112971GB-I00)

Referencias

López-Escarpa D, Castanheira S, García-Del Portillo F. *OmpR and Prc contribute to switch the Salmonella morphogenetic program in response to phagosome cues. Mol Microbiol.* 2022;118(5):477-493. doi: 10.1111/mmi.14982.



Hernández SB, Castanheira S, Pucciarelli MG, Cestero JJ, Rico-Pérez G, Paradela A, Ayala JA, Velázquez S, San-Félix A, Cava F, García-Del Portillo F. Peptidoglycan editing in non-proliferating intracellular *Salmonella* as source of interference with immune signaling. *PLoS Pathog.* 2022; 18(1):e1010241. doi: 10.1371/journal.ppat.1010241.

MECANISMOS DE ADAPTACIÓN AL ESTADO COMENSAL DE CANDIDA ALBICANS: UNA CUESTIÓN DE GENÉTICA, NUTRICIÓN Y FORMA FÍSICA

Jesús Pla Alonso, Rebeca Alonso Monge, Elvira Roman Gonzalez, Daniel Prieto Prieto, Susana Hidalgo Vico, Isabel Cortes Prieto, Alejandro Sanz Rodriguez, Marina Alvaro Moya. ¹

¹(UCM, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Candida albicans es un hongo dimórfico que coloniza la cavidad vaginal y gastrointestinal del ser humano de forma natural. Cuando se produce un desequilibrio de las defensas del huésped (ej., inmunológicas o producidas por una alteración de la microbiota), puede pasar desde dicha cavidad a órganos internos y generar infecciones sistémicas de enorme gravedad. Pero también existen evidencias de su posible papel beneficioso en ciertas circunstancias. En nuestro grupo estamos analizando los mecanismos de adaptación al estado comensal de este hongo con la intención de desarrollar nuevas estrategias terapéuticas que controlen su proliferación indeseada así como para aprovechar la respuesta inmune que desencadena en beneficio del ser humano. Nos hemos centrado en tres líneas de trabajo. Por un lado, estamos analizando el papel del factor de transcripción *Wor1*, implicado en la transición blanca opaca y determinante de colonización. Hemos caracterizado su función mediante experimentos de competición y de micro evolución y proteómica, demostrando cambios en el hongo que implican a la ruta del glioxilato y al metabolismo lipídico y su capacidad de restablecer la colonización defectuosa de mutantes *hog1*. También hemos caracterizado el papel del factor *Flo8* en el curso de la colonización, implicando a la manosiación de proteínas de superficie en la supervivencia en intestino. Finalmente, hemos demostrado que las formas filamentosas del hongo tienen menor capacidad de colonización intestinal, siendo capaces de estimular una respuesta inmunitaria adaptativa que regula la morfología en el intestino.

Financiación

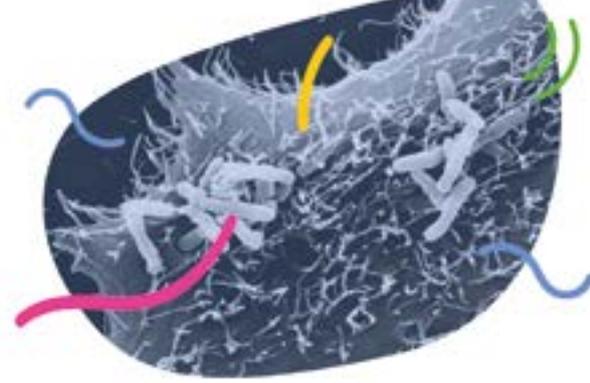
PID2021-122648NB-I00

Referencias

1. E. Román, D. Prieto, S. Hidalgo-Vico, R. Alonso-Monge, J. Pla. *Virulence* 14, 2174294 (2023).
2. S. Hidalgo-Vico et al. *J Fungi (Basel)* 8, (2022).
3. I. Doron et al. *Nat Microbiol* 6, 1493-1504 (2021).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



PARTICIPACIÓN DE LOS PROGENITORES HEMATOPOYÉTICOS EN LA INMUNIDAD ENTRENADA FRENTE A LAS INFECCIONES FÚNGICAS

Alberto Yáñez Boyer.¹

¹(Departamento de Microbiología y Ecología e Instituto de Biotecnología y Biomedicina (BIOTECMED), Universitat de València)

Resumen de la comunicación

La inmunidad entrenada se define como la adaptación de las células del sistema inmunitario innato para montar una respuesta mayor y más rápida contra un segundo encuentro con un patógeno. Nuestro grupo ha demostrado que este concepto se puede aplicar no solo a las células mieloides maduras, sino también a las células madre y progenitores hematopoyéticos (HSPCs). Además, hemos estudiado los mecanismos encargados de generar inmunidad entrenada en HSPCs utilizando un modelo murino de vacunación con una cepa no germinativa y de baja virulencia de *Candida albicans* (PCA2). Esta cepa causa una infección muy leve y confiere protección contra una reinfección letal con una cepa virulenta de *C. albicans*. Utilizando este modelo hemos demostrado que: (i) la vacunación con PCA2 aumenta el número de HSPCs en la médula ósea y recluta HSPCs al bazo de los ratones infectados, (ii) las HSPCs de ratones vacunados con PCA2 responden mejor a una infección secundaria al producir más células mieloides con una respuesta inflamatoria entrenada y (iii) las HSPC de ratones vacunados con PCA2 producen más citocinas proinflamatorias en respuesta a una estimulación secundaria. Además, al realizar experimentos de transferencia adoptiva, demostramos que las HSPCs entrenadas con PCA2 confieren protección contra la reinfección. Finalmente, la activación autocrina de GM-CSF en HSPCs es responsable de la formación del fenotipo entrenado y esencial para la protección inducida por la vacuna. Estos hallazgos revelan un papel fundamental para las HSPCs en la respuesta protectora proporcionada por la inmunidad entrenada durante las infecciones fúngicas, abriendo nuevos caminos para la prevención y el tratamiento de estas infecciones.

Financiación

RTI2018-093426-B-100 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, España y Fondo Europeo de Desarrollo Regional) y AICO/2021/350 (Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital, Generalitat Valenciana).



INSIGHTS ON THE RALSTONIA SOLANACEARUM LIFE CYCLE: ADAPTATION TO THE HOST AND TO THE ENVIRONMENT

Marc Valls. ^{1,2}

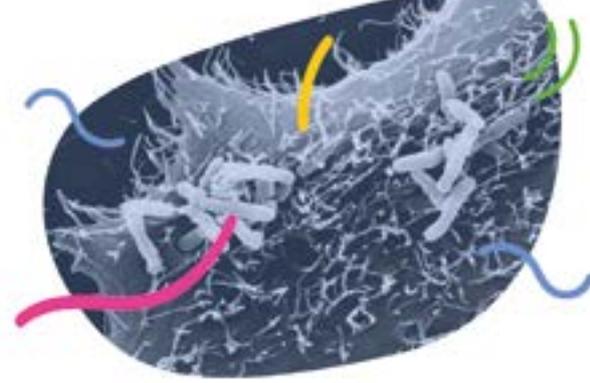
¹(Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

²(CRAG, Cerdanyola del V., España)

Resumen de la comunicación

Ralstonia solanacearum a beta-proteobacterium that causes bacterial wilt, a devastating plant disease responsible for serious economic losses especially on potato, tomato, and other solanaceous plant species in temperate countries. Gene expression analyses have been essential to unravel *R. solanacearum* virulence determinants as well as their regulatory networks. However, most of these studies had been performed in vitro and little was known about the genetic program that coordinates virulence gene expression and metabolic adaptation along the different stages of the *R. solanacearum* life cycle. Here we will describe the applications of the genetic tools we developed for stable transformation and promoter probing in *R. solanacearum*. To understand the basis of bacterial wilt resistance, we have investigated the spatio-temporal bacterial colonization dynamics in tomato using non-invasive live monitoring in susceptible and resistant plants. Our work reveals restriction to bacterial movement at four levels: root entry, vertical movement from roots to shoots and circular and radial spread in the plant stem. We have also performed RNA-sequencing analyses of the bacterial transcriptome in the plant apoplast and in the xylem of asymptomatic or wilted potato plants, as well as in environmental conditions. Our results show dynamic expression of metabolism-controlling genes and virulence factors during parasitic growth inside the plant and reveal a number of genes that are essential for survival of the pathogen in the environment. Our findings open new avenues of research to fight against *R. solanacearum* and to engineer plant resistance against vascular wilt pathogens.

**Microorganismos:
Un Universo en Continua Evolución.**
25 - 28 JUNIO 2023



SIMPOSIO 15

Desarrollo profesional en Microbiología: ¿Una carrera de obstáculos?

ENFERMÉ DEHORS - AZAR Y CONTINGENCIA EN LA CARRERA INVESTIGADORA

José Antonio Escudero García-Calderón.¹

¹(Universidad Complutense, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

En esta charla me apoyaré en los conceptos evolutivos de contingencia y azar para repasar mi carrera científica y contextualizar el éxito y el fracaso de algunas etapas.

Financiación

Programa de Atracción de Talento de la Comunidad de Madrid.

ERC StG

Hipervínculo

www.ucm.es/mbalab



¿POR QUÉ ENTIENDES ABRACADABRA CUANDO QUIERO DECIR EUREKA?

Óscar J. Esteban Carbonero. ¹

Resumen de la comunicación

La microbiología como cualquier otra disciplina científica tiene una evolución en el aprendizaje y en la aplicación de los conocimientos adquiridos.

La experiencia para compartir en este simposio es desde el punto de vista personal de un microbiólogo en diferentes organizaciones y desde diferentes puestos y funciones organizativas.

Es un viaje de exploración, aprendizaje y descubrimientos. Es un camino de evolución, de la revelación de una pasión y la transición por diferentes estados es los que los obstáculos y los impulsos se valoran de forma diferente en cada etapa.

Los inicios son relevadores: lenguaje propio, vestimenta propia, con protocolos de lo invisible y paciencia... mucha paciencia para obtener resultados. Los avances llegan tomando consciencia de lo mucho que falta por conocer. Los gigantes que te rodean te permiten ver más y disfrutas de conversaciones que modelan tu modo de comprender el mundo.

Pronto percibes en tu entorno personal que tienes que hacer un ejercicio pedagógico para explicar a qué te dedicas. Más adelante en el ámbito empresa se acentúa la necesidad de saber transmitir de forma sencilla los conceptos y la interpretación de los resultados.

Cabalgar entre dos lenguajes amplía tu mirada a la vez que te posiciona en ocasiones en tierra de nadie: corres el riesgo de ser muy "político" para los técnicos y demasiado "científico" para los gestores. Balancear los dos ámbitos permite dar lo mejor de la ciencia a las empresas.

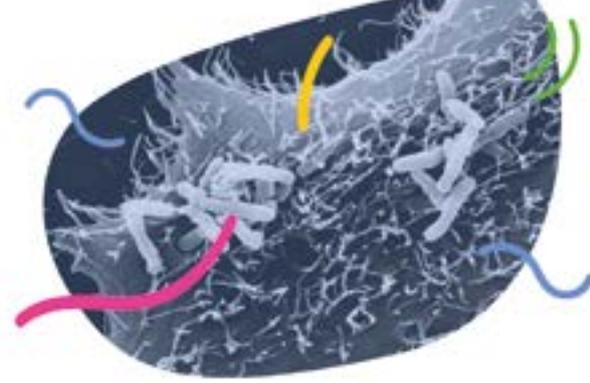
Todas las personas que trabajamos en microbiología tenemos ciertas cualidades que nos permiten aportar especial valor a nuestras organizaciones ya sean facultades, centro de investigación o empresas. La solución pasa por explotar nuestra ventaja competitiva. En mi experiencia personal una fortaleza es ser catalizador universidad-empresa: tener contacto con el conocimiento más avanzado y ponerlo a disposición del

negocio y de la sociedad. Nuestras conclusiones científicas permiten tomar decisiones acertadas y nuestra gestión permite mejorar las operaciones. Estos dos puntos son especialmente relevantes en los ámbitos biotecnológico y de seguridad alimentaria.

Y todo ello siendo rigurosos, pedagógicos, emitiendo juicios basados en datos y liderando cambios beneficiosos para nuestro entorno.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



¿ES POSIBLE INVESTIGAR EN UNA EMPRESA PRIVADA EN NUESTRO PAÍS?

Daniel Ramón Vidal. ¹

¹ (ADM-Biopolis)

Resumen de la comunicación

Hace veinte años decidimos crear desde el CSIC una pequeña empresa dedicada a dar servicios de I+D en biotecnología microbiana. Aquella ilusión, luego de veinte años se ha convertido en el centro neurálgico de I+D en microbioma de la compañía norteamericana Archer Daniels Midland Co (ADM). Da trabajo a 120 empleados de diez nacionalidades distintas (65% mujeres) de los cuales el 20% son doctores, el 57% tiene un grado o un máster y el 23% restante estudios de formación profesional. Investigamos en el desarrollo de nuevos moduladores del microbioma humano y animal y, lo que es más importante, los producimos en las dos plantas de fermentación que tenemos en la Comunidad Valenciana para venderlos en los cinco continentes. A lo largo de mi exposición contaré la historia de ADM-Biopolis y me centraré en la descripción científica de algunos de nuestros desarrollos. También pondré ejemplos de otras compañías españolas similares, nacidas desde organismos públicos, para demostrar con datos que si es posible hacer ciencia de calidad en un entorno empresarial en nuestro país.



DESARROLLO PROFESIONAL Y DESARROLLO PERSONAL EN MICROBIOLOGÍA

Fernando Baquero.¹

¹(Instituto Ramón y Cajal de Investigaciones Sanitarias (IRYCIS), Área de Biología y Evolución de Microorganismos, Servicio de Microbiología del Hospital Universitario Ramón y Cajal, 28034 Madrid)

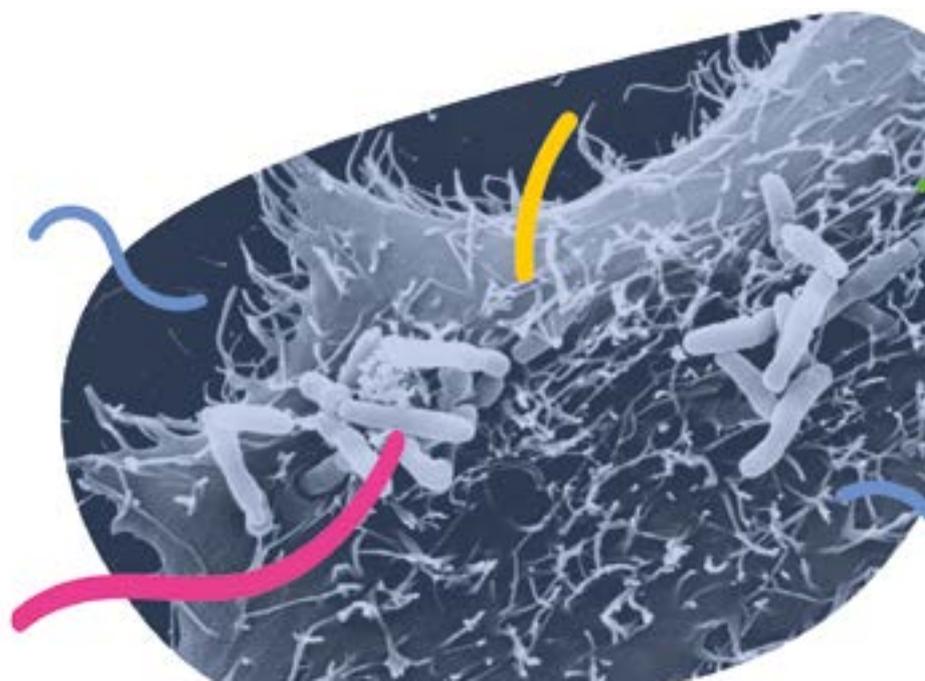
Resumen de la comunicación

El instrumento principal para el desarrollo de la actividad y la profesión del microbiólogo es el desarrollo y organización de la persona que ejerce dichas funciones. Aunque nunca se cita como tal en "Material y Métodos", es el material personal y la metodología de la voluntad y técnica lógica de la mente del microbiólogo lo que determina de sus propias consecuciones científicas y profesionales. El desarrollo profesional sin duda depende de la experiencia y los conocimientos, pero ni la una ni los otros son posibles sin un desarrollo personal adecuado. Sin duda el microbiólogo que aspire a alcanzar altas cotas de reconocimiento profesional debe cuidar ante todo su "instrumento interno", sus propias capacidades personales. Algunas de las claves para el cuidado de ese instrumento científico personal son: 1) estimulación de la curiosidad, no sólo en aspectos microbiológicos, sino en cualquier otro tipo de campo del mundo que nos rodea; 2) pensamiento libre e incondicionado, buscando las soluciones en nuestra mente antes que en la bibliografía; 3) conocimiento transversal de las ciencias, ya que "todas las ciencias son una" y la fertilización de la microbiología es proporcional a nuestra capacidad de buscar analogías en otras ciencias; 4) entrenamiento en la búsqueda de significados en contextos complejos, para lo que es útil el interés por el "pensamiento" en general, incluyendo la historia, la literatura y las artes; 5) búsqueda sistemática de lo "general" en lo "particular"; 6) intentar asegurarse la mayor estabilidad emocional personal posible, dejando espacios tranquilos en nuestra mente para poder pensar espontánea y placenteramente en microbiología; 7) procurar la mayor honestidad en nuestro comportamiento, para asegurarnos de la fiabilidad de nuestras propuestas científicas y profesionales, y 8) como resultado de todas las claves anteriores, "creer en sí mismo" y ser ambicioso en la promoción de nuevas ideas innovadoras.



XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

BURGOS 2023



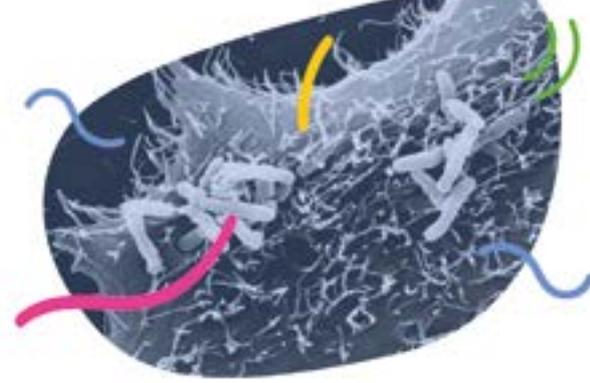


COMUNICACIONES
ORALES



Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



COMUNICACIONES ORALES

Biología de los microorganismos Patógenos I

#14 COMPETITION BETWEEN LYSOGENIC AND SENSITIVE BACTERIA IS DETERMINED BY THE FITNESS COSTS OF THE DIFFERENT EMERGING PHAGE-RESISTANCE STRATEGIES

Olaya Rendueles Garcia¹.

¹ (Institut Pasteur, Paris, Francia)

Resumen de la comunicación

Many bacterial genomes carry prophages whose induction can eliminate competitors. In response, bacteria may become resistant by modifying surface receptors, by lysogenization, or by other poorly known processes. All these mechanisms affect bacterial fitness and population dynamics. To understand the evolution of phage resistance, we co-cultivated a phage-sensitive strain (BJ1) and a poly-lysogenic *Klebsiella pneumoniae* strain (ST14) under different phage pressures. The population yield remained stable after 30 days. Surprisingly, the initially sensitive strain remained in all populations and its frequency was highest when phage pressure was strongest. Resistance to phages in these populations emerged initially through mutations preventing capsule biosynthesis. Protection through lysogeny was rarely observed because the lysogens have increased death rates due to prophage induction.

Unexpectedly, the adaptation process changed at longer time scales the frequency of capsulated cells in BJ1 populations increased again, because the production of capsule was fine-tuned, reducing the ability of phage to absorb. Contrary to the lysogens, these capsulated resistant clones are pan-resistant to a large panel of phages. Intriguingly, some clones exhibited transient non-genetic resistance to phages, suggesting an important role of phenotypic resistance in coevolving populations. Our results show that interactions between lysogens and sensitive strains are shaped by antagonistic co-evolution between phages and bacteria. These processes may involve key physiological traits, such as the capsule, and depend on the time frame of the evolutionary process. At short time scales, simple and costly inactivating mutations are adaptive, but in the long-term, changes drawing more favorable trade-offs between resistance to phages and cell fitness become prevalent.

Financiación

Agence Nationale de la Recherche (ANR 18 CE12 0001 01 ENCAPSULATION) Olaya Rendueles.

Hipervínculo

<https://research.pasteur.fr/en/team/group-olaya-rendueles-garcia/>

Referencias

Olaya Rendueles, Jorge A Moura de Sousa, Eduardo PC Rocha (2023). Competition between lysogenic and sensitive bacteria is determined by the fitness costs of the different emerging phage-resistance strategies. *eLife* 12:e83479.



#18 LA DERMICIDINA HUMANA (DCD), UN PÉPTIDO INMUNITARIO CONTRA LA GRIPE

Paula Corell- Escuin¹, Guiseppe D' Auria², Anmol Adhav³, Alberto Marina³, Laura Gadea- Salom⁴, Luis Martínez- Adriana Magos⁵, Xavier López Labrador¹, Alex Mira Obrador¹, Maria Desamparados Ferrer García¹.

¹ (Fundació per al Foment de la Investigació Sanitària i Biomèdica de la Comunitat Valenciana (FISABIO-Salut Valencia, España)

² (Servicio de Secuenciación y Bioinformática, Fundació per al Foment de la Investigació Sanitària i Biomèdica Valenciana (FISABIO-Salut Pública), Valencia, España)

³ (Unidad de Cristalografía Macromolecular, Instituto de Biomedicina de Valencia (CSIC), Valencia)

⁴ (Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Universitat de València, Valencia, España)

⁵ (Hospital Provincial de Castellón, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

El virus de la gripe causa infecciones respiratorias con un impacto severo a nivel mundial. A pesar de su alta prevalencia, parte de las personas infectadas por influenza siguen siendo resistentes a desarrollar síntomas. En estudios anteriores, que un péptido antimicrobiano humano llamado dermicidina (DCD) podría tener actividad antiviral contra el virus de objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antiviral de la DCD y sus variantes naturales contra el virus de la gripe su mecanismo de acción. Esto se realizó mediante ensayos de inhibición de hemaglutinación y ensayos de placa. Además, detectado y cuantificado mediante ELISA la producción de la DCD en diferentes tejidos humanos y sus niveles han entre individuos susceptibles y asintomáticos. También se han investigado posibles mutaciones en el gen DCD entre mediante secuenciación PacBio. Por último, se ha evaluado su citotoxicidad y tolerabilidad en modelo de ratón BALB/resultados han demostrado que la DCD tiene actividad antiviral contra los dos principales subtipos circulantes de influenza H3N2) y también contra otros virus respiratorios como el coronavirus y el virus del sarampión. Nuestros datos muestran se une a la hemaglutinina viral, bloqueando la primera fase de infección. La DCD se produce en todas las vías de entrada saliva, nasofaringe y lágrimas. Los individuos asintomáticos tienen niveles basales de DCD significativamente más con los susceptibles, y su producción aumenta significativamente durante la infección. No hemos detectado ninguna específica en su gen asociada con individuos asintomáticos o susceptibles. La variante DCD-1L no es tóxica y se tolera modelos animales. En conclusión, el DCD humano podría representar una nueva herramienta para prevenir y tratar las por el virus de la gripe.

Financiación

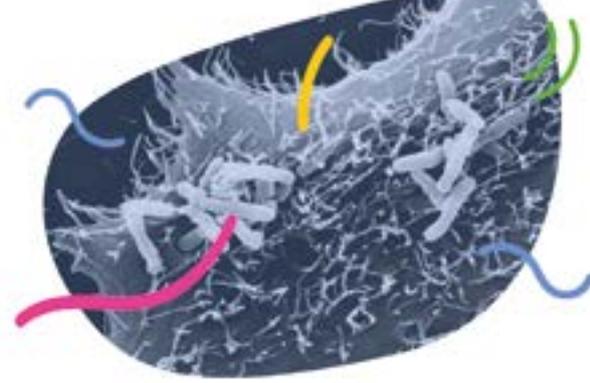
Este trabajo ha sido financiado gracias a las ayudas INNVAL20/19/006 y INNVA2/2021/3 de la Agencia Valenciana Innovación (AVI).

Hipervínculo

<http://centros.fisabio.san.gva.es/web/oral-microbiome-laboratory/immunity-to-influenza-mediated-by-sa>

Referencias

Furuya-Kanamori y col. (2016) *Emerging Infectious Diseases* 22(6):1052-6.



#39 BREAKING THE RULES: HOW WOULD A SOD-DEFICIENT PATHOGEN ADAPT TO HOST-RELATED OXIDATIVE STRESS?

Samuel García Huete, Mathieu Picardeau, Nadia Benaroudj ¹.

¹(Institut Pasteur, Paris, Francia)

Resumen de la comunicación

Leptospira are diderm bacteria of the Spirochaetes phylum and the causative agent of the tropical disease leptospirosis. The increasing incidence in western countries, the high rates of mortality, and the lack of effective treatments or vaccines make leptospirosis a raising threat to public health. *Leptospira* pathogenicity relies on their ability to withstand deadly Reactive Oxygen Species (ROS) during host infection, an ability that is essential for their virulence. While most microorganisms typically use superoxide dismutase (SOD) as a defence mechanism against superoxide, a specific ROS encountered during infection, pathogenic *Leptospira* do not possess this enzyme. Using a phylogenetic approach, we could demonstrate that SOD was present in the Last Leptospiral Common Ancestor (LLCA) and lost upon the emergence of host-adapted *Leptospira* clades, showing an evolutionary relationship between superoxide tolerance and the origin of pathogenicity. Interestingly, heterologous expression of an active SOD in *L. interrogans* did not improve their tolerance to superoxide, nor impaired their virulence. We have also found that exposure to superoxide selects a population of *L. interrogans* with a higher tolerance to this ROS, showing that there exists an adaptive response to superoxide in the absence of a SOD. To identify mechanisms participating in this response, we have determined the transcriptome and proteome of *L. interrogans* in the presence of superoxide anion. This helped uncover a network of factors contributing to superoxide defence and revealed that *Leptospira* mainly rely on the leucine and sulfur-containing amino acid biosynthetic pathways to face the consequences of superoxide stress. In addition, we have identified a transcriptional regulator, the Peroxide Stress Regulator PerRB, that participates in the control of this adaptive response. Overall, our study sheds light on the so far unexplored evolutionary adaptation of pathogenic *Leptospira* to superoxide and challenges our understanding of the oxidative stress response in aerobic pathogenic bacteria.

Financiación

Pasteur - Paris University (PPU) International PhD Program fellowship, PTR LeptOxInfection (310-20)

Referencias

Picardeau, M (2017) *Nat Rev Microbiol* 15(5):297-307 Eshghi, A et al. (2012) *Infect Immun* 80(11):3892-9
Zavala-Alvarado, C et al. (2021) *PLoS Pathog* 2;17(12)



#44 PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VECTORES EN GARRAPATAS Y EN SUS HOSPEDADORES PEQUEÑOS MAMÍFEROS CAPTURADOS EN ZONAS AGRÍCOLAS DE CASTILLA Y LEÓN

Daniel Herrera Rodríguez¹, Silvia Herrero Cofreces², Isabel Jado García³, M^a Dolors Vidal Roig¹, Félix Valcárcel Sancho⁴, Sonia A. Olmeda García⁵, François Mougeot⁶, Juan José Luque Larena⁷, Rosa González Martín-Niño³, Raquel Escudero Nieto³.

¹(Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad de Castilla la Mancha, Ciudad Real, España)

²(Departamento de Ciencias Agroforestales, Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), E.T.S. Ingenierías Agrarias, Universidad de Valladolid, Palencia, España)

³(Laboratorio de Referencia e Investigación en Patógenos Especiales, Centro Nacional de Microbiología, ISCIII, Madrid, España)

⁴(Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Madrid, España)

⁵(Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

⁶(Grupo de Gestión de Recursos Cinegéticos y Fauna Silvestre, Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (IREC - CSIC, UCLM, JCCM), Ciudad Real, España)

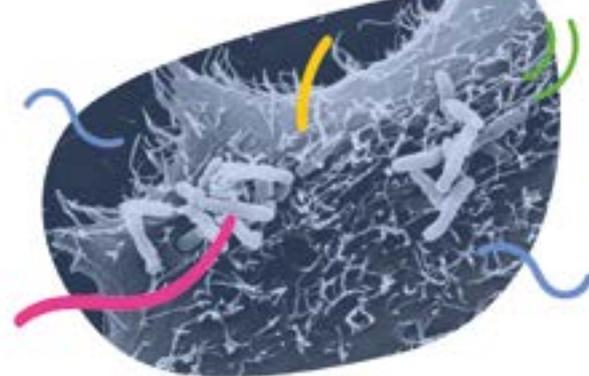
⁷(Departamento de Ciencias Agroforestales, Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible (iuFOR), E.T.S. Ingenierías Agrarias, Universidad de Valladolid (UVA), Palencia, España)

Resumen de la comunicación

Las garrapatas son artrópodos vectores que propagan zoonosis muy eficientemente entre la fauna silvestre, los animales domésticos y las personas. Se han recogido 457 garrapatas en 124 pequeños mamíferos (31 *Apodemus sylvaticus*, 11 *Crociodura russula*, 77 *Microtus arvalis* y 5 *Mus spretus*), que fueron capturados vivos en zonas de cultivo de Castilla y León desde 2009 hasta 2016. Se ha analizado mediante PCR a tiempo real la presencia de *Anaplasma* spp., *Borrelia* spp., *Coxiella* spp., *Francisella* spp. y *Rickettsia* spp. tanto en garrapatas (un pool por hospedador) como en muestras de tejido de los hospedadores. Las muestras positivas se secuenciaron para identificar las especies bacterianas. Las especies de garrapatas recolectadas fueron *Rhipicephalus turanicus* (425/457, 93%), *Hyalomma* spp. (13/457, 2,8%), *Rhipicephalus* spp. (12/457, 2,6%), *Dermacentor* spp. (4/457, 0,9%) y *Rhipicephalus pusillus* (3/457, 0,7%). Las garrapatas solo fueron positivas a *Rickettsia* spp., género detectado en el 58.9% de los pools (73/124), e identificándose cuatro especies: *R. massiliae* (68/73, 93,2%) en garrapatas provenientes de todas las especies de pequeños mamíferos; *R. raoultii* (2/73, 2,7%) en garrapatas de *A. sylvaticus*; y *R. slovacica* (2/73, 2,7%) y *R. typhi* (1/73, 1,4%) en garrapatas de *M. arvalis*. Todos los hospedadores fueron negativos a *Rickettsia* y al resto de patógenos excepto un ejemplar de *M. arvalis* que fue positivo para *F. tularensis*. Es destacable la alta prevalencia de *Rickettsia* en las garrapatas recolectadas y la ausencia en los hospedadores que éstas infestan, desconociendo su papel como vectores reales en la transmisión zoonótica de esta bacteria. Hay que resaltar también la presencia de *R. typhi* en la zona de estudio por ser agente causal del Tifus murino, enfermedad clínicamente relevante generalmente transmitida por pulgas.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#53 DESARROLLO DE UN MODELO IN VITRO PARA EL ESTUDIO DE BIOFILMS EN TIEMPO REAL: POTENCIALES APLICACIONES Y VALIDACIÓN CLÍNICA

María Desamparados Ferrer García, Migle Žiemytė, Alex Mira Obrador.¹

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valencia (FISABIO), Valencia, España)

Resumen de la comunicación

El objetivo del presente trabajo ha sido poner a punto un sistema basado en medidas de impedancia eléctrica para el estudio in vitro de la formación de biofilms en tiempo real. Se han evaluado y testado diferentes variables de crecimiento hasta elaborar protocolos estandarizados y específicos para el estudio de biofilms de bacterias gram-positivas (tomando como modelo especies del género *Staphylococcus*)¹, gram-negativas (*Pseudomonas aeruginosa*)², biofilms fúngicos (*Candida* spp.) y biofilms multispecie como los biofilms orales³. Este sistema permite la monitorización en tiempo real de la formación del biofilm de una manera rápida, económica, reproducible y sin etapas de manipulación. Además, hemos evaluado su uso como herramienta en diversas aplicaciones como son: 1) evaluación de susceptibilidad antibiótica y antifúngica de los biofilms de cepas aisladas de pacientes con infecciones causadas por bacterias gram-positivas, gram-negativas y hongos^{1,2}; 2) identificación de nuevos compuestos efectivos contra biofilms persistentes²; 3) búsqueda de nuevos compuestos antimicrobianos con actividad anti-biofilm¹; y 4) evaluación de novedosas nanopartículas autopropulsadas para la erradicación de biofilms. Finalmente, se ha validado su aplicación clínica directa en la selección de terapia antibiótica para el tratamiento personalizado de pacientes con enfermedad periodontal, mediante un ensayo clínico aleatorizado doble ciego. En conclusión, nuestros datos muestran que este sistema de impedancia supone una excelente herramienta, rápida y reproducible, para el estudio de biofilms, tanto desde el punto de vista de la investigación básica, como en la búsqueda de nuevos compuestos o nanomateriales antimicrobianos con propiedades anti-biofilm, así como en entornos clínicos donde sea necesaria la evaluación individualizada de la susceptibilidad a los antibióticos de infecciones causadas por biofilms.

Hipervínculo

https://bancodepatentes.gva.es/ca/fisabio/-/asset_publisher/xoxK0ZQPxN2u/content/modelo-in-vitro-para-para-el-e

Referencias

- 1.- Žiemytė M, Rodríguez-Díaz JC, Ventero MP, Mira A, Ferrer MD. Effect of Dalbavancin on Staphylococcal Biofilms When Administered Alone or in Combination With Biofilm-Detaching Compounds. *Front Microbiol* 2020; 11: 1–11.
- 2.- Žiemytė M, Carda-Diéguez M, Rodríguez-Díaz JC, Ventero MP, Mira A, Ferrer MD. Real-time monitoring of *Pseudomonas aeruginosa* biofilm growth dynamics and persister cells' eradication. *Emerg Microbes Infect* 2021; 10: 2062–2075.
- 3.- Mira A, Buetas E, Rosier B, Mazurel D, Villanueva-Castellote Á, Llena C, Ferrer MD. Development of an in vitro system to study oral biofilms in real time through impedance technology: validation and potential applications. *J Oral Microbiol*. 2019 May 6;11(1):1609838.



#122 IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS DEPREDADORAS EN MUESTRAS CLÍNICAS

Mario Romero Rivera¹, Maria Beltran², Raquel Barbero¹, Luna Ballester¹, Cristina Herencias¹, Rosa Del Campo³, José Avendaño⁴.

¹(Hospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid, España)

²(Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España)

³(IRYCIS, Madrid, España)

⁴(CIBERINFEC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Introducción y objetivo: Las bacterias depredadoras son frecuentes en nichos ambientales, existiendo poca evidencia de su representación en la microbiota comensal humana. Se ha reportado ADN de *Bdellovibrio bacteriovorus* en intestino¹ y pulmón², pero sin evidencia de su viabilidad. El objetivo de este trabajo fue aislar bacterias depredadoras en heces y caracterizar su actividad frente a presas de interés clínico. **Métodos:** Se recogieron 50 muestras de heces formes y negativas para parásitos y enteropatógenos, mezclándose en 5 alícuotas de 10 muestras cada una. Como presa se utilizaron cepas clínicas de *Pseudomonas aeruginosa* (n=8), *Klebsiella pneumoniae* (n=2) y *Escherichia coli* (n=2), y como control de depredación se utilizó *Pseudomonas putida* KT2440 y *B. bacteriovorus* HD100 ATCC 15356. La depredación se testó con el método de doble capa en agar y con la monitorización de la densidad óptica en caldo. Se utilizaron cebadores específicos de familia *Bdellovibrionaceae* para PCR, y finalmente se determinó la composición y abundancia de las 5 alícuotas de heces mediante secuenciación masiva (NGS, MiSeq-Illumina) con cebadores V3-V4 16S rADN. **Resultados:** La PCR fue positiva en 2 de las alícuotas, y se comprobó la viabilidad de las depredadoras frente a las cepas clínicas. Curiosamente, no se identificó *B. bacteriovorus* mediante NGS, por lo que decidimos determinar el límite de detección metodológico mediante inoculación controlada de unas heces con diluciones seriadas (10⁻² a 10⁻⁶) de la cepa ATCC de *B. bacteriovorus*. La NGS identificó el ADN de *B. bacteriovorus* en todas las diluciones realizadas. **Conclusión:** Las bacterias depredadoras están viables en las heces humanas y son capaces de depredar patógenos clínicos con independencia de su perfil de resistencia a antibióticos. La identificación mediante NGS parece estar comprometida por su baja abundancia, por lo que para su detección resulta más rentable la amplificación por PCR convencional con cebadores específicos.

Financiación

ISCIII-FIS PI20/00164

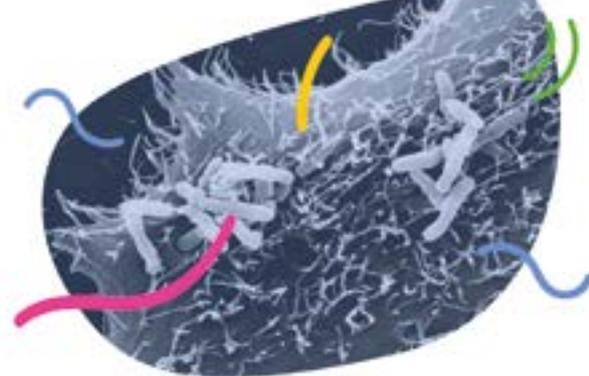
Referencias

1 *Iebba y col. (2013) PLoS ONE 8, e61608.*

2 *Caballero y col. (2017) mBio 8, e00959-17.*

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#151 MODELLING POLYCLONAL INFECTION DYNAMICS WITHIN THE HUMAN AIRWAYS BY HAEMOPHILUS INFLUENZAE DIFFERENTIAL FLUORESCENT LABELLING

Beatriz Rapún- Araiz^{1,2}, Ioritz Sorzabal- Bellido³, Javier Asensio- López^{1,2,4}, María Lázaro- Díez^{1,2}, Mikel Ariz³, Carlos Sobejano- De La Merced³, Saioa Burgui⁴, Alejandro Toledo- Arana¹, Carlos Ortiz- De-Solórzano^{3,5,6}, Juncal Garmendia^{1,2,7}.

¹(Instituto de Agrobiotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IdAB-CSIC)-Gobierno de Navarra, Mutilva, España)

²(Conexión Nanomedicina CSIC (NanomedSIC), Madrid, España)

³(Laboratorio de Sistemas Microfisiológicos y Biología Cuantitativa, Programa de Ingeniería Biomédica, Centro de Investigación Médica Aplicada (CIMA), Pamplona, España)

⁴(Asociación de la Industria Navarra (AIN), Cordovilla, España)

⁵(Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Oncológicas (CIBERONC), Madrid, España)

⁶(Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra (IdiSNA), Pamplona, España)

⁷(Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Nontypeable *Haemophilus influenzae* (NTHi) is a human-adapted bacterial pathogen causing airway infections. NTHi is an intracellular facultative pathogen, capable of both forming biofilms and invading airway epithelial cells, a combination of traits likely contributing to persistence. Standardised clinical procedures for antibiotic administration rely on pathogen identification and antibiotic susceptibility testing, often performed on single-colony bacterial isolates. For respiratory pathogens, this could be questionable as chronic patients may be persistently colonised by multiple clones. Moreover, differences in the susceptibility of the different strains present within the same isolate have been reported for a variety of antibiotics. In vitro polyclonal infections can be assessed at the single cell level using bacterial strains engineered for differential labelling. However, appropriate genetic tools amenable for *H. influenzae* are currently limited. Here, we designed a novel plasmid toolkit named pTBH (toolbox for *Haemophilus*) for engineering *H. influenzae*, with functional components (cargo module, two selectable markers, and a replication origin) assembled in modular combinations to create standardised and versatile plasmids. Using this structure, six reporter genes for fluorescent or bioluminescent labelling, expressed from a constitutive promoter, were independently assembled. This plasmid set was introduced into two phenotypically divergent *H. influenzae* strains, and the engineered strains were used to analyse mixed biofilm growth architecture, antibiotic efficacy, and to visualise the dynamics of alveolar epithelial co-infection. The mixed biofilms showed a bilayer architecture and selective antibiotic efficacy associated to the respective susceptibility profiles of their members. Furthermore, differential kinetics of bacterial intracellular location within subcellular acidic compartments was quantified upon co-infection of cultured airway epithelial cells by quantitative image analysis. Thus, we present detailed experimental and quantitative image analysis methods. Our results show the ample possibilities of 3D microscopy, combined with quantitative image analysis, to model *H. influenzae* polyclonal infection lifestyles and unravel bacterial co-living and co-infection dynamics.



Financiación

Funding. J.A.-L. is funded by a PhD studentship from Regional Navarra Govern, Spain, reference 0011-1408-2020-000007. This work has been funded by grants from MICIU RTI2018-096369-B-I00 and PID2021-125947OB-I00; PC150-151-152 and PC136-137-138 from Gobierno de Navarra. CIBER is an initiative from Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), Madrid, Spain.

#166 THE ARTIFICIAL SWEETENER ACESULFAME-K INHIBITS GROWTH OF MULTIDRUG RESISTANT ACINETOBACTER BAUMANNII AND POTENTIATES CARBAPENEM ACTIVITY

Rubén De Dios , Chris R. Proctor , Evgenia Maslova , Sindija Dzalbe , Christian J. Rudolph , Ronan R. Mccarthy.¹

¹(Brunel University London, Uxbridge, Reino Unido)

Resumen de la comunicación

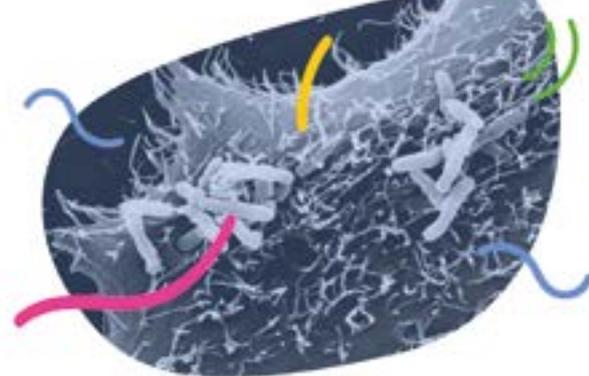
Antimicrobial resistance (AMR) is one of the most pressing concerns of our time. AMR-related deaths and its burden to global healthcare systems are increasing at an alarming rate, resulting in the antibiotic resistance crisis. To tackle this, novel antimicrobial therapies need to be urgently developed. One possibility would be to identify antimicrobial activities in compounds whose safety for humans is well established, such as food additives. In this work, we screened a panel of artificial sweeteners (AS) searching for antimicrobial activity against multidrug resistant *Acinetobacter baumannii* AB5075. We selected acesulfame-K (ace-K) for further investigation, as it produced a strong impact on bacterial growth, which could be reproduced in a number of clinical isolates of different species. Next, we interrogated the antimicrobial and anti-virulence properties of ace-K on AB5075 using dRNA-seq. The most significant changes in gene expression in the presence of ace-K encompassed the downregulation of genes responsible for biofilm formation, twitching motility and natural transformation (*csu*, *pil* and *com*, respectively). Subsequent phenotypic validation experiments confirmed that ace-K can disable these behaviours. Furthermore, sub-lethal concentrations of ace-K could potentiate the activity of different antibiotics, including carbapenems, drastically reducing their MIC for AB5075. Interestingly, genes encoding membrane-associated proteins were enriched in the dRNA-seq dataset, indicating ace-K alters the cell envelope. To explore this impact as a potential mechanism of action, we performed live cell imaging experiments. The results confirmed this for *A. baumannii* and *Escherichia coli*, showing that ace-K causes bulge-mediated cell lysis. Finally, we challenged the therapeutic potential of ace-K in an ex vivo burn wound model using pig skin. As a result, an ace-K wash could decrease bacterial numbers in the AB5075 infected wounds more efficiently than a conventional chlorhexidine-based wash. Our findings provide evidence supporting ace-K as a promising antimicrobial candidate or adjuvant against multidrug resistant pathogens.

Hipervínculo

<https://doi.org/10.15252/emmm.202216397>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#189 ANÁLISIS TAXONÓMICO Y METATRANSCRIPTÓMICO DE LA MICROBIOTA DEL TEJIDO TUMORAL EN CÁNCER DE COLON

Elena Buetas¹, Kelly Conde-Pérez², José F. Noguera², Germán Bou², Ángel Concha², Juan A. Vallejo², Margarita Poza², Miguel Carda-Díeguez¹, Alex Mira¹.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (Fisabio), Valencia, España)

²(Hospital Universitario A Coruña (CHUAC), A Coruña, España)

Resumen de la comunicación

El cáncer colorrectal (CCR) es el tercer tipo de cáncer más frecuente a nivel mundial y en España provocó 11.021 muertes en 2021 según la Sociedad Española de Oncología Médica. Aunque tanto factores ambientales como genéticos pueden influir en el desarrollo del adenocarcinoma, el papel que juega la microbiota en la carcinogénesis está ganando protagonismo. En los últimos años varios miembros de la microbiota intestinal (*Escherichia coli* enterotoxigénica y *Bacteroides fragilis*), así como patógenos periodontales orales como *Fusobacterium nucleatum* o *Parvimonas micra*, se han asociado con el CCR. Sin embargo, todavía no se conoce completamente cómo la actividad microbiana influye en la progresión del tumor. En este trabajo, los perfiles taxonómicos y funcionales microbianos asociados con el tumor y la mucosa normal se analizaron mediante la secuenciación del gen ribosomal 16S y del ARN total, respectivamente. Observamos que los patógenos periodontales no solo eran más abundantes sino también más activos en el tejido tumoral. Curiosamente, la actividad de *Fusobacterium nucleatum* se correlacionó positivamente con la actividad de otras bacterias orales como *Parvimonas micra* y *Peptostreptococcus stomatis* y también con bacterias intestinales como *Hungatella hathewayi*. Usando análisis de expresión diferencial, se identificaron 1592 genes significativamente diferentes. Entre estos, observamos una mayor expresión de genes relacionados con la resistencia a los antibióticos y el estrés, así como enterotoxinas en el tejido tumoral. Por otra parte, las bacterias asociadas al tumor sobreexpresaron enzimas metabólicas como las glutaminasas que hidrolizan glutamina, un nutriente común en las células cancerosas. Además, la hidrólisis de la glutamina genera glutamato, una importante fuente de energía para las especies de *Fusobacterium*. En conclusión, los análisis metatranscriptómicos de muestras de tejido tumoral sugieren que los patógenos periodontales son más activos que en la mucosa normal y presentamos, por primera vez, una lista de genes potencialmente relevantes para la progresión tumoral.

Financiación

Este trabajo ha recibido financiación del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII; Spain) por el proyecto PI20/00413 y del proyecto RTI2018-102032-B-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación de España así como del CIBER INFEC ISCIII (CB21/13/00055). Además el biobanco de A Coruña tiene soporte de los ISCIII – Fondos FEDER (EU) PT20/00128. K. Conde-Pérez es beneficiaria de una beca predoctoral de la Asociación Española contra el cáncer (AECC). E. Buetas es beneficiaria de una beca predoctoral FPI del Ministerio de Ciencia e Innovación de España PRE2019-088126.



#219 IDENTIFICACIÓN DE GENES CLAVE PARA LA COLONIZACIÓN INTESTINAL POR ENTEROCOCOS MULTIRRESISTENTES.

Gloria Carruana¹, Alejandra Flor-Duro¹, Belen Iglesias¹, Anna Quirant¹, Javier Pons¹, Vincent De Maat², Willem Van Schaik², Carles Ubeda^{1,3}.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana - FISABIO, Valencia, España)

²(Department of Medical Microbiology, University Medical Center Utrecht, Utrecht, Países Bajos)

³(CIBER en Epidemiología y Salud Pública, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

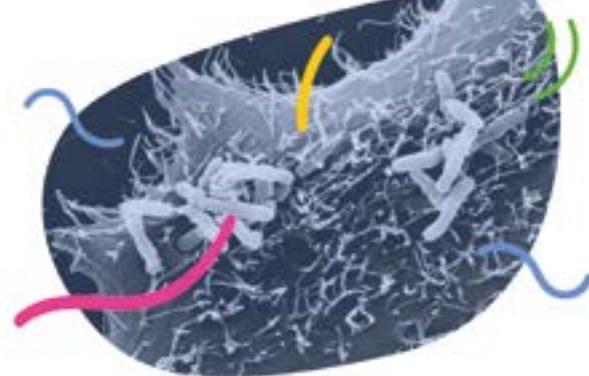
Las bacterias multirresistentes, como el Enterococo Resistente a la Vancomicina (ERV), son un problema cada vez mayor en los pacientes hospitalizados. Las infecciones causadas por ERV suelen comenzar por la colonización del tracto intestinal. Sin embargo, se conoce muy poco acerca de los genes codificados por ERV que son necesarios para la colonización del intestino. Este conocimiento es absolutamente necesario para desarrollar nuevas terapias que prevengan la colonización y posteriores infecciones producidas por ERV en pacientes. En este estudio hemos utilizado una novedosa metodología basada en la generación de una librería de mutantes por transposición, unido a la secuenciación de alto rendimiento, con el fin de identificar genes codificados por ERV que son necesarios para la colonización del tracto intestinal. Además, hemos realizado análisis metatranscriptómicos en ratones con el fin de verificar la expresión in vivo por ERV de genes necesarios para la colonización intestinal. Nuestro análisis ha identificado 79 genes cuya mutación reduce significativamente (>2 veces) la capacidad de colonización intestinal de ERV en ratones. Dentro de los genes que más afectaron a la colonización intestinal, identificamos múltiples genes relacionados con la utilización de azúcares simples en el intestino, así como la utilización de fosfato. El papel de algunos de estos genes en la colonización intestinal fue confirmado mediante mutagénesis dirigida utilizando un modelo de ratón. Por tanto, nuestros resultados han identificado diversas proteínas codificadas por ERV que son clave para colonizar el intestino y cuya inhibición podría conducir a nuevos enfoques terapéuticos para prevenir infecciones producidas por un patógeno que es resistente a la mayoría de los antibióticos disponibles.

Financiación

PID2020-120292RB-I00.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#280 LA MICROBIOTA INTESTINAL FACILITA LA GENERACIÓN DE NUEVAS CEPAS MULTIRRESISTENTES MEDIANTE LA TRANSFERENCIA DE PLÁSMIDOS CONJUGATIVOS

Candela Fuster González¹, Beatriz Herrera ¹, María José Garzón ¹, Asmus Kalckar Olesen ², Clara Megías ¹, Blanca Martín ¹, Soren Johannes Sorensen ², Carles Ubeda ^{1,3}.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana - FISABIO, Valencia, España)

²(Departamento de Biología, Universidad de Copenhague, Copenhague, Dinamarca)

³(Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER) Epidemiología y Salud Pública, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La diseminación de genes de resistencia mediante plásmidos conjugativos es un mecanismo fundamental de generación de cepas multirresistentes. Esta diseminación se podría producir de manera eficiente en el intestino debido a la elevada densidad y diversidad bacteriana existente (la microbiota intestinal). A pesar de su importancia, se desconocen los factores que promueven la diseminación de plásmidos conjugativos en la microbiota intestinal, así como las bacterias que participan en adquirirlos, conservarlos y transferirlos. En este estudio hemos implementado una nueva metodología que nos permite estudiar la diseminación de plásmidos conjugativos desde una cepa donadora (*Escherichia coli*) a bacterias de la microbiota. Concretamente, hemos introducido en un plásmido conjugativo un gen que codifica para la proteína verde fluorescente y un gen que confiere resistencia a cloranfenicol. La expresión de ambos genes es controlada por un mismo promotor. De esta manera, no se expresan en la cepa donadora, ya que contiene un represor del promotor, pero sí en las cepas receptoras. Mediante citometría de flujo, crecimiento en medios selectivos y secuenciación del gen 16S demostramos *ex vivo* la transferencia y persistencia del plásmido conjugativo en múltiples bacterias comensales; principalmente pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae y en menor medida a la clase Bacteroidia. Más aun, mediante un modelo de ratón en el cual simulamos la colonización por enterobacterias multirresistentes tras el tratamiento antibiótico y la restauración de la microbiota mediante el trasplante fecal, demostramos que esta terapia es efectiva en la eliminación de enterobacterias multirresistentes pero promueve la generación de nuevas bacterias multirresistentes mediante la diseminación de plásmidos a las bacterias trasplantadas. Nuestros resultados demuestran la transferencia de genes de resistencia a través de plásmidos conjugativos entre bacterias de la microbiota intestinal e indican un potencial efecto negativo de terapias basadas en la restauración de la microbiota: la generación de nuevas cepas multirresistentes.

Financiación

PID2020-120292RB-I00



#289 ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF THE NOVEL CATIONIC PEPTIDE (RW)3F

Eric Fernández-De La Cruz¹, Jessica T. Mhlongo², Maria Alós-Palacios¹, Beatriz G. De La Torre², Isabel Pérez-Guillén¹, Josep M. Sierra¹, Guadalupe Jimenez¹, Miguel Viñas¹, Paula Espinal¹, Ester Fusté^{1,3}.

¹(Department of Pathology & Experimental therapeutics, Faculty of Medicine & Health Sciences, University of Barcelona, Barcelona, España)

²(College of Health Science, University of KwaZulu-Natal, Westville, Durban, Africa do Sur)

³(Dept. Public Health, Mental Health and Maternal and Child Health Nursing. University of Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

The rise of multidrug-resistant bacteria has made imperative the search for new antimicrobial molecules(1). Antimicrobial peptides (AMPs) are promising candidates to overcome antimicrobial resistance (2). The aim of this study was to analyse the antimicrobial effect of a synthetic AMP ((RW)3 F) against different bacterial strains of clinical interest and explore its mechanism of action. Methodology: Escherichia coli ATCC 25922, Pseudomonas aeruginosa ATCC 27583 and Staphylococcus aureus ATCC 29213 were used to evaluate the antimicrobial activity by the minimum inhibitory concentration (MIC), growth kinetics (GK) and time-kill (TK) assays. To elucidate the mechanisms of action, the pore-forming capability was explored through experiments in planar lipid bilayers; the inhibitory capacity of efflux pumps was also investigated by determining Acridine Orange (AO) accumulation; finally, physical alterations of treated and non-treated bacteria were visualized by Atomic Force Microscopy (AFM). Cytotoxicity against N-929 fibroblasts and Hep G2 cells was also determined using the resazurin assay (3). Results: (RW)3F showed antimicrobial activity on E. coli and P. aeruginosa at a concentration of 32 µg/mL, not on S. aureus. This concentration, showed bactericidal effect against E. coli and P. aeruginosa on the TK assays. GK displayed that (RW)3F has bacteriostatic effect against E. coli during 20 hours at a concentration of 16 µg/mL. The (RW)3F was not able to form stable transmembrane pores in artificial lipid bilayers. AFM images revealed an increased in bacterial nanoroughness in treated-E. coli. The AO assay showed no inhibition of the efflux pumps in E. coli and no toxicity appear in N-929 and HepG2 cell lines. Conclusions: The (RW)3F displayed a significant antimicrobial activity against Gram-negative bacteria E. coli and P. aeruginosa, but not in Gram-positive bacteria S. aureus. Preliminary results showed that permeability alterations in membrane and efflux pumps inhibition are not the main mechanisms of action of (RW)3F.

Financiación

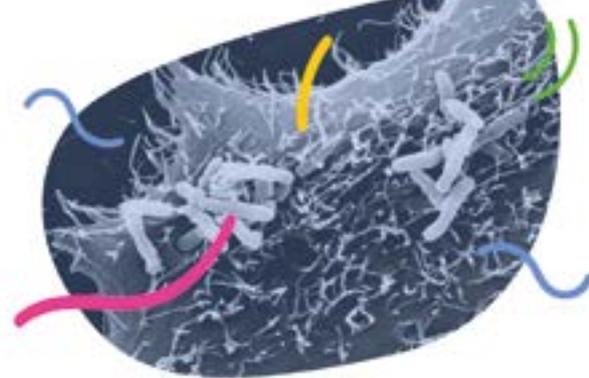
Financed by BARNAPA from Marató TV3 Foundation (to M.V.).

Referencias

1. Sierra, J. M., Fusté, E., Rabanal, F., Vinuesa, T., & Viñas, M. (2017). An overview of antimicrobial peptides and the latest advances in their development. *Expert Opinion on Biological Therapy*, 17(6), 663–676. <https://doi.org/10.1080/14712598.2017.1315402>
2. Rudilla, H., Fusté, E., Cajal, Y., Rabanal, F., Vinuesa, T., & Viñas, M. (2016). Synergistic antipseudomonal effects of synthetic peptide AMP38 and carbapenems. *Molecules*, 21(9), 1223. <https://doi.org/10.3390/molecules21091223>
3. Armengol, E., Domènech, O., Fusté, E., Pérez-Guillén, I., Borrell, J. H., Sierra, J. M., & Viñas, M. (2019). Efficacy of combinations of colistin with other antimicrobials involves membrane fluidity and efflux machinery. *Infection and Drug Resistance*, Volume 12, 2031–2038. <https://doi.org/10.2147/idr.s207844>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#331 BÚSQUEDA DE NUEVOS ANTIBIÓTICOS MEDIANTE REPOSICIONAMIENTO DE FÁRMACOS Y MACHINE LEARNING. ENSAYO DE LA CONCENTRACIÓN MÍNIMA INHIBITORIA EN ESCHERICHIA COLI

Antonio Tarín- Pelló , Beatriz Suay-García , Maria Teresa Pérez-Gracia¹.

¹(Universidad CEU Cardenal Herrera, Alfara Del Patriarca, España)

Resumen de la comunicación

Las infecciones bacterianas se han convertido en uno de los mayores desafíos para la Biomedicina. Escherichia coli, fue en 2021 la especie bacteriana más frecuente en aislados clínicos en Europa, presentando altos niveles de resistencia en varias de las infecciones producidas. Actualmente, la velocidad a la que los microorganismos adquieren mecanismos de resistencias al arsenal terapéutico actual es mayor al desarrollo de nuevos antibióticos. El reposicionamiento de fármacos, junto con los modelos computacionales, son estrategias capaces de solucionar esta carrera a contrarreloj. El objetivo de este trabajo fue identificar fármacos aprobados por la Food and Drugs Administration (FDA) mediante un modelo computacional para abordar de una manera rápida la búsqueda de nuevos antibióticos. El modelo in silico diseñado con Análisis Topológico de Datos (ATD) y homología persistente ha sido capaz de identificar moléculas sin actividad antibacteriana descrita aprobadas por la FDA con dianas farmacológicas con alta similitud a proteínas de E. coli. Para demostrar el potencial reposicionamiento de las moléculas resultantes del modelo, se realizaron ensayos in vitro frente a una cepa de E. coli (CECT 4972) mediante el método de microdilución. Se ensayaron concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) que oscilaron entre 2048mg/L y 16mg/L. Entre las moléculas ensayadas se encontraron antitusivos como dextrometorfano y antihistamínicos como clorfenamina, ambos con una CMI de 512-1024mg/L, hipolipemiantes como ezetimiba (256-512mg/L), relajantes musculares como ciclobenzaprina (128-256mg/L), inhibidores selectivos de la recaptación de la serotonina y norepinefrina como milnaciprán (512-1024mg/L) y antidepresivos como trazodona (512-1024mg/L) atomoxetina (128-256mg/L), amoxapina (64-128mg/L) y vortioxetina (16-32mg/L). Los resultados confirman que los modelos basados en machine learning son capaces de contribuir al reposicionamiento de moléculas no antimicrobianas como nuevos antibióticos. Además, la variedad de moléculas presentes en el modelo también permite la identificación de nuevas cabezas de serie para la búsqueda de nuevos antibióticos.

Financiación

Esta investigación fue financiada por las becas INDI18/34, INDI19/39, INDI20/38, INDI21/44, INDI22/15 e INDI22/42 de la Universidad CEU Cardenal Herrera. Antonio Tarín-Pelló ha contado con el apoyo de CEINDO-SANTANDER (España).

Referencias

Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report 2022. 2022. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702> (accessed April 22, 2023).
Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2023-2021 data. Stockholm: European Centre for Disease Prevention and Control and World Health Organization; 2023.
Tarín-Pelló, A.; Suay-García, B.; Pérez-Gracia, MT. Antibiotic resistant bacteria: current situation and treatment options to accelerate the development of a new antimicrobial arsenal. Expert Rev of Anti Infect Ther. 2022, 1-14. DOI: 10.1080/14787210.2022.2078308



#351 ENFERMEDAD NEUMOCÓCICA INVASIVA E IMPACTO DE LA COVID19 EN ESPAÑA

Mirian Domenech Lucas^{1,2,3}, Julio Sempere García^{1,3}, Covadonga Pérez-García^{1,3}, Pilar Membrillo Soles¹, Samantha Hita¹, Erick Joan Vidal Torres¹, Sara De Miguel^{1,4}, Jose Yuste Lobo^{1,3}.

¹ (Laboratorio de Referencia de Neumococos, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

² (Departamento de genética, fisiología y microbiología, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

³ (CIBER de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

⁴ (Medicina Preventiva, Hospital Universitario 12 de Octubre, Madrid, España)

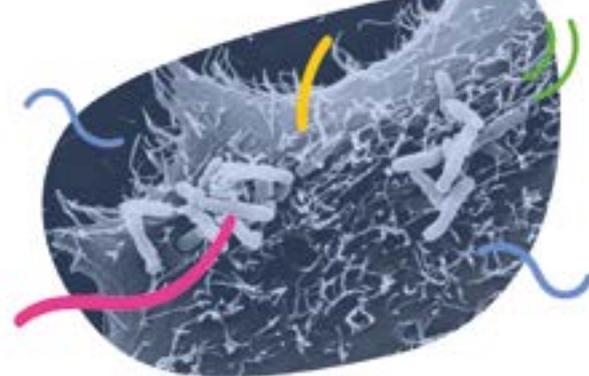
Resumen de la comunicación

Streptococcus pneumoniae es uno de los principales agentes etiológicos de las enfermedades infecciosas bacterianas y es responsable de la enfermedad neumocócica invasiva (ENI) que se asocia a elevadas tasas de mortalidad y morbilidad a pesar de ser prevenible por vacunación. Los objetivos de este trabajo fueron estudiar la carga y distribución de los serotipos de ENI desde 2009 hasta 2022 en España (periodo pre-pandémico, 2009-2019) y analizar el impacto del SARS-CoV-2 (2020-2022, periodo pandémico).

En población pediátrica, la aparición del SARS-CoV-2 causó una reducción muy marcada de casos por ENI en el primer año de pandemia (239 casos en 2019 vs 112 casos en 2020) pero en 2022 se produjo un aumento elevado de casos, alcanzando cifras superiores a la época pre-pandémica (259 casos en 2022). Analizando la carga por serotipos, en población pediátrica, el serotipo 24F, fue el más frecuente durante 2019-2021 observándose un repunte del serotipo 3 en 2022, llegando a duplicar los valores pre-pandémicos. En la población adulta ≥ 65 años se observó también una reducción importante de casos durante el primer año de pandemia (1239 casos de ENI en 2019 vs 478 casos de ENI en 2020), seguida de una reducción moderada de casos durante el segundo año de pandemia y un aumento importante de casos en 2022 (767 casos de ENI en 2022). Los serotipos 3 y 8 se mantuvieron como los más prevalentes independientemente del SARS-CoV-2, siendo responsables de más del 30% de los casos de ENI en adultos ≥ 65 años durante 2019-2022. Este estudio confirma que la COVID19 tuvo un impacto importante en la incidencia de casos de ENI en España en población pediátrica y adulta. Los serotipos más frecuentes en 2022 fueron el serotipo 24F en población pediátrica y los serotipos 3 y 8 en población adulta.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#383 EVALUATION OF THE EFFICACY OF ENGINEERED PATHOGENICITY ISLANDS CARRYING CRISPR IN A MURINE MODEL OF MASTITIS. &NBSP;

Nahia Garmendia¹, Pedro Dorado^{1,2}, Carmen Gil¹, Begoña García¹, Cristina Solano¹, Iñigo Lasa¹.

¹ (Navarrabiomed, Pamplona, España)

² (Institut Pasteur, Paris, France, Metropolitan)

Resumen de la comunicación

Staphylococcus aureus continues to cause life-threatening infections in both hospital and community settings. Bacteria of this species have become increasingly resistant to antibiotics, particularly β -lactams and aminoglycosides, and their infections often require the use of expensive or less effective antibiotics. With the aim of exploring a novel therapeutic approach, in this study, we chose modified *Staphylococcus aureus* pathogenicity islands (SaPIs) as Trojan horses to deliver different CRISPR-Cas9 systems designed to eliminate cells carrying the targeted genes. Unlike lytic phages, which destroy the host bacterium as they multiply, pathogenicity islands do not multiply during the infection process. This has two important implications: the treatment is self-limiting because there is no expansion of the number of SaPIs, and the number of SaPIs must be equal to or greater than the number of bacteria to be destroyed. We generated the recombinant SaPIs carrying a constitutive CRISPR-Cas9 system using homology recombination in yeast. The synthetic SaPI-elements (SaPICRISPR) were tested in vitro against several mastitis isolates. An in vivo model of murine mastitis was then performed to compare the efficacy of treatment with antibiotics (vancomycin) and SaPICRISPR. Results showed great antibacterial effectiveness of SaPICRISPR, demonstrating the potential of this unconventional therapy to combat *Staphylococcus*-mediated infections. Based on these results, we propose SaPICRISPR as a promising candidate for co-administration with antibiotics to combat persistent or antibiotic-resistant infections.

Financiación

This work was financially supported by the Spanish Ministry of Science and Innovation grant PID2020-113494RB-I00 to I.L.

Hipervínculo

<https://www.navarrabiomed.es/es/investigacion/unidades-de-investigacion/patogenesis-microbiana>

Referencias

- Dorado Morales, P. L. (2020). *Genetic tools derived from Staphylococcus aureus for biotechnological applications in Gram-positive bacteria*. Universidad Pública de Navarra.
- Ibarra-Chávez, R., Haag, A. F., Dorado-Morales, P., Lasa, I., & Penadés, J. R. (2020). *Rebooting Synthetic Phage-Inducible Chromosomal Islands: One Method to Forge Them All*. *BioDesign Research*, 2020, 1–14. <https://doi.org/10.34133/2020/5783064>
- Maiques, E., Úbeda, C., Tormo, M. Á., Ferrer, M. D., Lasa, Í., Novick, R. P., & Penadés, J. R. (2007). *Role of staphylococcal phage and SaPI integrase in intra- and interspecies SaPI transfer*. *Journal of Bacteriology*, 189(15), 5608–5616. <https://doi.org/10.1128/JB.00619-07>
- Ram, G., Ross, H. F., Novick, R. P., Rodríguez-Pagan, I., & Jiang, D. (2018). *Conversion of staphylococcal pathogenicity islands to crispr-carrying antibacterial agents that cure infections in mice*. *Nature Biotechnology*, 36(10), 971. <https://doi.org/10.1038/nbt.4203>



Ruzin, A., Lindsay, J., & Novick, R. P. (2001). Molecular genetics of SaPI1--a mobile pathogenicity island in *Staphylococcus aureus*. *Molecular Microbiology*, 41(2), 365–377. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2001.02488.x>

Tallent, S. M., Langston, T. B., Moran, R. G., & Christie, G. E. (2007). Transducing particles of *Staphylococcus aureus* pathogenicity island SaPI1 are comprised of helper phage-encoded proteins. *Journal of Bacteriology*, 189(20), 7520–7524. <https://doi.org/10.1128/JB.00738-07>

Úbeda, C., Maiques, E., Tormo, M. Á., Campoy, S., Lasa, Í., Barbé, J., Novick, R. P., & Penadés, J. R. (2007). SaPI operon I is required for SaPI packaging and is controlled by LexA. *Molecular Microbiology*, 65(1), 41–50. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2007.05758.x>

Ubeda, C., Olivarez, N. P., Barry, P., Wang, H., Kong, X., Matthews, A., Tallent, S. M., Christie, G. E., & Novick, R. P. (2009). Specificity of staphylococcal phage and SaPI DNA packaging as revealed by integrase and terminase mutations. *Mol Microbiol*, 72(1), 98–108. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2009.06634.x>

#420 GENOME MINING FOR PREDICTION OF PLANT LIFESTYLE-ASSOCIATED GENES USING MICROLIFE

Adrian Pintado^{1,2,3}, Guillermo Guerrero Egido^{1,4}, Kevin M Bretscher¹, Luisa María Arias Giraldo⁴, Joseph Paulson⁵, Herman Spaink¹, Dennis Claessen¹, Cayo Ramos^{2,3}, Francisco Cazorla^{2,3}, Marnix Medema^{6,1}, Jos Raaijmakers^{4,1}, Victor Carrión^{1,2,3,4}.

¹(Leiden University, Leiden, Países Bajos)

²(Universidad de Málaga, Málaga, España)

³(IHSM La Mayora, Málaga, España)

⁴(NIOO-KNAW, Wageningen, Países Bajos)

⁵(Genentech Inc, South San Francisco, Estados Unidos)

⁶(Wageningen University, Wageningen, Países Bajos)

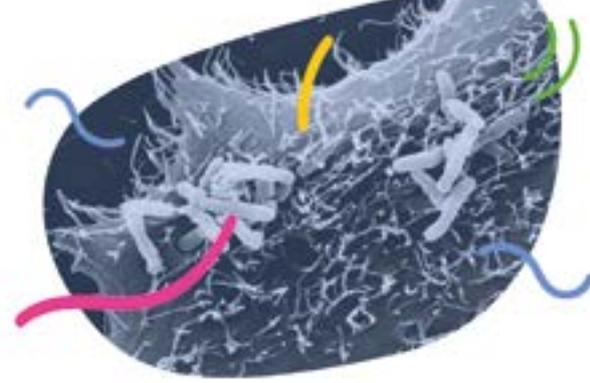
Resumen de la comunicación

Plants and animals are intimately associated with diverse bacteria. Bacteria have ostensibly evolved genes that enable them to adapt to diverse environments. However, the identities of the genes involved in this adaptation are mostly unknown and their functions are poorly characterized. Here, we developed an automated pipeline ‘microLife’ as an efficient and precise framework for annotating genomes,

large-scale comparative genomics and bacterial lifestyle prediction. We validated microLife using 16,846 genomes of Burkholderia/Paraburkholderia and Pseudomonas genera and adopted machine learning to assess lifestyle predictability. Our results identified 846 and 408 lifestyle-associated genes (LAGs) in Burkholderia/Paraburkholderia and Pseudomonas, respectively. Subsequent bioassays confirmed the accuracy of microLife in predicting 5 LAGs involved in virulence of the rice pathogen *B. plantarii* as well as a novel NRPS that contributes to plant pathogenicity of *P. syringae* pv. *phaseolicola*. Our findings highlight the potential of microLife as an effective tool for whole-genome phylogeny, identification of novel LAGs and in-depth genome-based understanding of the molecular interplay of bacteria-plant interactions.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#550 EVOLUCIÓN IN VIVO E INTRA-PACIENTE DE LA RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS MEDIADA POR EL PLÁSMIDO POXA-48

Javier DelaFuente¹, Laura Toribio-Celestino¹, Alfonso Santos-Lopez^{1,2,3}, Ricardo León-Sampedro^{2,3,4}, Aida Alonso-del Valle¹, Coloma Costas¹, Marta Hernández-García^{2,5}, Lun Cui⁶, Jerónimo Rodríguez-Beltrán^{2,5}, David Bikard⁶, Rafael Cantón^{2,5} and Alvaro San Millán^{1,3}.

¹(Centro Nacional de Biotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CNB-CSIC), Madrid, Spain)

²(Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Ramón y Cajal-Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Madrid, Spain)

³(Centro de Investigación Biológica en Red de Epidemiología y Salud Pública, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain)

⁴(Institute of Integrative Biology, Department of Environmental Systems Science, Eidgenössische Technische Hochschule, Zurich, Switzerland)

⁵(Centro de Investigación Biológica en Red de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain)

⁶(Institut Pasteur, Université de Paris Cité, Centre National de la Recherche Scientifique Unité Mixte de Recherche 6047, Synthetic Biology, Paris, France)



#551 MORFOGÉNESIS DE SALMONELLA Y SU RESPUESTA AL AMBIENTE INTRAFAGOSOMAL

David López-Escarpa, Sónia Castanheira, Francisco García-del Portillo.¹

¹(Departamento de Biotecnología Microbiana, Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, España. davidlescarpa@gmail.com)

Resumen de la comunicación

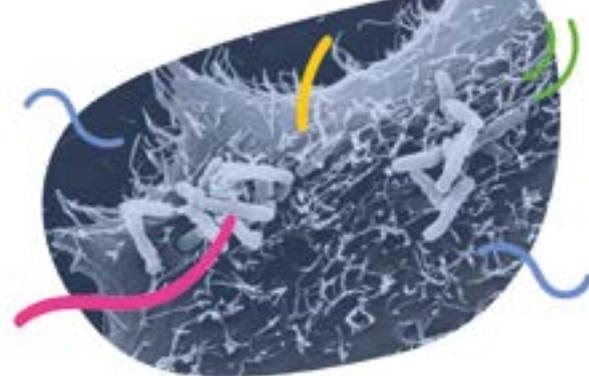
Salmonella enterica serovar Typhimurium es un patógeno intracelular que habita en fagosomas ácidos. En este compartimento, *S. Typhimurium* cambia su programa morfogénético al reemplazar PBP2 y PBP3, dos sintetas de peptidoglicano que controlan elongación y división de la bacteria, por PBP2SAL y PBP3SAL, dos proteínas homólogas ausentes en *Escherichia coli*. Aunque inicialmente se desconocía el fundamento de este recambio, en este estudio hemos demostrado que *S. Typhimurium* baja los niveles de PBP3 en respuesta a señales como la acidez, la alta osmolaridad y la escasez de nutrientes. Estas mismas señales activan funciones de virulencia necesarias para la supervivencia y proliferación intrafagosomal. El regulador transcripcional OmpR estimula la producción de PBP2SAL/PBP3SAL mientras que la proteasa Prc y OmpR reducen los niveles de PBP3. Nuestro trabajo también demuestra que el circuito de regulación que baja los niveles de PBP3 está conservado en *E. coli*, el cual, tras la exposición en el laboratorio a señales que asemejan el ambiente intracelular, experimenta drásticas alteraciones morfológicas. Estas observaciones indicaban que la adquisición de PBP2SAL y PBP3SAL significó un importante salto evolutivo en *Salmonella*, permitiéndole colonizar el compartimento fagosomal. Este trabajo ha correlacionado por vez primera un programa morfogénético bacteriano con la adaptación al ambiente ácido del fagosoma.

Referencias

López-Escarpa y col. (2022) *Molecular microbiology*, 118(5), 477–493.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



COMUNICACIONES ORALES

Hongos Filamentosos y Levaduras

#97 VESÍCULAS EXTRACELULARES DE BOTRYTIS CINEREA: PRIMERA CARACTERIZACIÓN DE SU PROTEOMA Y SU PAPEL EN EL PROCESO DE INFECCIÓN

Almudena Escobar Niño¹, Anne Harzen², Sara Christina Stolze², Hirofumi Nakagami², Francisco Javier Fernández Acero¹.

¹(Instituto de Investigación Vitivinícola y Agroalimentaria (IVAGRO), Universidad de Cádiz, Puerto Real, España)

²(Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Colonia, Alemania)

Resumen de la comunicación

Botrytis cinerea se considera el segundo hongo fitopatógeno por su importancia económica y científica, causando importantes pérdidas anuales de muchos cultivos importantes. En los últimos años, las Vesículas Extracelulares (VE) se han convertido en un tema importante en el estudio de los hongos fitopatógenos, debido a su relación con las interacciones hongo-hospedador. Las VE son partículas membranosas liberadas por diferentes organismos, que transportan varias moléculas implicadas en la comunicación celular. Una de sus áreas esenciales de investigación es la caracterización del proteoma de las VE, ya que los hongos fitopatógenos dependen en gran medida de las proteínas secretadas para invadir a sus huéspedes. Sin embargo, se sabe poco sobre las VE de *Botrytis cinerea*. En consecuencia, los objetivos planteados en este estudio han sido: (i) la primera caracterización de las vesículas extracelulares de *B. cinerea*; y (ii) la descripción de su papel en su proceso infectivo. Para ello, *B. cinerea* se cultivó en medio salino mínimo suplementado con un 1% de: (i) glucosa como estado constitutivo; y (ii) paredes celulares de tomate desproteinizadas (TCW) como inductor de virulencia.

Las VE se aislaron del sobrenadante mediante centrifugación diferencial, filtración, ultrafiltración y ultracentrifugación en sacarosa. A continuación, las VEs se visualizaron por TEM y su contenido proteico se analizó por LC/MS. La metodología empleada permitió un aislamiento de alta calidad de las VE y de su proteoma. Las VE mostraron diferencias en la morfología y el perfil proteico en ambas condiciones de ensayo. Los análisis GO y KEGG mostraron un enriquecimiento en el metabolismo de la pared celular y la proteólisis en las VE de TCW. Además, también se identificaron posibles factores de virulencia/patogenicidad expresados de forma diferencial en cada condición de cultivo. Estos resultados revelan que las VE desempeñan un papel esencial en la interacción planta-patógeno y el proceso infectivo.

Financiación

Trabajo financiado por el PLAN PROPIO 2022-2023 de la UCA.
PLAN PROPIO DE APOYO Y ESTÍMULO A LA INVESTIGACIÓN Y TRANSFERENCIA DE CONOCIMIENTO (2022-018 / PU / PP-PR-IMP-NOV / PR), (2022-015 / PU / PP-EST-BREVES-INVEST-UCA / MV).



#105 INTEGRATED POST-GENOMIC CELL WALL ANALYSIS REVEALS FLOATING BIOFILM FORMATION ASSOCIATED WITH HIGH EXPRESSION OF FLOCCULINS IN THE PATHOGEN PICHIA KUDRIAVZEVII

Emilia Gómez Molero*¹, María Alvarado González* (equal Contribution)¹, Jesús Alberto Gómez Navajas¹, María Teresa Blázquez Muñoz¹, Carmen Berbegal², Elena Eraso³, Gertjan Kramer⁴, Piet W.J. De Groot¹.

¹(Centro Regional de Investigaciones Biomédicas (CRIB), Universidad de Castilla-La Mancha, UCLM, Albacete, España)

²(ENOLAB, Estructura de Recerca Interdisciplinaria (ERI) BioTecMed and Departament de Microbiologia i Ecologia, Universitat de València, Valencia, España)

³(Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao, España)

⁴(Mass Spectrometry of Biomolecules, University of Amsterdam, Swammerdam Institute for Life Sciences Amsterdam, Amsterdam, Países Bajos)

Resumen de la comunicación

The pathogenic yeast *Pichia kudriavzevii*, previously known as *Candida krusei*, is more distantly related to *Candida albicans* than clinically relevant CTG-clade *Candida* species. Its cell wall, a dynamic organelle that is the first point of interaction between pathogen and host, is relatively understudied, and its wall proteome remains unidentified to date. Here, we present an integrated study of the cell wall in *P. kudriavzevii*. Our comparative genomic studies and experimental data indicate that the general structure of the cell wall in *P. kudriavzevii* is similar to *Saccharomyces cerevisiae* and *C. albicans* and is comprised of β -1,3-glucan, β -1,6-glucan, chitin, and mannoproteins. However, some pronounced differences with *C. albicans* walls were observed, for instance, higher mannan and protein levels and altered protein mannosylation patterns. Further, despite absence of proteins with high sequence similarity to *Candida* adhesins, protein structure modeling identified eleven proteins related to flocculins/adhesins in *S. cerevisiae* or *C. albicans*. To obtain a proteomic comparison of biofilm and planktonic cells, *P. kudriavzevii* cells were grown to exponential phase and in static 24-h cultures. Interestingly, the 24-h static cultures of *P. kudriavzevii* yielded formation of floating biofilm (flor) rather than adherence to polystyrene at the bottom. The proteomic analysis of both conditions identified a total of 33 cell wall proteins. In line with a possible role in flor formation, increased abundance of flocculins, in particular Flo110, was observed in the floating biofilm compared to exponential cells. This study is the first to provide a detailed description of the cell wall in *P. kudriavzevii* including its cell wall proteome, and paves the way for further investigations on the importance of flor formation and flocculins in the pathogenesis of *P. kudriavzevii*.

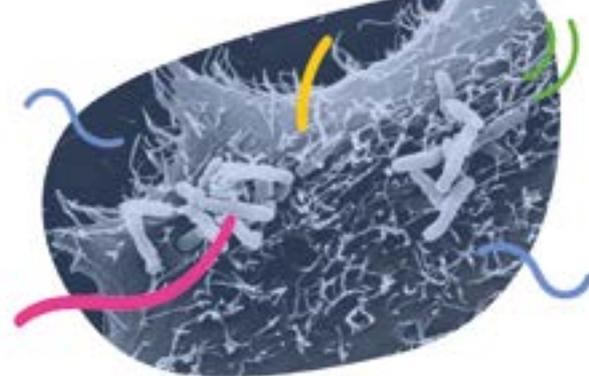
Financiación

Esta investigación ha sido financiado por:

- Emilia Gómez Molero: Universidad de Castilla-La Mancha: BDNS (Identif.): 619381 [2022/3385]
- María Alvarado González: Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha: SBPLY/19/180501/000356.
- Proyecto Plan Nacional: Ministerio de Ciencia e Innovación: PID2020-117983RB-I00.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#120 STUDIES AND FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF PUTATIVE IFF ADHESINS IN THE CELL WALL OF CANDIDA AURIS

Jesús Alberto Gómez Navajas¹, María Alvarado González¹, María Teresa Blázquez Muñoz¹, Emilia Gómez Molero¹, Katherine Miranda Cadena², Elena Eraso², Piet W. J. De Groot¹.

¹(Centro Regional de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Castilla-La Mancha, Albacete, España)

²(Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao, España)

Resumen de la comunicación

Candida auris is an emerging pathogenic yeast that has become a global health threat in recent years, as a result of its high rate of multidrug resistance and its transmission and persistence in clinical environments. Our research is focused on the cell wall of *C. auris* and the role it plays in primary host-pathogen interaction and biofilm formation. Through proteomic studies of cell wall preparations under various growth conditions, we identify cell wall proteins that may be relevant to yeast infection. Our data for *C. auris* reveal an enrichment of the Iff/Hyr family of putative adhesins with six Iff proteins found in the cell wall of *C. auris*, whereas these proteins are not abundant in *Candida albicans*. These results suggest that the Iff/Hyr family may play an important role in *C. auris* adhesion and biofilm formation. Therefore, we are investigating these proteins through the generation and functional characterization of deletion mutants, focused on adhesion and cell surface-related properties.

Furthermore, we also employed the AlphaFold2 server to generate three-dimensional structural models for the putative ligand-binding domains of the Iff/Hyr proteins. The predicted structures featured a high level of structural similarity to other fungal and bacterial adhesins, such as the Awp1 and Awp2 families in *Candida glabrata*. Furthermore, our preliminary phenotypic data showed that deletion of the gene RBR3 of the Iff/Hyr family resulted in a significant decrease in cell surface hydrophobicity and biofilm formation, supporting the hypothesis that this protein family is involved in adhesion and biofilm formation during fungal pathogenesis.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO), referencias SAF2017-86188-P y PID2020-117983RB-I00, y por la Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha (JCCM), referencias SBPLY/19/180501/000114 y SBPLY/19/180501/000356, y realizada bajo un contrato predoctoral de la Universidad de Castilla-La Mancha (UCLM), referencia UNIVERS-11373, junto con financiación del Fondo Social Europeo Plus (FSE+).



#147 LA ADHESINA ALS9 DE *CANDIDA ALBICANS* ES UN INMUNÓGENO EN EL INTESTINO DE RATÓN

Marina Álvaro Moya, Isabel Cortés Prieto, Daniel Prieto, Alejandro Sanz, Alba Blesa, Elvira Román, Jesús Pla, Rebeca Alonso Monge.¹

¹(Departamento de Microbiología y Parasitología, IRYCIS, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Candida albicans expresa en su superficie diversas adhesinas que le permiten la unión a distintos sustratos y que contribuyen a su patogenicidad. Entre las adhesinas más importantes se encuentra la familia ALS (Agglutinin-Like Sequences). Pertenecientes a esta familia, Als1 y Als3 se han descrito como proteínas inmunógenas capaces de desencadenar una respuesta adaptativa humoral basada en la producción de IgAs en modelos de comensalismo murino¹. Nuestro grupo ha demostrado que el mutante als9Δ colonizan mejor el intestino de ratón. Por ello, decidimos estudiar el papel de Als9 en la colonización gastrointestinal y en la inducción de una respuesta adaptativa específica. La sobreproducción de ALS9 en una cepa *flo8Δ* no filamentosa de *C. albicans*, permite su detección por IgAs procedentes de heces de ratones previamente colonizados por cepas silvestres. Esta misma cepa se establece como comensal a niveles similares a la cepa control (*flo8Δ*-RFP) en ratones C57BL/6. Estos resultados indican que Als9 actúa como inmunógeno en ratón, aunque no genera una respuesta suficientemente potente para eliminar a *C. albicans* del intestino. *ALS9* es el único gen dentro de la familia ALS que presenta variación alélica en su región codificante (*ALS9-1*, *ALS9-2*), presentando *ALS9-2* dos bloques variables (VB1, VB2) en el extremo 3' ausentes en el dominio 3' de *ALS9-1*. *ALS9-2* es más prevalente en cepas clínicas y se asocia con una mayor adhesión al endotelio celular². Hemos analizado la prevalencia de ambos alelos en una colección de aislamientos de *C. albicans*, observándose que el 60% de las muestras procedentes de hospital presentan ambos alelos, mientras que, en individuos sanos, el 57% fueron homocigoto para el alelo *ALS9-2*. En ensayos futuros se analizará el papel de ambos alelos de *ALS9* en la colonización en un modelo de comensalismo murino y en la inducción de una respuesta inmunitaria específica.

Financiación

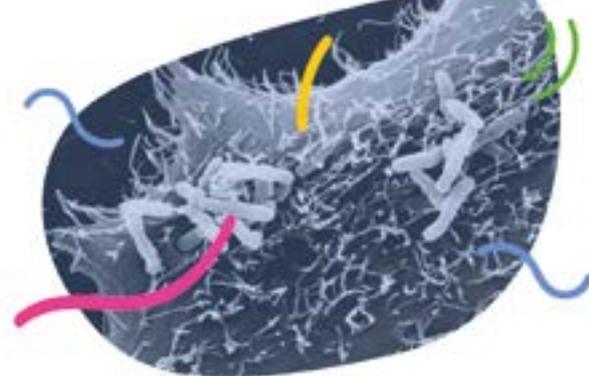
PID2021-122648NB-I00, Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Proyectos de Generación de conocimiento.

Referencias

1. Ost, K. S. et al. Adaptive immunity induces mutualism between commensal eukaryotes. *Nature* 596, 114–118 (2021).
2. Zhao, X., Oh, S.-H. & Hoyer, L. L. Unequal contribution of ALS9 alleles to adhesion between *Candida albicans* and human vascular endothelial cells. *Microbiology (Reading)* 153, 2342–2350 (2007).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#182 LOS LÍQUENES XEROFÍTICOS COMO FUENTE DE DIVERSIDAD FÚNGICA Y POTENCIALES AGENTES BIOPESTICIDAS

Victor González Menéndez¹, Rachel Serrano¹, Ignacio Fernandez¹, Clara Toro¹, Guillermo Benítez Cruz², Manuel Casares Porcel², Fernando Reyes¹, Olga Genilloud¹.

¹(Fundación MEDINA, Granada, España)

²(UGR, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El SE de la península Ibérica es uno de los territorios más áridos de Europa, donde los suelos yesíferos ocupan un 7,2% de la superficie total. Este entorno tan extremo constituye un refugio único para la flora liquénica gipsícola, que alberga una gran variedad de especies endémicas, raras y/o amenazadas¹. La falta de antecedentes sobre la diversidad de hongos liquenícolas en este entorno inhóspito nos impulsó a estudiar la comunidad fúngica cultivable de cuatro afloramientos yesíferos situados en Escúzar, El margen, (Granada), Sorbas y Tabernas (Almería). Se recolectaron 25 líquenes xerofíticos característicos de los afloramientos yesíferos a partir de los cuales se llevó a cabo el aislamiento de cepas fúngicas mediante dos métodos: dilución a extinción y la desinfección del talo liquénico, combinando cinco medios de cultivo y dos temperaturas de incubación. Se aislaron un total de 12.647 cepas. Los aislados se agrupan en 21 órdenes taxonómicos diferentes, siendo Pleosporales el más representado. Análisis filogenéticos basados en las secuencias ribosomales ITS y 28S confirman que la mayor diversidad taxonómica se obtuvo para los hongos aislados del talo liquénico incubados a 22°C, identificándose posibles nuevas especies fúngicas dentro de los órdenes Coniochaetales, Chaetothyriales, Lecanorales, Ostropales y Orbiliales. Para evaluar su potencial actividad como agentes biopesticidas, se seleccionaron 560 cepas fúngicas en base a su diversidad taxonómica y se cultivaron durante 14 o 21 días en varios medios de cultivo líquidos y sólidos. Un total de 1.620 extractos fueron testados frente a 7 fitopatógenos de interés agrícola. Además, se evaluó un subconjunto de 100 cepas fúngicas utilizando una plataforma in vitro HTS para identificar cepas con potenciales propiedades bioestimulantes. Los resultados obtenidos permiten afirmar que los líquenes desarrollados bajo estas condiciones extremas constituyen una importante fuente de especies fúngicas aun no descritas con potencial biotecnológico como posibles agentes bioestimulantes y/o biopesticidas.

Financiación

Proyecto de Excelencia de la Junta de Andalucía PY18-RE-0027 y Fundación MEDINA.

Referencias

Guerra, J, Ros, R.M., Cano, M.J., Casares, M. 1995. Gypsiferous outcrops in SE Spain, refuges of rare, vulnerable and endangered bryophytes and lichens. *Cryptogamie. Bryologie, lichenologie* 16:125-135.



#324 AFT1 NUCLEAR LOCALIZATION AND TRANSCRIPTIONAL RESPONSE TO IRON STARVATION RELY UPON TORC2/YPK1 SIGNALING AND SPHINGOLIPID BIOSYNTHESIS

Sandra Montellà Manuel, Nuria Pujol Carrión, Maria Angeles De La Torre Ruiz.¹

¹ (IRB Lleida, Lleida, España)

Resumen de la comunicación

Iron scarcity provokes a cellular response consisting of the strong expression of high-affinity systems to optimize iron uptake and mobilization. Aft1 is a primary transcription factor involved in iron homeostasis and controls the expression of high-affinity iron uptake genes in *Saccharomyces cerevisiae*. Aft1 responds to iron deprivation by translocating from the cytoplasm to the nucleus. We demonstrate that the AGC kinase Ypk1, as well as its upstream regulator TOR Complex 2 (TORC2), are required for proper Aft1 nuclear localization following iron deprivation. We exclude a role for TOR Complex 1 (TORC1) and its downstream effector Sch9, suggesting this response is specific for the TORC2 arm of the TOR pathway. Remarkably, we demonstrate that Aft1 nuclear localization and a robust transcriptional response to iron starvation also require biosynthesis of sphingolipids, including complex sphingolipids such as inositol phosphorylceramide (IPC) and upstream precursors, e.g., long-chain bases (LCBs) and ceramides. Furthermore, we observe the deficiency of Aft1 nuclear localization and impaired transcriptional response in the absence of iron when TORC2-Ypk1 is impaired is partially suppressed by exogenous addition of the LCB dihydrosphingosine (DHS). This latter result is consistent with prior studies linking sphingolipid biosynthesis to TORC2-Ypk1 signaling. Taken together, these results reveal a novel role for sphingolipids, controlled by TORC2-Ypk1, for proper localization and activity of Aft1 in response to iron scarcity.

Hipervínculo

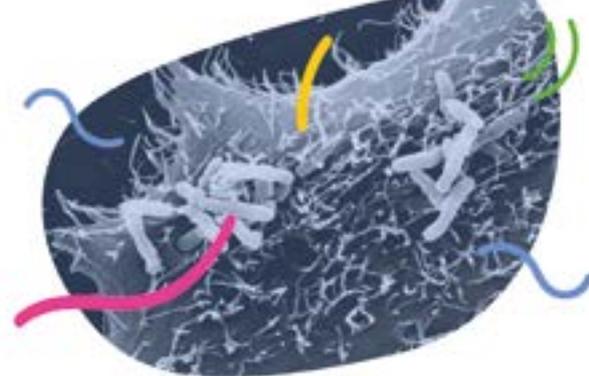
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36768760/>

Referencias

Montellà-Manuel S, Pujol-Carrion N, de la Torre-Ruiz MA. Aft1 Nuclear Localization and Transcriptional Response to Iron Starvation Rely upon TORC2/Ypk1 Signaling and Sphingolipid Biosynthesis. *Int J Mol Sci.* 2023 Jan 26;24(3):2438. doi: 10.3390/ijms24032438. PMID: 36768760; PMCID: PMC9916926.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#329 MYCOSPITALOMICS: CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA DE AMBIENTES HOSPITALARIOS PARA PREVENIR LAS INFECCIONES FÚNGICAS INVASIVAS

Laura Garcia-Gutierrez¹, Belén Baena Rojas¹, Maite Ruiz^{2,3}, Emilia Mellado^{4,5}, José Lucio⁴, Alba C. Ruiz-Gaitán⁶, Javier Pemán⁶, María S. Cuétara-García⁷, David Peris^{8,9}, Pedro M. Martin-Sanchez¹.

¹(Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla (IRNAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Sevilla, España)

²(UGC Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Parasitología, Hospital Universitario Virgen del Rocío, Sevilla, España)

³(Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBiS), Centro de investigación Biomédica en Red – Enfermedades Infecciosas (CIBER-INFEC), Sevilla, España)

⁴(Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

⁵(Centro de investigación Biomédica en Red – Enfermedades Infecciosas (CIBER-INFEC), Madrid, España)

⁶(Instituto de Investigación Sanitaria La Fe (IIS La Fe), Valencia, España)

⁷(Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Severo Ochoa, Leganés, Madrid, España)

⁸(Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Valencia, España)

⁹(Section for Genetics and Evolutionary Biology, Department of Biosciences, University of Oslo, Oslo, Noruega)

Resumen de la comunicación

Los ambientes hospitalarios requieren una atención especial para proteger a los pacientes inmunodeprimidos frente a las infecciones nosocomiales. Los hongos patógenos oportunistas pueden causar infecciones fúngicas invasivas (IFI), las cuales matan anualmente a aproximadamente un millón y medio de personas en todo el mundo. Además, la creciente resistencia a los compuestos antimicrobianos, incluyendo la resistencia a los anti-fúngicos más usados para combatir los principales agentes causales de IFI (especies de *Aspergillus* y *Candida*) y otros patógenos emergentes (*Mucorales*, *Fusarium*, *Scedosporium*, *Lomentospora* and hongos dematiáceos), señala la necesidad de abordar estudios ambientales que permitan descubrir el origen de este problema.

Teniendo en cuenta estos desafíos, el proyecto Mycospitalomics está estudiando la diversidad fúngica en tres hospitales españoles (Virgen del Rocío en Sevilla, La Fé en Valencia y Severo Ochoa en Leganés), con intensos muestreos ambientales (aire, superficies y sistemas de ventilación) y la aplicación de técnicas de cultivo y análisis del ADN ambiental; para abordar cuatro objetivos principales: (i) mejorar el conocimiento de las comunidades de hongos (microbioma) asociadas al ambiente hospitalario mediante el uso de técnicas modernas de ADN (“DNA metabarcoding” y qPCR), (ii) mejorar los métodos de detección/cuantificación fúngica para evaluar la exposición a los hongos presentes en hospitales, (iii) identificar los principales patógenos fúngicos oportunistas aislados de los hospitales de estudio y su resistencia a los compuestos anti-fúngicos, así como (iv) caracterizar las poblaciones de los principales patógenos identificados mediante genómica comparativa. En esta comunicación presentamos el progreso actual del proyecto, incluyendo los primeros resultados de los muestreos de enero a marzo de 2023, así como los desafíos futuros.

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2021-123184OA-I00)



#345 SURVIVING IN THE BRINE: A MULTI-OMICS APPROACH FOR UNDERSTANDING THE PHYSIOLOGY OF THE HALOPHILE FUNGUS ASPERGILLUS SYDOWII

Ramon Alberto Batista Garcia.¹

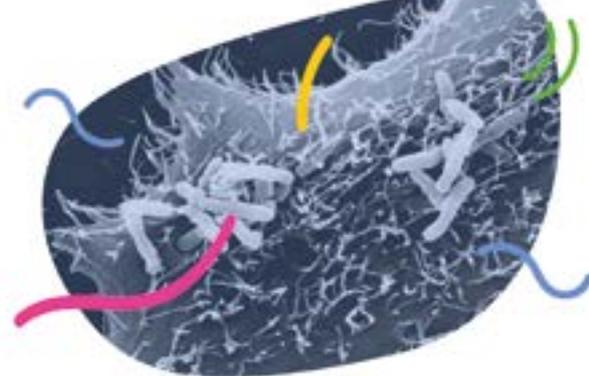
¹(Universidad Autonoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, México)

Resumen de la comunicación

Halophilic *Aspergillus sydowii* is a model organism for the study of molecular adaptations of filamentous fungi to hypersaline conditions. An omics approach (transcriptomics and metabolomics) was used to compare the growth of *A. sydowii* at optimal salinity (1 M NaCl) to saturated concentration (5.13 M NaCl). Analyzing the mRNA profile at saturated NaCl showed 1,842 genes significantly differentially expressed, of which 704 were overexpressed. As revealed by GO analysis, the enriched biological process reflected extensive physiological adaptation to high salt concentrations, mainly on metabolism and signal transduction. Processes identified previously in other halophilic fungi as crucial for adaptations to hypersaline conditions, were restructuring of the cell wall, synthesis of compatible solutes and phosphorylation of the signal transduction system. Major changes at the transcriptional level included the high-osmolarity glycerol (HOG) signal transduction pathway, ion transporters and cell wall ultrastructure, and morphology. Interestingly, genes encoding chitin synthesis were repressed, exposing the important role on cell growth and increased energy requirements at saturated NaCl of β -1,3 glucans, Ca²⁺ transporters and gene products related to polarized growth, morphogenesis and the cell cycle. This study is the first attempt to clarify the role of lncRNAs in response to stress caused by high NaCl concentrations. The metabolomic profiling described the adaptation of a halophilic fungus to saturated NaCl conditions by changing the consumption of media nutrients, including a metabolic switch towards non-lipid sources and differences in the production of secondary metabolites. We also applied high resolution NMR to characterize the fungal cell wall, redefining our understanding of the molecular architecture of this organelle at hypersaline conditions. Also, a phenotypic microarray provided a high throughput characterization of the *A. sydowii* physiology at saturated NaCl concentration. This analysis showed the effect on the fungal metabolism of the extremely water deprivation by NaCl, KCl and sorbitol.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#402 EL ACIDO RETINOICO INHIBE LA FORMACION DE LAS CELULAS TITANES DE CRYPTOCOCCUS NEOFORMANS REDUCIENDO LOS RADICALES LIBRES ENDOGENOS

Irene García Barbazán, Rocío García Rodas, Martin Sachse , Alba Torres Cano, Daniel Luque , Diego Megías , Oscar Zaragoza.¹

¹(Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Uno de los principales mecanismos que la levadura patógena *Cryptococcus neoformans* induce para evadir la respuesta inmunitaria en el huésped es la formación de células titanes, las cuales tienen un diámetro de hasta 50-70 micras. El fenómeno de titanización puede reproducirse in vitro, obteniendo células de un tamaño intermedio (20-30 micras). Para descubrir elementos que regulan la formación de estas células se identificaron compuestos que inhiben este proceso en la colección de Prestwick, la cual contiene 1520 fármacos no sometidos a patentes. Desarrollamos un ensayo automatizado de microscopía de fluorescencia usando lactofucsina, e identificamos 64 compuestos que reprimían la formación de células titanes. Seleccionamos 10 de estos compuestos y confirmamos su actividad inhibitoria con experimentos de dosis respuesta. Algunos de los compuestos identificados, como el ácido retinoico, eran antioxidantes, sugiriendo una posible función de los radicales libres en la formación de las células titanes. Usando la sonda fluorescente DHF comprobamos que durante la inducción de células titanes hay una mayor acumulación de radicales libres endógenos. Ya que los radicales libres son producidos mayoritariamente en la mitocondria, investigamos si este orgánulo sufre cambios durante la titanización. Encontramos que la formación de células titanes está asociada a cambios en la actividad, el potencial de membrana y la morfología de la mitocondria. La presencia de ácido retinoico durante la formación de células titanes mostró una disminución en la respiración, correlacionada con la reducción de radicales libres. Hipotetizamos que un incremento intracelular de los radicales libres en la mitocondria puede estar desencadenando la señal de titanización.

Financiación

FPI PRE2018-083436

Proyecto SAF2017-86912-R



COMUNICACIONES ORALES

Microbiología de Plantas

#129 REVEALING NEW BACTERIAL FUNCTIONS IN THE PLANT RHIZOPLANE

Zaki Saati Santamaría^{1,2,3}, Alejandro Jiménez Gómez¹, Daniel Morais^{4,5}, Lihuén Iraí González Dominici^{1,2}, Vojtech Tláškal³, Oldrich Benada³, Li Qi⁶, Yang Sheng⁷, Raúl Rivas^{1,2}, Petr Baldrian³, Paula García Fraile^{1,2}.

¹(Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

²(Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), Villamayor, España)

³(Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, República Checa)

⁴(Biological Institute of São Paulo, São Paulo, Brasil)

⁵(UiT the Arctic University of Norway, Tromsø, Noruega)

⁶(Sichuan Normal University, Chengdu, China)

⁷(Chinese Academy of Sciences, Shanghai, China)

Resumen de la comunicación

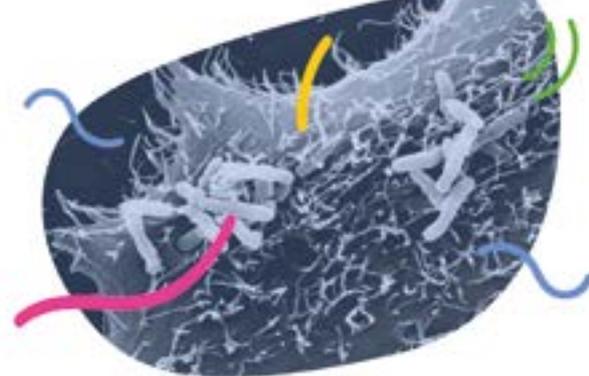
Microbes living at the plant rhizosphere are essential players in their host fitness. Among them, plant-growth-promoting (PGP) bacteria have been largely studied due to their use as biofertilizers. Concretely, many *Pseudomonas* strains have been suggested to be efficient plant probiotics. However, beyond the knowledge on legume-rhizobia interactions, in most other plant-bacterial interactions, research efforts targeted the plant response to the bacteria rather than the bacterial response and ecology. Thus, the molecular and biochemical response of bacteria to the plant environment is not deeply understood. Here, we analyze the bacterial behavior of a PGP *Pseudomonas* strain within plant roots. We sequenced the transcriptome of the bacteria and elucidated the differentially expressed genes and pathways in this micro-environment. The bacterium overexpresses several genes related with PGP mechanisms, including some involved in nutrient provision, hormones syntheses, the production of secondary metabolites, and the activation of plant defense responses. Also, we found that the strain has the energy metabolism very active. Finally, we encountered many genes activated in response to the plant with no previously described role in the plant interaction. The occurrence of 184 of the upregulated bacterial genes in the interaction was higher in *Pseudomonas* isolates from plants compared to bacteria from other habitats, such as soils, animals or water^{1,2}. We argue that these genes may play relevant biological roles in this host, but only a few have been previously shown to be associated with plant-bacteria interactions. Hence, as a proxy to discover novel mechanisms involved in microbe-host interaction, we deleted the rhizosphere upregulated *yafL* gene, encoding a cystein-peptidase with a NlpC/P60 hydrolytic domain, and proved for first time its involvement in the bacterial PGP effect. This study will aid in the discovery of novel bacterial mechanisms related with biofertilization capabilities as well as to understand interactions among soil microbes and plants.³

Financiación

This research was funded by EUROPEAN UNION'S HORIZON 2020 research and innovation programme, grant number 750795. We also acknowledge the funds received by the Regional Government of Castilla y León, Escalera de Excelencia CLU-2018-04, co-funded by the P.O. FEDER of Castilla y León 2014–2020. ZSS received a grant from the Regional Government of Castilla y León

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



and a grant cofinanced by the European NextGenerationEU, Spanish “Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia,” Spanish Ministry of Universities and the University of Salamanca (“Ayudas para la recualificación del sistema universitario español 2021-2022”).

Referencias

- 1- Saati-Santamaría et al. (2022) *Microbiology Spectrum* 10(6), e02370-22.
- 2- Levy et al. (2018) *Nature genetics*, 50(1), 138-150.
- 3- Saati-Santamaría et al. (under review) *The ISME J.*

#223 DESCIFRANDO LAS INTERACCIONES ENTRE LUPINUS Y SU MICROBIOTA RADICULAR

Maite Ortúzar¹, Víctor Formariz¹, Magdalena Slawinska², Pengfan Zhang², Qi Wang², Raúl Riesco^{1,3}, Ruben Garrido-Oter², Martha E Trujillo¹.

¹(Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

²(Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Colonia, Alemania)

³(Australian Centre for Ecogenomics, Brisbane, Australia)

Resumen de la comunicación

Las raíces de las plantas se asocian con diversos microorganismos que se reclutan del bioma del suelo circundante y que se ensamblan en comunidades estructuradas conocidas como microbiota de la raíz. Estas comunidades proporcionan al huésped funciones beneficiosas y la comparación de perfiles comunitarios entre diversas plantas muestra una clara separación según las especies huésped. La secuenciación metagenómica permite la caracterización de la estructura de la comunidad, pero es necesaria la creación de colecciones de cultivo para poder estudiar de forma individual a cada microorganismo. Las comunidades sintéticas (SynComs) creadas a partir de estas colecciones se pueden utilizar para explorar el papel de los microorganismos en su asociación con la planta. Este trabajo se diseñó a partir de datos metagenómicos sobre la caracterización de la microbiota asociada a *Lupinus angustifolius* y el microbioma circundante del suelo, así como de la colección de cultivos generada de todos los compartimentos de la planta huésped. El objetivo fue investigar la preferencia de las bacterias para colonizar la planta *L. angustifolius* cultivada en un suelo natural y en un sistema gnotobiótico. Se diseñaron ocho SynComs que fueron inoculadas y tras 8 semanas de cultivo se recogieron las muestras de los compartimentos asociados a la raíz y se hicieron perfiles del gen ARNr 16S. Se observó que aquellos taxones que formaban las SynComs, aumentaban en los distintos tratamientos y, además, en comparación con estudios previos se puede confirmar que la planta selecciona la microbiota de raíz, es decir, el holobionte se mantiene constante. También se estudió la expresión génica de la planta pudiéndose dilucidar el papel de la simbiosis de *Bradyrhizobium* y/o *Micromonospora* (co-habitantes de los nódulos) y el resto de miembros de las SynComs, la inmunidad y la exudación de las raíces en el establecimiento de la microbiota.

Financiación

Proyectos PGC2018-096185-B-I00 y PID2021-124068NB-I00. Contrato Predoctoral Junta de Castilla y León. FEMS Research and Training Grant FEMS-GO-2021-085.



#249 BACILLUS TOYONESIS AA1EC1, UNA CEPA HALOTOLERANTE CON USO POTENCIAL EN AGRICULTURA COMO FITOESTIMULANTE DEL CRECIMIENTO VEGETAL Y AGENTE DE BIOCONTROL

Amalia Roca Hernández¹, Mónica Cabeo Garrido¹, Carlos Enguidanos Salvador¹, Fernando Martínez-Checa Barrero^{1,2}, Inmaculada Sampedro Quesada¹, Inmaculada Llamas Company^{1,2}.

¹(Departamento Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

²(Instituto de Biotecnología, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Granada, Armilla, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Los cambios en la normativa actual en el uso de fertilizantes y pesticidas químicos en agricultura, junto con los graves problemas medioambientales que conlleva su empleo, conducen a la necesidad de buscar alternativas sostenibles. Entre éstas, se encuentra la aplicación de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB). En este estudio se ha analizado la actividad PGP de una bacteria halotolerante del género *Bacillus* aislada de la parte aérea de la planta halófila *Arthrocaulon* sp. La evaluación in vitro de las actividades PGP reveló que la cepa presenta numerosas actividades enzimáticas vinculadas a la solubilización de nutrientes y la producción de fitohormonas. Los ensayos PGP in vivo manifestaron que la inoculación de las plantas de tomate con la cepa de estudio incrementaba significativamente la longitud de la planta, el grosor del tallo y los pesos secos de la raíz, parte aérea y peso total respecto al control sin inocular (entre el 31% - 99%). Además, se demostró que la cepa AA1EC1 era capaz de evitar los efectos de maceración de tejidos de frutos provocados por *Pectobacterium carotovorum*, *P. atrosepticum* y *Dickeya solani* y de reducir la virulencia de *Pseudomonas syringae* pv tomato en plantas de tomate. La detección de diferentes actividades bioquímicas en los cocultivos de AA1EC1 con los patógenos reveló la reducción o inhibición de diferentes actividades metabólicas y la degradación total o parcial de moléculas señal del tipo N-acilhomoserina lactonas (AHLs) sintetizadas por los fitopatógenos. La producción de distintos factores de virulencia por estos fitopatógenos está regulada por procesos dependientes de quorum sensing y se asoció el efecto protector otorgado por AA1EC1 con su capacidad para producir enzimas quorum quenching, identificándose en su genoma 4 enzimas potenciales. Los resultados de este trabajo demuestran el posible potencial de *Bacillus toyonensis* AA1EC1 como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol.

Financiación

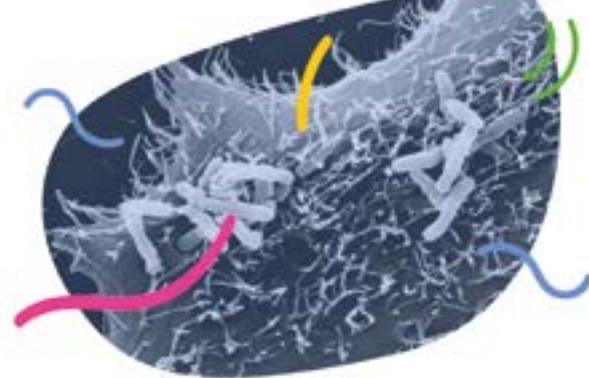
RYC2019-026481-I/ AEI/10.13039/501100011033
PID2019-106704RB/AEI/10.13039/501100011033

Hipervínculo

<https://www.bio188.es/>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#261 CARACTERIZACIÓN DE UN ELEMENTO TRANSPONIBLE EN EL GENOMA DE XANTHOMONAS ARBORICOLA PV. PRUNI

Sara Cuesta-Morrondo^{1,2}, Jerson Garita-Cambronero³, Jaime Cubero¹.

¹(Grupo de Bacteriología, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, España)

²(Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España)

³(I+D en Protección Vegetal, Departamento de Posicionamiento Sectorial, Asociación Nacional de Obtentores Vegetales (ANOVE), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La especie *Xanthomonas arboricola* incluye bacterias fitopatógenas de gran importancia agrícola. Dentro de *X. arboricola*, destaca el patovar *pruni* (Xap), causante de la mancha bacteriana en *Prunus* spp. El genoma de Xap está compuesto por un cromosoma de 5.100.100 pb aproximadamente y, habitualmente, contiene un plásmido de 41.000 pb (pXap41). El análisis bioinformático del genoma completo de Xap IVIA 2626.1, obtenido mediante combinación de dos tecnologías de secuenciación (Cuesta-Morrondo et al., 2022), identificó una región de unos 23.500 pb coincidente entre el plásmido y el cromosoma. La existencia de dicha región duplicada en el genoma se verificó utilizando diferentes herramientas bioinformáticas, PCR y secuenciación Sanger. Asimismo, se observó que esta región es un derivado del transposón TnXax1 previamente descrito en pXap41 (Ferreira et al., 2015), que contiene una transglicosilasa lítica de mureína y efectores del sistema de secreción tipo III, además de una transposasa (tnpA) y una resolvasa tnpS-tnpT, características de algunos miembros de la familia Tn3 (Nicolas et al., 2015). Se ha observado que contiene, además, sistemas toxina-antitoxina tipo II, otro transposón de la familia Tn3, ISPsy42; así como algunas otras transposasas. Se trata, por tanto, de un posible transposón compuesto que transmite factores de virulencia de Xap. Además, se ha comprobado que las regiones identificadas del transposón están presentes en todos los plásmidos pXap41 de los genomas de Xap, mientras que, en el caso de los cromosomas, su distribución no es homogénea. Finalmente, se ha estudiado la presencia de regiones similares en otras especies de *Xanthomonas* y en los patovares de *X. arboricola* más relevantes a nivel fitopatológico. Este estudio pretende dilucidar la estructura completa del derivado TnXax1 presente en Xap, así como sus posibles variaciones entre cepas y abordar estudios posteriores que determinarán su papel en la virulencia de esta bacteria.

Financiación

Los resultados presentados son parte del proyecto de I+D+i/PID2021-123600OR-C41, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ "FEDER Una manera de hacer Europa" y PRE2019-090846 "El FSE invierte en tu futuro".

Referencias

Cuesta-Morrondo, S., Redondo, C., Palacio-Bielsa, A., Garita-Cambronero, J., & Cubero, J. (2022). Complete Genome Sequence Resources of Six Strains of the Most Virulent Pathovars of *Xanthomonas arboricola* Using Long- and Short-Read Sequencing Approaches. *Phytopathology*, 112(8), 1808-1813.

Ferreira, R. M., de Oliveira, A. C. P., Moreira, L. M., Belasque Jr, J., Gourbeyre, E., Siguier, P., ... & Varani, A. M. (2015). A TALE of transposition: Tn 3-like transposons play a major role in the spread of pathogenicity determinants of *Xanthomonas citri* and other xanthomonads. *MBio*, 6(1), e02505-14.

Nicolas, E., Lambin, M., Dandoy, D., Galloy, C., Nguyen, N., Oger, C. A., & Hallet, B. (2015). The Tn3-family of replicative transposons. *Mobile DNA III*, 693-726.



#349 EXPLORANDO EL GÉNERO LENTZEA COMO POTENCIAL PROBIÓTICO DE PLANTAS: MECANISMOS DE RESILIENCIA Y PRODUCCIÓN DE METABOLITOS CON ACCIÓN ANTIMICROBIANA. &NBSP;

Alfonso Sáez-Cornejo¹, Meriem Gasmi², Lorena Carro^{1,3}, Esther Menéndez^{1,3}.

¹(Grupo de Bacteriología, Departamento de Protección Vegetal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, España)

²(Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España)

³(Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Las actinobacterias son microorganismos de especial interés debido a su capacidad para producir un amplio espectro de metabolitos secundarios. En los últimos años, el minado de sus genomas ha revelado su versatilidad metabólica en varios aspectos, como la producción de nuevos antimicrobianos con potencial aplicación frente a organismos multirresistentes y sus mecanismos de tolerancia a diferentes estreses (Carro et al., 2018; Jose et al., 2021). Entre ellas, el género *Lentzea*, perteneciente a la familia Pseudonocardiaceae, presenta un elevado potencial como productor de compuestos bioactivos y otros metabolitos de interés (Maiti & Mandal, 2022). Algunas especies de este género se han aislado de zonas desérticas, áridas o semiáridas, revelándose como fuente de numerosos usos potenciales para mitigar los efectos adversos causados por el cambio climático. En este trabajo, nuestro objetivo fue la caracterización taxonómica y funcional de una cepa identificada parcialmente como *Lentzea* sp., aislada de zonas desérticas del Sáhara Occidental, mediante la secuenciación de su genoma y la realización de diversas pruebas de promoción de crecimiento vegetal, inhibición de microorganismos fitopatógenos y tolerancias a distintos estreses abióticos. La anotación funcional del genoma de esta cepa y de los genomas disponibles de cepas del género *Lentzea* reveló la presencia de varios genes productores de metabolitos secundarios, enzimas con capacidad de degradación de polímeros y otros bioclusters comunes y no comunes dentro del género. Además, los resultados obtenidos en ensayos para determinar su capacidad de producción de metabolitos secundarios mostraron que esta cepa era capaz de inhibir fitopatógenos como *Acidovorax valerianellae* y el hongo *Leptosphaeria maculans*, siendo este último igualmente inhibido *in vitro* e *in planta*. Nuestros resultados apuntan a que el género *Lentzea* tiene un potencial aún no explorado como productor de metabolitos secundarios y compuestos bioactivos, como probiótico de plantas y como agente microbiano resiliente contra el cambio climático.

Financiación

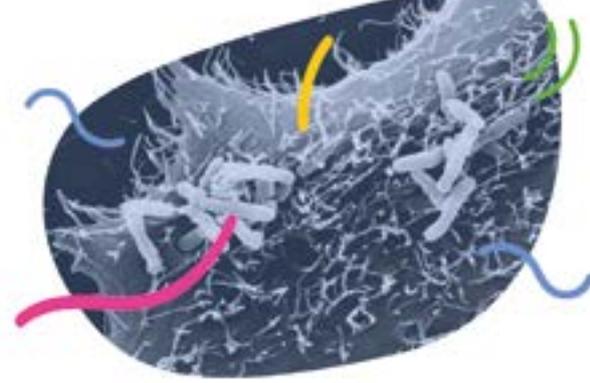
Este resultado es parte del proyecto de I+D+i TED2021-129160B-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la "Unión Europea NextGenerationEU/PRTR". EM agradece un contrato EU HORIZON 2020 Marie Skłodowska Curie Actions (Grant Agreement nº 897795).

Referencias

Carro, L., Nouioui, I., Sangal, V., Meier-Kolthoff, J. P., Trujillo, M. E., Montero-Calasanz, M. D. C., Sahin, N., Smith, D. L., Kim, K. E., Peluso, P., Deshpande, S., Woyke, T., Shapiro, N., Kyrpides, N. C., Klenk, H.-P., Göker, M., & Goodfellow, M. (2018). Genome-based classification of micromonosporae with a focus on their biotechnological and ecological potential. *Scientific Reports*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17392-0> Jose, P. A., Maharshi, A., & Jha, B. (2021). Actinobacteria in natural products research: Progress and prospects. *Microbiological research*, 246, 126708. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2021.126708> Maiti, P.K., Mandal, S. Comprehensive genome analysis of *Lentzea* reveals repertoire of polymer-degrading enzymes and bioactive compounds with clinical relevance. *Sci Rep* 12, 8409 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-12427-7>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#359 ANALYSIS OF THE PSEUDOMONAS OGARAE F113 SECRETOME REVEALS TWO NEW TYPE VI SECRETION SYSTEMS EFFECTORS

David Vázquez Arias, David Durán, Miguel Redondo Nieto, Rafael Rivilla, Marta Martín.¹

¹(Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Pseudomonas ogarae F113 is a model rhizobacterium considered a relevant biocontrol agent because of its ability to produce a diverse set of antibacterial and antifungals compounds such as DAPG. The genome sequence of *P. ogarae* F113 encodes three copies of Type Six Secretion Systems (T6SSs; F1-, F2- and F3-), an essential bacterial nanomachine involved in interbacterial competition and rhizosphere colonization. In addition to the structural elements, another five orphan VrgG protein clusters unrelated to a specific T6SS cluster are present. An in silico analysis of F113 genomic sequence revealed genes encoding eight T6SSs effectors, some of them associated with their corresponding immunity protein. All this Effector-Immunity pairs are associated either with T6SSs structural operons or with orphan VgrG proteins. We have characterised the secretome of the wild-type strain and mutants affected in each of the T6SS structural clusters. This analysis showed that under the conditions tested, only T6SS F-1 was functioning and allowed us to identify two potentially new effectors not detected in our previous in silico analysis (tfe9 and tfe10). The preliminary results revealed that Tfe10 seems to have an immunity protein and unknown function, additionally Tfe9 is orthologue to *Salmonella typhimurium* Tae4 (type VI amidase effector) without an immunity protein. Our results suggest that these effectors are necessary for the antibacterial activity of *P. ogarae* F113 against *E. coli*.

Financiación

This work has been funded by Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades FEDER/EU Grant PID2021-125070OB-I00. David Vázquez Arias was granted by FPI-UAM program (SFPI/2021-00458)



#398 LA PERCEPCIÓN DE NITRATO EN BACTERIAS FITOPATÓGENAS FAVORECE LA COLONIZACIÓN E INFECCIÓN DE LAS PLANTAS

Saray Santamaría-Hernando¹, Clara Gálvez-Roldán², Jean Paul Cerna-Vargas^{1,3}, José Juan Rodríguez-Herva^{2,4}, Tino Krell⁵, Emilia López-Solanilla^{4,7}.

¹(Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas CBGP. Universidad Politécnica de Madrid -Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria/CSIC, Pozuelo De Alarcón, España)

²(Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas CBGP. Universidad Politécnica de Madrid -Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria/CSIC, Madrid, España)

³(Departamento de Protección Ambiental, Granada, España)

⁴(Estación Experimental del Zaidín EEZ, Madrid, España)

⁵(Departamento de Protección Ambiental, Pozuelo De Alarcón, España)

⁶(Consejo Superior de Investigaciones Científicas CSIC)

⁷(Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las bacterias fitopatógenas entran al interior del tejido vegetal para iniciar el proceso de infección. Dicho proceso está dirigido por el mecanismo de quimiotaxis, un movimiento direccional de la bacteria hacia gradientes de diversos compuestos de origen vegetal o ambiental con objeto de localizar heridas o aberturas naturales en la planta. La percepción de estos gradientes se realiza a través de las proteínas conocidas como quimiorreceptores cuya especificidad está definida por su dominio de unión a ligando. El metabolismo del nitrato tiene un papel importante en diversos aspectos de la fisiología bacteriana. Durante la interacción con las plantas, las bacterias fitopatógenas se enfrentan a condiciones variables con respecto a la disponibilidad de nitrato. En este trabajo, hemos caracterizado un quimiorreceptor con un dominio de unión a ligando de tipo NIT en la bacteria fitopatógena *Dickeya dadantii* 3937 (Dd3937) implicado específicamente en la percepción de nitrato y nitrito. Hemos demostrado cómo su inactivación disminuye significativamente la respuesta quimiotáctica de la bacteria frente a dichos compuestos, afectando a su capacidad de entrada en el tejido vegetal y provocando una reducción de la virulencia en plantas de patata. Además, mediante un análisis de expresión génica se ha demostrado que la percepción de nitrato a través de este quimiorreceptor regula, no solo la expresión de genes implicados en procesos metabólicos respiratorios y de asimilación de nitrato, sino también la expresión de importantes determinantes de virulencia en Dd3937. Estos resultados ponen de manifiesto la relevancia de la percepción de nitrato durante el proceso de infección y abren la posibilidad de considerar este proceso como una diana para el diseño de estrategias de interferencia para enfermedades bacterianas en plantas.

Financiación

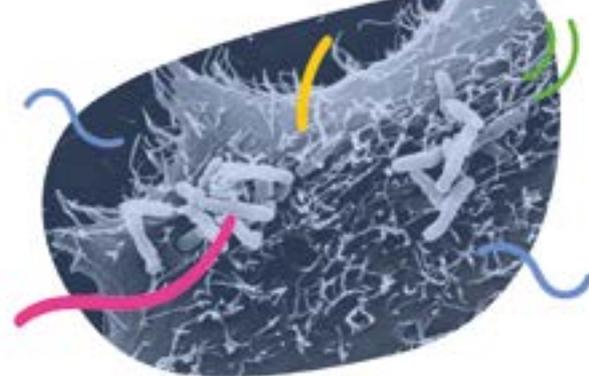
CEX2020-000999-S Centros de excelencia Severo Ochoa y Unidades de excelencia María de Maeztu. Agencia Estatal de Investigación.
PID2021-125673OB-I00/ PDC2022-133895-I00 Agencia Estatal de Investigación.

Referencias

Gálvez-Roldán y col. (2023) *Phytopathology* 113:390-399.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#403 CONSTRUCCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UNA COMUNIDAD SINTÉTICA DE TRES PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS PARA EL ESTUDIO DE INTERACCIONES BACTERIA-PLANTA-PATÓGENO.

Rafael Villar-Moreno^{1,2}, Sandra Tienda^{1,2}, Antonio De Vicente^{1,2}, Francisco M. Cazorla^{1,2}, Eva Arrebola^{1,2}.

¹(Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, España)

²(Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea "La Mayora", IHSM-UMA-CSIC, Málaga, España)

Resumen de la comunicación

La rizosfera de las plantas es un entorno rico en nutrientes donde se establecen comunidades microbianas complejas. En el caso de la rizosfera de árboles de aguacate, se observa una elevada presencia de bacterias del complejo *Pseudomonas fluorescens*, destacando la especie *P. chlororaphis* que comúnmente presentan actividades relacionadas con la promoción del crecimiento de plantas (Plant Growth Promotion: PGP) y el control biológico frente a diferentes hongos fitopatógenos. Con el fin de indagar en las interacciones que tienen lugar entre las distintas cepas de *P. chlororaphis* y la raíz del aguacate, se ha construido un consorcio microbiano compuesto por tres cepas aisladas de la rizosfera de aguacate de árboles sanos en regiones afectadas por el hongo *Roselinia necatrix*. Inicialmente se realizó la búsqueda in silico de genes relacionados con la actividad PGP. Además, se realizaron ensayos de compatibilidad in vitro e in vivo sobre la raíz de plántulas de aguacate, determinando así sus índices de competitividad. Se analizó la capacidad de formación de biofilm así como su patrón de colonización en la raíz mediante microscopía confocal, además, de su capacidad de colonización y persistencia. Y, por último, se analizó la capacidad de control biológico de la comunidad frente a hongos fitopatógenos en el modelo tomate- *Fusarium oxysporum* y aguacate-*Roselinia necatrix*.

Financiación

UMA18-FEDERJA-046 y PID2021-123713OB-I00

Hipervínculo

<https://mamgroup.es/>



#411 THE COMBINED STRATEGIES OF PODOSPHAERA XANTHII TO SUPPRESS CHITIN-TRIGGERED IMMUNITY IN CUCURBITS PLANTS

Nisrine Bakhat, Dolores Fernández Ortuño, Alejandro Pérez García.¹

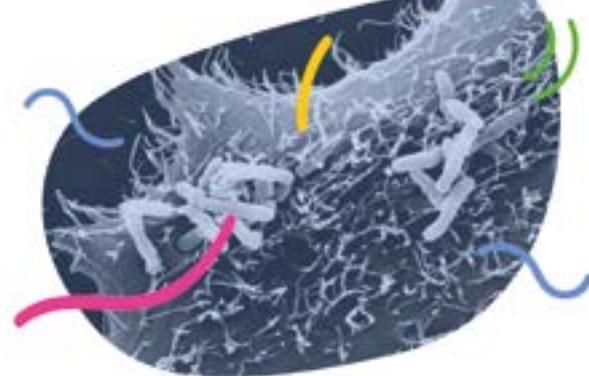
¹(Universidad de Málaga, Málaga, España)

Resumen de la comunicación

Fungal pathogens are the main destructive microorganisms for terrestrial plants and pose increasing challenges for global agricultural production. Chitin is a vital building block for fungal cell walls and a widely effective inducer for plant immunity. Chitin-triggered immunity is a powerful plant defense response against fungi. Therefore, phytopathogenic fungi have developed different virulence factors that allow them to suppress the activation of this defensive response. In this study, we intend to evaluate the molecular mechanisms of suppression the chitin-triggered previously identified in *Podosphaera xanthii*, the main causal agent of powdery mildew in cucurbits. These mechanisms consist of the modification of chitin immunogenic oligomers (CDA), the binding to these oligomers (CHBE) and their degradation (EWCAs). For this, we used RNA interference (RNAi) technology, which consists of the application of double-stranded RNA (dsRNA) designed to suppress the expression of the PxCDA and PxEWCA genes, which would result in the reduction of the three mechanisms of suppression of chitin signaling mentioned above, since CDA and CHBE proteins are products of the same PxCDA gene. Application of dsRNA was carried out using leaf disc assays and infiltration of melon cotyledons. The preliminary results obtained indicate that the application of dsRNA significantly reduces the development of the fungus and the symptoms of powdery mildew disease in melon, suggesting that chitin signaling suppression mechanisms are essential for the development of *P. xanthii*.

Financiación

This work was supported by AEI (PDC2021-121373-C21).



COMUNICACIONES ORALES

Microbiología del Medio acuático

#170 ESTUDIO DEL POTENCIAL DE LOS MICROPLÁSTICOS COMO PORTADORES DE E. COLI EN AGUA DE MAR

Elisenda Ballesté Pau, Hongxia Liang, Javier Méndez, Anna Sànchez Vidal, Cristina Garcia Aljaro.¹

¹(Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Los microorganismos colonizan rápidamente la superficie de los plásticos en ambientes acuáticos proporcionando un nuevo y duradero medio de dispersión. En este estudio hemos analizado la colonización microbiana de polímeros de plástico y evaluado la persistencia de E. coli en la biopelícula. Para ello realizamos microcosmos en 20 L de agua con añadiendo 10^4 ufc/ml de E. coli y pellets de plástico (80% polietileno y 20% polipropileno) obtenidos de una playa. Durante un mes se avaluó la abundancia de bacterias marinas, E. coli y 3 genes de resistencia a antibióticos (ARGs) con técnicas de cultivo, qPCR, secuenciación del 16S rRNA y microscopía electrónica de barrido. Por otro lado, se avaluó la presencia de bacterias fecales y GRAs adheridas a la biopelícula desarrollada en plásticos marinos obtenidos en aguas costeras impactadas por la contaminación fecal [1]. En 24 h se detectan bacterias adheridas en los pellets generando una matriz de EPS, colonizándolo en 5 días con concentraciones de $7.3 \cdot 10^5$ cg del 16S rRNA/mm². Se detectó una concentración un poco superior en plásticos ambientales ($1.9 \cdot 10^6$ gc/mm²). En los microcosmos, E. coli se adhirió en la biopelícula durante los primeros días alcanzando una concentración máxima de $2.1 \cdot 10^3$ UFC/mm² donde persistió hasta 12 días, mientras que el ADN se detectó al menos hasta los 26 días. Un 42% de las muestras ambientales presentaban E. coli con valores máximos de $2.0 \cdot 10^1$ UFC/mm². También se detectaron los ARG *sull* y *blaTEM* en las biopelículas de los microcosmos con concentraciones máximas de $8.8 \cdot 10^2$ y $5.2 \cdot 10^1$ gc/mm² respectivamente. Concentraciones similares se detectaron en las muestras ambientales que alcanzaron concentraciones máximas de $6.7 \cdot 10^2$ y $6.9 \cdot 10^1$ gc/mm² de *sull* y *blaTEM*. Las comunidades bacterianas difirieron sobre todo en función del agua y entre microcosmos y muestras ambientales, aunque miembros de la clase gammaproteobacteria dominaron en los biofilms.

Financiación

Microplásticos como caballo de Troya de patógenos y resistencias antimicrobianas.
Ref.PID2019-108957GA-I00.

Referencias

H. Liang et al., "Detection of faecal bacteria and antibiotic resistance genes in biofilms attached to plastics from human-impacted coastal areas," *Environmental Pollution*, vol. 319, no. October 2022, p. 120983, Feb. 2023, doi: 10.1016/j.envpol.2022.120983.



#186 ADAPTACIONES TRANSCRIPCIONALES ASOCIADAS A LA ADQUISICIÓN DE LA ISLA DE PATOGENICIDAD IRP-HPI: IDENTIFICACIÓN DEL REGULÓN PBT A EN VIBRIO ANGUILLARUM

Marta A Lages , Manuel L Lemos , Miguel Balado ¹

¹(Departamento de Microbiología e Parasitología, Instituto de Acuicultura, Universidade de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

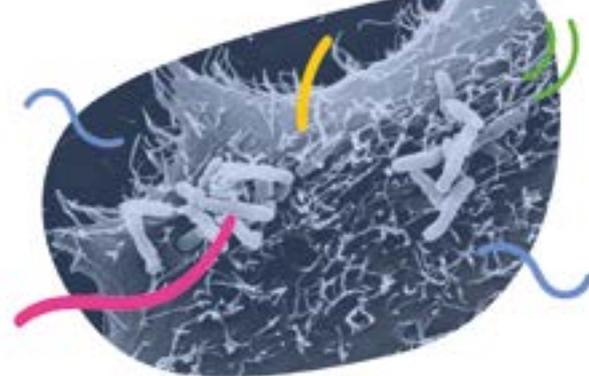
La isla de patogenicidad irp-HPI es un factor de virulencia clave en numerosos patógenos de peces y moluscos. Las cepas de *Vibrio anguillarum* portadoras de dicho elemento son capaces de desencadenar brotes de vibriosis en un amplio rango de hospedadores, incluso a temperaturas de hasta 5-7°C. La isla irp-HPI codifica el sistema del sideróforo piscibactina, su expresión se induce a temperaturas bajas (<18-20°C) y depende del activador transcripcional PbtA codificado en la propia isla. Sin embargo, PbtA también podría modular la expresión de genes fuera de la isla. El objetivo de este trabajo fue estudiar las adaptaciones transcripcionales asociadas a la adquisición de la isla irp-HPI. Para ello, se realizó un ensayo RNAseq con el que se compararon los patrones de expresión génica en la cepa RV22 de *V. anguillarum*, portadora del elemento irp-HPI, con un mutante defectivo en PbtA. Se identificaron un total de 569 genes expresados diferencialmente que codifican funciones relacionadas con el metabolismo general (síntesis de aminoácidos, metabolismo del N, asimilación de sulfato, etc.), pero también numerosos factores de virulencia como la piscibactina, el Quorum Sensing, toxina MARTX, síntesis de LPS, T6SS, etc. Además, mediante ensayos de movilidad en gel (EMSA) se comprobó la unión de PbtA a los promotores de los factores de virulencia expresados diferencialmente. Todos los resultados obtenidos muestran que PbtA, además de controlar la expresión de los genes de la isla irp-HPI, induce cambios en la expresión, tanto del metabolismo general de *V. anguillarum*, como de buena parte de sus factores de virulencia. Por lo tanto, la mayor virulencia mostrada por las cepas que portan la isla irp-HPI y su amplio rango de hospedador está relacionado, no sólo con la capacidad de producir piscibactina, sino también con los cambios en el patrón global de expresión mediados por el regulador PbtA.

Financiación

Proyecto PID2019-103891RJ-100 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#271 EVOLUCIÓN ANUAL (OCTUBRE 2020-2021) DE SARS-COV-2 Y NOROVIRUS EN AGUAS RESIDUALES EN EL MUNICIPIO DE VALLADOLID

Lorena Casado Martín¹, Jorge Santamaría Palacios¹, Nadine Yeramian Hakim¹, Daniel Pérez Alonso¹, Marta Hernández Pérez², David Rodríguez Lázaro¹.

¹(Universidad de Burgos, Burgos, España)

²(Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León, Valladolid, España)

Resumen de la comunicación

La epidemiología basada en aguas residuales es una herramienta muy útil para conocer la evolución de enfermedades infecciosas, ya que muchos microorganismos entéricos y respiratorios son excretados a las mismas a través de heces, saliva y otros fluidos. Durante la pandemia COVID-19, estos estudios han sido cruciales en el conocimiento de su evolución y la toma de decisiones adecuada y temprana por parte de las autoridades. Con este objetivo, se ha hecho el seguimiento anual de los virus SARS-CoV-2 y Norovirus tipo I y II, a partir de muestras recogidas desde octubre 2020 en la EDAR de Valladolid. Para ello, los virus se concentraron usando tricloruro de aluminio como precipitante, el ARN viral fue purificado mediante un kit comercial (Qiamp® Viral RNA Mini kit) y se cuantificaron mediante RT-qPCR específicas para el virus SARS-CoV-2 (genes N1 y N2)¹ y para NoVG1 y NoVGII2. Asimismo, se midió la concentración del virus control de proceso utilizado, Mengovirus². Se observó una correlación significativa de las cantidades de SARS-CoV-2 detectadas en las muestras de aguas residuales analizadas con las diferentes olas de contagios en las fechas de muestreo. Por otro lado, Norovirus GI mostró una mayor prevalencia en otoño e invierno disminuyendo en primavera, coincidiendo con las tendencias observadas en clínica, mientras que norovirus GII se presentó estable a lo largo de todo el año. En conclusión, la epidemiología de virus entéricos y respiratorios basada en aguas residuales puede ser una herramienta complementaria a la información clínica ya que se observa una correlación significativa, mientras facilita conocer el estado de salud real de la población al cuantificar la cantidad de los virus a nivel comunitario elimina el sesgo de la asintomatología y la necesidad de que los pacientes acudan voluntariamente a someterse a una prueba relativamente invasiva.

Referencias

1. Protocolo detección de SARS-CoV-2 en aguas residuales. Versión 1.10 (septiembre 2020) Ministerio de Ciencia e Innovación. CSIC.VIARAL
2. UNE-EN ISO 15216-1:2017



#278 DESVELANDO RESPUESTAS AL CAMBIO CLIMÁTICO A PARTIR DE MICROORGANISMOS MARINOS ANTIGUOS PRESERVADOS EN HIELO MARINO ANTÁRTICO

Aitana Llorenç Vicedo¹, Mónica Lluesma Gómez¹, Francisco Javier Martínez Hernández¹, Johannes Freitag², Frank Wilhelms², Manuel Martínez García¹.

¹(Universidad de Alicante, Alicante, España)

²(Alfred Wegener Institute, Bremerhaven, Alemania)

Resumen de la comunicación

Los signos del cambio climático en nuestros océanos son innegables y su impacto dependerá, en gran medida, de las respuestas de los microorganismos marinos, que son responsables de sustentar el crecimiento del resto de formas de vida y procesos biogeoquímicos importantes. Los datos disponibles actualmente sobre el cambio climático predicen múltiples efectos sobre los microorganismos marinos, como la estimulación de la actividad heterotrófica frente a la fotosintética, aumento de protistas o mayor actividad lisogénica de virus. En nuestro estudio, emplearemos valiosos testigos de hielo de agua de mar congelada extraídos de la plataforma de hielo Rhonne-Filchner de la Antártida que recupera la historia de los microorganismos marinos congelados en los últimos 400 años y que nos ayudará a entender cómo está afectando el cambio climático a las comunidades microbianas de nuestros océanos. De hecho, los entornos polares son las regiones del mundo que experimentan el cambio climático al ritmo más vertiginoso. Los microorganismos atrapados en el hielo año tras año son uno de los mejores “biosensores” para estos signos de cambio y serán empleados en este estudio. Nos encontramos bajo un gran desafío que consiste en obtener material genético sin contaminación de una muestra antigua con muy baja biomasa inicial y en gran parte degradada, que hemos conseguido solventar empleando técnicas basadas en “single cell genomics”. Así, hemos logrado secuenciar el microbioma que está dominado mayoritariamente por bacterias no conocidas hasta la fecha y que guardan una información muy valiosa dentro del contexto del estudio del cambio climático.

Financiación

MCIN/AEI/10.13039/501100011033

FEDER Una manera de hacer Europa

Referencias

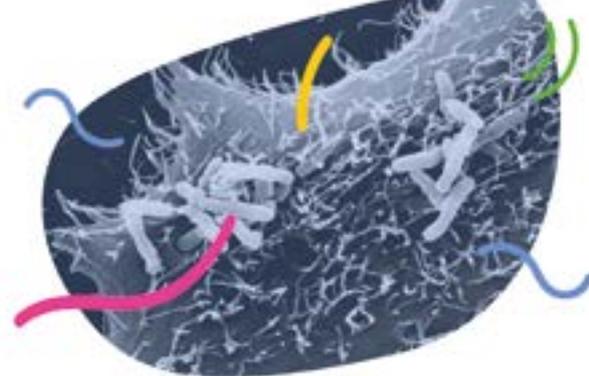
Hutchins, D. A. et al. *Climate change microbiology — problems and perspectives*. *Nat. Rev. Microbiol.* 17, 391–396 (2019).

Zhang, R., Weinbauer, M. G. & Peduzzi, P. *Aquatic Viruses and Climate Change*. *Curr. Issues Mol. Biol.* 41, 357–380 (2021)

Smith, T. P. et al. *Community-level respiration of prokaryotic microbes may rise with global warming*. *Nat. Commun.* 10, 5124 (2019).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#357 EVALUACIÓN DE UNA BARRERA REACTIVA PARA LA MEJORA DE LA CALIDAD DE AGUA EN UN SISTEMA DE TRATAMIENTO SUELO-ACUÍFERO

Paola Sepúlveda Ruiz¹, Cristina García Aljaro², Lurdes Martínez Landa^{3,4}, Laura Sala Comorera², Elisenda Ballesté², Pauline Terryn², Jesus Carrera^{5,4}, Silvia Díaz Cruz⁵, Miquel Salgot¹, Montserrat Folch¹, Cristina Valhondo^{5,4}.

¹(Departament de Biologia, Sanitat i Medi Ambient, Secció Sanitat Ambiental i Edafologia, Facultat de Farmàcia i Ciències de l'Alimentació, Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

²(Departament de Genètica Microbiologia i Estadística, Secció Microbiologia, Virologia i Biotecnologia, Facultat de Biologia, Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

³(Departamento de Ingeniería Civil y Ambiental, Universitat Politècnica de Catalunya, Barcelona, España)

⁴(Unidad Asociada, Grupo de Hidrología Subterránea UPC-CSIC, GHS, Barcelona, España)

⁵(Instituto de Diagnóstico Ambiental y Estudios del Agua, CSIC, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

El sistema de tratamiento suelo-acuífero (SAT) infiltrando agua procedente de efluentes de depuradora a través de balsas, es una alternativa complementaria a los tratamientos tradicionales de regeneración de agua. El objetivo de este trabajo es evaluar la capacidad de remoción de indicadores (E. coli, colifagos somáticos y clostridios), bacterias y genes de resistencia a antibióticos (ARGs) (E. coli y coliformes productores de ESBL, heterótrofos resistentes a tetraciclina y ampicilina, y los genes sul1, blaTEM y tetW), así como el indicador de contaminación fecal humana CrAssphage de una barrera reactiva compuesta por distintos materiales en una planta piloto de SAT utilizando como agua de infiltración el efluente secundario de una depuradora costera. El muestreo se realizó durante una gestión de recarga de 74 días en continuo (caudal de 1 L/min). Se cogieron muestras del material de la barrera a distintas profundidades y del agua de infiltración y de salida (después de pasar por la zona no saturada). Se observó una reducción de ~4.5 log para E. coli, ~2.5 log para colifagos somáticos y ~3.8 log de CrAssphage en el agua que había pasado por la barrera reactiva siendo esta barrera más eficiente que la barrera control compuesta exclusivamente por arena (reducción de 3.7, 2 y 2.6 log para E. coli, colifagos y CrAssphage, respectivamente). En el caso de las bacterias resistentes a antibióticos la reducción fue de más de 3 log y entre 2 y 4 log para los ARGs, mostrando también una eficiencia superior a la barrera control (>1.5 log de diferencia), exceptuando el gen sul1 en el que la diferencia fue inferior. Así pues, el tratamiento del agua con barreras reactivas representa una mejora sustancial de la calidad de agua que podría utilizarse para diferentes usos permitiendo reducir la contaminación microbiológica en el ciclo del agua.

Financiación

TED2021-131188B-C33, RESTORA (ACA210/18/00040), Agencia Española de Investigación Proyecto Severo Ochoa (CEX2018-000794-S), MONOPOLIOS (RTI2018-101990-B-100, MINECO/FEDER), Water JPI MARADENTRO (PCI2019-103603 y PCI2019-103425), y al AGAUR-SGR2017-1485. Queremos agradecer al Consorci d'Aigües de la Costa Brava Girona (CACBGi) por el acceso a la EDAR.



#362 LA PRESENCIA DE ACIL-HOMOSERINA LACTONAS REDUCE LA CITOTOXICIDAD EJERCIDA POR DOS ANTIMICROBIANOS SOBRE UNA MICROALGA

Carmen Rioboo Blanco, Ángeles Cid Blanco, Miguel Menéndez Ramos.¹

¹(Universidade da Coruña, A Coruña, España)

Resumen de la comunicación

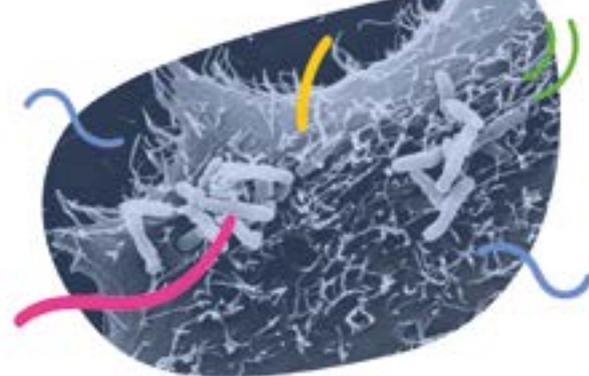
Dado que las microalgas contribuyen al 40% de la fijación global de carbono orgánico, el estudio del impacto de la contaminación química acuática sobre estos microorganismos se ha convertido en un área de interés emergente en el contexto actual de cambio climático. Sin embargo, a pesar de que cada vez hay más evidencias de que en los ecosistemas acuáticos las microalgas viven en consorcios microbianos denominados ficosferas, donde microalgas y bacterias están estrechamente interconectadas mediante señales moleculares que afectan a sus metabolismos y actividades fisiológicas, el papel modulador que esta comunicación química microalga-bacteria puede desempeñar sobre la toxicidad de los contaminantes no ha sido nunca estudiado en microalgas. En este trabajo, se ha estudiado la citotoxicidad ejercida por el antibiótico azitromicina y el antifúngico clotrimazol sobre *Chlamydomonas reinhardtii* en ausencia y en presencia de dos quoromonas, la N-dodecanoil-L-homoserina lactona (C12-HSL) y la N-3-oxo-dodecanoil-L-homoserina lactona (3-oxo-C12-HSL). Para ello, los biomarcadores analizados han sido: tasa fotosintética, potencial de membrana mitocondrial, niveles citosólicos de ROS y activación de apoptosis y senescencia celular mediante la detección de actividad caspasa y β -galactosidasa, respectivamente. Los resultados obtenidos en ausencia de hormonas indican que los dos contaminantes ensayados presentan diferente mecanismo de toxicidad en esta microalga. La azitromicina provoca una severa inhibición a nivel de la fotosíntesis e induce un estado de senescencia celular con incremento de la actividad β -galactosidasa. En cambio, el clotrimazol actúa despolarizando las membranas mitocondriales, registrándose un aumento de la producción de ROS y la activación de apoptosis con incremento de la actividad caspasa. En cuanto a los ensayos realizados en presencia de las dos acil-serina lactonas, ambas hormonas alivian el impacto citotóxico de ambos contaminantes en *C. reinhardtii* y para todos los biomarcadores estudiados.

Financiación

CTM2017-88668-R.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#391 MECANISMOS MOLECULARES Y CELULARES DE LA DEGRADACIÓN DE CARBONO POLIMÉRICO EN ALTEROMONAS

Uxue Arrizabalaga Luzuriaga¹, Carla Pérez Cruz¹, Raquel Liébana¹, Eli Bilbao¹, Anders Lanzen², Laura Alonso Sáez¹.

¹ (AZTI, Sukarrieta, España)

² (AZTI, Pasaia, España)

Resumen de la comunicación

Los microorganismos del género *Alteromonas* son ecológicamente relevantes ya que se encuentran ampliamente extendidos en ecosistemas marinos y pueden proliferar en respuesta a pulsos de materia orgánica. Estos microorganismos presentan una amplia capacidad para degradar polímeros, como los polisacáridos producidos durante la proliferación de microalgas. En este estudio trabajamos con dos aislados de *Alteromonas* con distintas capacidades para degradar polisacáridos marinos (laminarina y alginato) con el objetivo de comprender los mecanismos moleculares y celulares empleados para degradar diferentes fuentes de carbono (C). Observamos que el consumo de polisacáridos fue más rápido que el de glucosa para ambas cepas, lo que sugiere una especialización en la utilización de C polimérico. Combinando diferentes enfoques ómicos, hemos identificado posibles conjuntos de genes implicados en la utilización de polisacáridos en los genomas de *Alteromonas*, analizando sus patrones de expresión durante el crecimiento en diferentes fuentes de C. Por medio de microscopía de alta resolución, hemos visualizado que *Alteromonas* produce una matriz densa de exopolisacáridos (EPS) durante su crecimiento. Mediante genómica comparativa, encontramos que diferentes clusters de síntesis de genes de EPS estaban generalmente presentes y altamente conservados en un conjunto de 24 genomas de *Alteromonas*. En general, nuestros resultados sugieren que *Alteromonas* regula la secreción de matrices extracelulares especializadas para degradar diferentes carbohidratos, revelando un papel potencial de este mecanismo celular en la remineralización de C marino.



#394 PHYSIOLOGICAL AND TRANSCRIPTIONAL RESPONSE OF THE MARINE STRAIN SYNECHOCOCCUS SP. RS9907 TO VARIATIONS IN TEMPERATURE AND SALINITY AFTER LONG-TERM ACCLIMATION.

Isabel Escribano Gómez¹, Uxue Arrizabalaga Luzuriaga¹, Rebeca Perez¹, Raquel Liébana García¹, Antonio S Palacio¹, Abbrar labban², Xosé Anxelu G. Morán^{2,3}, Ángel López Urrutia³, Laura Alonso Sáez¹.

¹(AZTI | Member of Basque and Technology Alliance, Sukarrieta, España)

²(King Abdullah University of Science and Technology, Thuwal, Arabia Saudita)

³(Centro Oceanográfico de Gijón, Instituto Español de Oceanografía, IEO-CSIC, Gijón, España)

Resumen de la comunicación

Marine cyanobacteria of the genus *Synechococcus* are among the most abundant phototrophs in the ocean and account for a substantial fraction of marine primary production. Niche models suggest that *Synechococcus* will experience complex changes because of projected future climate conditions. Among the environmental factors significantly impacting the growth and distribution of these cyanobacteria, light and temperature have been the most widely studied. By contrast, the impact of salinity on marine *Synechococcus* strains have been largely unexplored, even if changes in salinity are predicted to take place in future oceanic conditions. Here, we performed long-term thermal and salinity acclimation experiments on the marine strain *Synechococcus* sp. RS9907. This strain was able to grow over a range of 20 to 33°C and 15 to 50 PSU. Growth rates were measured along the whole thermal and salinity niches, and the maximum potential quantum efficiency of Photosystem II (FV/FM), as an indicator of the photochemical performance of PSII, was measured at contrasting temperature and salinity conditions. In the same incubations, RNA was collected at 20, 24, 28 and 33 °C and 18, 36 and 50 PSU at 20 and 28 °C, to address changes in gene expression patterns. Our results show that low temperature and salinity had the largest impact on the growth rate of RS9907. However, while FV/FM decreased towards low salinity, this parameter remained similar between different growth temperatures. This suggests that low salinity inhibits PSII activity, irrespective of temperature acclimation conditions. The transcriptomic analysis revealed changes in gene expression patterns at contrasting thermal and salinity conditions. Altogether, these experiments allow us to identify the physiological response to temperature and salinity of the marine model strain RS9907, which could serve as a model for the response of *Synechococcus* in a warmer and fresher future ocean.

Financiación

Convocatorias 2018

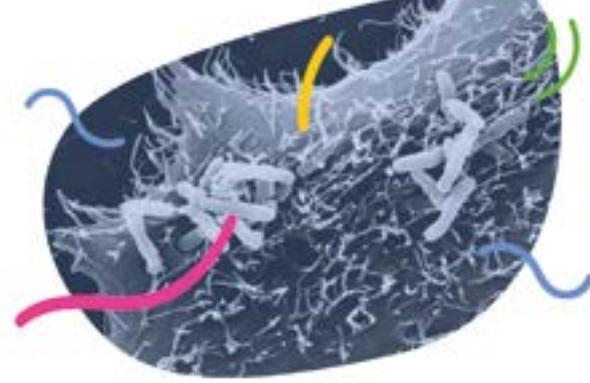
Proyectos de I+D de GENERACIÓN DE CONOCIMIENTO y Proyectos de I+D+i RETOS INVESTIGACIÓN

Referencias

1. Flombaum P, Gallegos JL, Gordillo RA, et al. Present and future global distributions of the marine Cyanobacteria *Prochlorococcus* and *Synechococcus*. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2013;110(24):9824-9829. doi:10.1073/pnas.1307701110
2. Pittera J, Humily F, Thorel M, Grulois D, Garczarek L, Six C. Connecting thermal physiology and latitudinal niche partitioning in marine *Synechococcus*. *ISME J*. 2014;8(6):1221-1236. doi:10.1038/ismej.2013.228
3. Breton S, Jouhet J, Guyet U, et al. Unveiling membrane thermoregulation strategies in marine

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



- picocyanobacteria*. *New Phytol.* 2020;225(6):2396-2410. doi:10.1111/nph.16239
4. Mackey KRM, Paytan A, Caldeira K, et al. Effect of temperature on photosynthesis and growth in marine *Synechococcus* spp. *Plant Physiol.* 2013;163(2):815-829. doi:10.1104/pp.113.221937
5. Varkey D, Mazard S, Ostrowski M, Tetu SG, Haynes P, Paulsen IT. Effects of low temperature on tropical and temperate isolates of marine *Synechococcus*. *ISME J.* 2016;10(5):1252-1263. doi:10.1038/ismej.2015.179
6. Los DA, Murata N. Responses to cold shock in cyanobacteria. *J Mol Microbiol Biotechnol.* 1999;1(2):221-230.
7. Allakhverdiev SI, Sakamoto A, Nishiyama Y, Inaba M, Murata N. Ionic and osmotic effects of NaCl-induced inactivation of photosystems I and II in *Synechococcus* sp. *Plant Physiol.* 2000;123(3):1047-1056. doi:10.1104/pp.123.3.1047
8. Allakhverdiev SI, Murata N. Salt stress inhibits photosystems II and I in cyanobacteria. *Photosynth Res.* 2008;98(1-3):529-539. doi:10.1007/s11220-008-9334-x
9. Xia X, Lee P, Cheung S, Lu Y, Liu H. Discovery of Euryhaline Phycoerythrobilin-Containing *Synechococcus* and Its Mechanisms for Adaptation to Estuarine Environments. *mSystems.* 2020;5(6). doi:10.1128/mSystems.00842-20
10. Guyet U, Nguyen NA, Doré H, et al. Synergic Effects of Temperature and Irradiance on the Physiology of the Marine *Synechococcus* Strain WH7803. *Front Microbiol.* 2020;11(July):1-22. doi:10.3389/fmicb.2020.01707



#422 IMPACTO DE SUCEVAS OLAS DE CALOR EN LA RESILIENCIA, DIVERSIDAD Y ACTIVIDAD DE LOS MICROORGANISMOS DEL MAR MEDITERRÁNEO

María Álvarez Sánchez¹, Laura Carmona Valenzuela¹, Lucía Maestre Carballa¹, Aitana Llorenç Vicedo¹, Francisco Martínez Hernández^{1,2}, Behzad Mostajir^{3,4}, Francesca Vidussi^{5,4}, Victoria J. Orphan⁶, Manuel Martínez García⁷.

¹(Universidad de Alicante, Alicante, España)

²(California Institute of Technology, California, Estados Unidos)

³(CNRS, Montpellier, Francia)

⁴(Universidad de Montpellier, Montpellier, Francia)

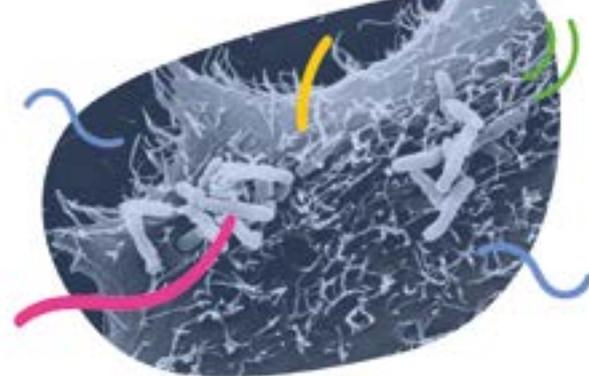
⁵(French National Centre for Scientific Research, Montpellier, Francia)

⁶(CNRS, California, Estados Unidos)

⁷(French National Centre for Scientific Research, Alicante, España)

Resumen de la comunicación

Los microorganismos marinos (bacterias y virus) tienen un papel importante en el ciclo biogeoquímico de los nutrientes, ya que contribuyen al reciclaje y remineralización de elementos esenciales en los océanos. Derivado del cambio climático y del calentamiento global, en el Mar Mediterráneo se ha observado un aumento en la frecuencia de sucesivas olas de calor, las cuales podrían alterar la resiliencia y la estructura de las comunidades microbianas. Hemos analizado el impacto de sucesivas olas de calor en los microorganismos del Mar Mediterráneo durante un experimento con mesocosmos in situ durante 20 días dentro del proyecto EuropeanAquacosc-plus-TA en CNRS-MEDIMER (Sète, Francia). De acuerdo al Panel Intergubernamental del Cambio Climático, se tomó como referencia un escenario de incremento de temperatura de los mesocosmos tratados (1700L agua de mar) de 5°C cada 5 días, continuándole un periodo sin aumento de temperatura. Se analizó el impacto del incremento de temperatura en la diversidad, abundancia y actividad metabólica de las comunidades microbianas y víricas empleando una combinación de distintas técnicas moleculares basadas en el estudio del rRNA 16S junto con metagenómica y citometría de flujo, así como el uso de metodologías novedosas, como BONCAT, la cual detecta los cambios en la actividad de traducción de proteínas mediante un marcaje fluorescente de las proteínas de nueva síntesis. Este método se basa en la incorporación de un aminoácido homólogo a metionina en las proteínas de nueva síntesis, el cual reaccionará mediante química CLICK (reacción catalítica de ciclo-adición de un grupo alquino y un grupo azida) con un fluoróforo modificado dando lugar a fluorescencia de las células y virus metabólicamente activas. Es por ello que en este estudio se pretende identificar aquellos miembros de las comunidades microbianas y víricas más activos que contribuyan en procesos claves y que se vean más afectados por el incremento de temperatura.



COMUNICACIONES ORALES

Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación

#128 MECHANISTIC UNDERSTANDING OF RECALCITRANT PLASTIC BIODEGRADATION

Vinko Zadjelovic^{1,2}, Theo Obrador-Viel³, Maria Del Mar Aguiló-Ferretjans³, Rafael Bosch³, Balbina Nogales³, Joseph A. Christie-Oleza³.

¹(University of Antofagasta, Antofagasta, Chile)

²(University of Warwick, Coventry, Reino Unido)

³(University of the Balearic Islands, Palma, España)

Resumen de la comunicación

Polyethylene (PE), polypropylene and polystyrene are some of the most recalcitrant carbon-based synthetic materials produced and, currently, the most ubiquitous plastic pollutants found in nature. Over time, combined abiotic and biotic processes are thought to eventually breakdown these recalcitrant materials. Despite limited evidence of biological PE degradation and speculation that hydrocarbon-degrading bacteria found within the plastisphere is an indication of biodegradation, there is no clear mechanistic understanding of the process (Wright et al 2020). Here, we present novel methods to unequivocally assess plastic biodegradation by marine and terrestrial microorganisms, i.e. using stable isotope probing and microbial acquisition of the isotopic signature of the plastic. Using high-throughput sequencing and proteomics, we have determined the molecular processes that take place in plastic-degrading bacteria when grown in the presence of PE (Zadjelovic et al 2022) and other recalcitrant plastics. As well as efficiently utilising and assimilating the leachate of weathered PE, some bacteria can acquire the isotopic signature of pristine plastic and induce an extensive array of metabolic pathways for aliphatic compound degradation. Presumably, the primary biodegradation of recalcitrant plastics by bacteria is possible via the production of extracellular reactive oxygen species as observed both by the material's surface oxidation and measurements of superoxide. Our findings confirm that hydrocarbon-biodegrading bacteria within the plastisphere may in fact have a role in degrading recalcitrant plastics.

Financiación

Project PID2019-109509RB-I00 funded by MCIN/AEI /10.13039/501100011033. Grant RYC-2017-22452 funded by MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and "ESF Investing in your future".

Referencias

Wright, R.J.; Erni-Cassola, G.; Zadjelovic, V.; Latva, M.; Christie-Oleza, J.A.* (2020) Marine plastic debris: a new surface for microbial colonization. *Environmental Science & Technology*, 54: 11657–11672. doi: 10.1021/acs.est.0c02305.

Zadjelovic, V.; Erni-Cassola, G.; Obrador-Viel, T.; Lester, D.; Eley, Y.; Gibson, M.I.; Dorador, C.; Golyshin, P.N.; Black, S.; Wellington, E.M.H.; Christie-Oleza, J.A.* (2022) A mechanistic understanding of polyethylene biodegradation by the marine bacterium *Alcanivorax*. *J. of Hazardous Materials*, 436: 129278. doi: 10.1016/j.jhazmat.2022.129278.



#160 EFECTO DE XENOBIÓTICOS EN LA MICROBIOTA INTESTINAL MEDIANTE DATOS COMBINADOS DE CULTIVO EN ESTACIÓN DE ANAEROBIOSIS Y 16S RRNA AMPLICON-METAGENÓMICA

Pilar Ortiz, Antonio Matilla Serrano, Alfonso Torres Sánchez, Ana López Moreno, Mercedes Monteoliva Sánchez, Alicia Ruiz Rodríguez, Margarita Aguilera, Gracia Luque. ¹

¹(Laboratorio de Microbiota. Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos "José Mataix" (INYTA), Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

La salud de los ecosistemas expuestos a plásticos, fármacos, químicos etc. de origen antrópico además de repercutir directamente en la salud global (concepto One Health) afecta también a las comunidades microbianas con un impacto estrecho y bidireccional en el balance salud/enfermedad. El enfoque de la toxicomicrobiómica estudia la interacción microbioma-xenobiótico, y tiene como principal objetivo identificar taxones beneficiosos de la microbiota intestinal con potencial para metabolizar y/o degradar y biotransformar xenobióticos como propuesta hacia la búsqueda biotecnológica de probióticos de nueva generación. Bajo la premisa de que las bacterias intestinales son difícilmente cultivables persiste una gran brecha en el conocimiento de los componentes microbianos del ecosistema intestinal humano debido a pruebas insuficientes. Las bacterias anaerobias son el grupo dominante de la microbiota intestinal humana y su cultivo es un reto para los laboratorios de microbiología, pues requieren un equipo específico que proporcione un entorno sin oxígeno (Whitley Anaerobic Workstations). El objetivo principal del trabajo fue aislar en anaerobiosis especies de la microbiota con capacidad para tolerar el xenobiótico bisfenol A (BPA) y observar si se asociaban con perfiles diferenciales de pacientes. Para ello, se expusieron muestras fecales de 31 niños con perfiles de normopeso, sobrepeso y obesidad a 50 ppm de BPA durante 10 días. El enfoque de la culturómica unida a MALDI-TOF permitió la búsqueda de especies resistentes mediante un seguimiento temporal del crecimiento lento y rápido de los microorganismos en medio COS y rumen a las 24h, 15 y 30 días. Paralelamente, el análisis del amplicón V3-V4 16S rRNA que permitió conocer el efecto de selección de especies por el efecto del xenobiótico sobre la composición y biodiversidad de la microbiota. La exposición a BPA modifica de forma significativa la composición de la microbiota, reduciendo cuantitativamente la abundancia y crecimiento bacteriano, asimismo la composición.

Financiación

Proyecto Excelencia Junta de Andalucía 21.00341

Financiación

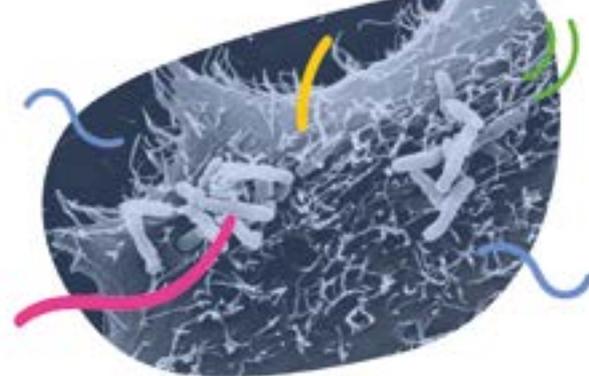
<https://twitter.com/MicrobiotaUGR>

Referencias

López-Moreno, A.; Acuña, I.; Torres-Sánchez, A.; Ruiz-Moreno, Á.; Cerk, K.; Rivas, A.; Suárez, A.; Monteoliva-Sánchez, M.; Aguilera, M. Next Generation Probiotics for Neutralizing Obesogenic Effects: Taxa Culturing Searching Strategies. *Nutrients* 2021, 13, 1617, doi:10.3390/nu13051617.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#172 CARACTERIZACIÓN DE LOS GENES INVOLUCRADOS EN LA DEGRADACIÓN DE ÁCIDO 4-AMINO BUTÍRICO Y 5-AMINOVALÉRICO EN PSEUDOMONAS PUTIDA U

Luis Getino Alonso, Jose Luis Martín Fernández, Alejandro Chamizo Ampudia, Sonia Garrido Chamorro, Carlos Barreiro Méndez, José María Luengo Rodríguez, Elías Rodríguez Olivera. ¹

¹ (Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

La putrescina y la cadaverina son poliaminas biogénicas cuya presencia en la alimentación de los seres humanos puede causar problemas de salud, como náuseas, diarrea, vómitos pudiendo incluso favorecer la aparición de agentes carcinogénicos (nitrosaminas). Su catabolismo en diferentes bacterias transcurre mediante su biotransformación en los intermediarios metabólicos ácido 4-aminobutírico (GABA) desde la putrescina y el ácido 5-aminovalérico (DAVA) a partir de cadaverina. Estos intermediarios también pueden aparecer en los alimentos debido a la degradación de las poliaminas, o ser producidos por la acción de la microbiota intestinal sobre estas aminas biogénicas. En el caso del GABA, como neurotransmisor, participa en el eje intestino-cerebro. La bacteria *Pseudomonas putida* U es una γ -proteobacteria con una enorme capacidad catabólica pudiendo utilizar la cadaverina y la putrescina como fuentes de carbono y energía. En su genoma aparecen 2 genes que codifican una 4-aminobutirato aminotransferasa (*gabT*) y una aldehído deshidrogena (*gabD*) capaces de transformar el GABA y el DAVA hasta intermediarios del metabolismo central. También se ha identificado un sistema de transporte para la adquisición de estas poliaminas desde el medio de cultivo. En este trabajo se han generado cepas mutantes de *P. putida* U afectadas en los genes *gabD* y *gabT*, y otras cepas modificadas genéticamente. Los mutantes crecían en putrescina y cadaverina como fuente de carbono, pero eran incapaces de degradar GABA y DAVA. Sin embargo, la presencia de bajas concentraciones de putrescina en los medios de cultivo permitió el crecimiento de las cepas mutantes utilizando los intermediarios como fuente de carbono. En el genoma de *P. putida* U aparecen otros 2 genes potencialmente parálogos del que codifica la 4-aminobutirato aminotransferasa. Todo ello sugiere la presencia de más de un gen implicado en el catabolismo de estos compuestos, con una posible regulación diferencial entre ellos.

Financiación

Junta de Castilla y León a través de la subvención LE250PE20 (Programa de apoyo a proyectos de investigación cofinanciadas por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER)).



#176 EL ARSENOMA DE AROMATOLEUM SP. CIB Y SUS APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS

Elena Alonso Fernandes¹, Gonzalo Durante Rodríguez¹, Irene Cano Sánchez¹, Sara García Salgado², M. Ángeles Quijano², Eduardo Díaz¹, Manuel Carmona¹.

¹(CIB Margarita Salas, CSIC, Madrid, España)

²(ETSICCyP – Edif. Retiro, UPM, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Debido a la abundancia y toxicidad del arsénico, muchos organismos han desarrollado diferentes estrategias de interacción con este metaloide, i.e., mecanismos de resistencia/detoxificación y mecanismos metabólicos de estado redox que utilizan el arsénico como aceptor final o fuente de electrones¹. La beta-proteobacteria *Aromatoleum* sp. CIB es un bacilo anaerobio facultativo capaz de interactuar con la raíz de ciertas plantas (e.g., arroz), y de resistir concentraciones moderadas de arsénico. En este trabajo presentamos los resultados de un análisis genómico, transcriptómico y funcional de la bacteria CIB cultivada en presencia de arsénico, lo que nos ha permitido identificar el arsenoma de este microorganismo. Se ha caracterizado el cluster *arsRCDAB* relacionado con la resistencia a arsenito/arsenato y el cluster *arx*, responsable de la oxidación anaerobia de arsenito². Además, el estudio genómico ha identificado los genes *arsP*, que codifica un presunto transportador de especies metiladas de arsénico, *arsS*, que codifica una enzima SAM-dependiente relacionada con la síntesis de arsenoazúcares³, y *arsM*, el cual se ha sobreexpresado y caracterizado como una SAM-metiltransferasa de arsenito que produce ácido dimetilarsínico (DMA(V)). Por otro lado, se ha caracterizado el regulador transcripcional *ArsR* que responde a arsenito como inductor y controla la expresión del operón *arsRCDAB*, si bien no parece estar implicado en la regulación de otros genes del arsenoma de la cepa CIB. Todo este nuevo conocimiento del arsenoma de CIB nos ha permitido definir el mapa de la respuesta molecular de *Aromatoleum* sp. CIB a la presencia de arsenito, explorar el uso de nuevas proteínas *Ars* para la construcción de biosensores específicos de arsenito, y plantear el uso de la cepa CIB como agente bioprotector de plantas de arroz en suelos contaminados con arsénico.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por la AEI (PID2019-110612RB-I00 y TED2021-132135B-I00) y por el Ministerio de Universidades a través de una beca FPU (FPU17-02630).

Referencias

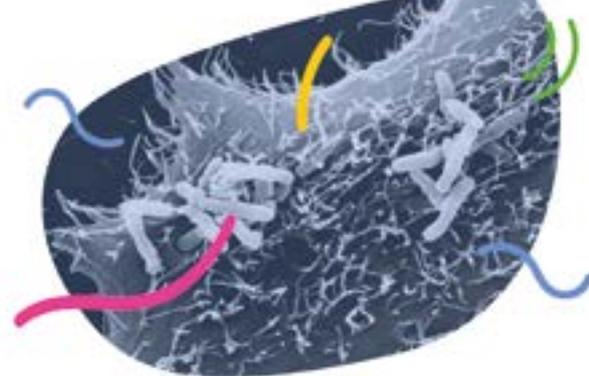
1- Yan y col. (2019). *Curr. Gen.* 65:329–338.

2- Durante y col. (2019). *Front. Microbiol.* 10:1699.

3- Cheng y col. (2021). *Angew. Chem. Int. Ed.* 60: 7570–7575.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#187 PROTEÍNAS IMPLICADAS EN LA REDUCCIÓN Y BIOTRANSFORMACIÓN DEL SE(VI) EN LA BACTERIA STENOTROPHOMONAS BENTONITICA BII-R7: ESTUDIOS MULTIDISCIPLINARES

Guillermo Lazúen López¹, Eduardo Pérez Muelas¹, Raúl E. Linares Jiménez², Miguel Angel Ruiz Fresneda¹, Margarita López Fernández¹, Mohamed Larbi Merroun¹.

¹(Universidad de Granada, Granada, Granada)

²(Helmholtz-Zentrum Dresden-Rossendorf, Dresden, Alemania)

Resumen de la comunicación

El selenio (Se) es un micronutriente esencial para el metabolismo celular. Sin embargo, a altas concentraciones también puede convertirse en un contaminante [1]. La toxicidad de este elemento depende de su estado de oxidación, siendo el selenato [Se(VI)] y selenito [Se(IV)] las formas más tóxicas, al ser más móviles, y por ello más biodisponibles. Una de las estrategias planteadas para reducir la toxicidad de este elemento es la biorremediación mediante el uso de microorganismos. En esta línea, los estudios llevados a cabo en nuestro grupo de investigación han demostrado la capacidad de la cepa *Stenotrophomonas bentonitica* BII-R7 de reducir enzimáticamente el Se(VI) y Se(IV) a Se(0), formando nanopartículas de Se(0) (SeNPs) [2][3]. Sin embargo, se desconocen los mecanismos moleculares implicados en este proceso. El presente trabajo pretende identificar las enzimas implicadas en la reducción del Se(VI). Para ello, se separaron las diferentes fracciones celulares y se enfrentaron a 200mM de Se(VI) en presencia y ausencia de NADH como donador de electrones. Mediante ICP-MS se cuantificó la tasa de reducción de Se(VI) de las fracciones celulares del citoplasma y de la membrana total, obteniendo en ambas un 90% de reducción a tiempo 1 mes. Las SeNPs fueron analizadas mediante HAADF-STEM, observando nanoesferas de estructura amorfa rodeadas de una capa proteica (presencia de grupos tiol) a tiempo 1 mes. Finalmente, mediante SDS-PAGE y secuenciación de las bandas proteicas de cada fracción por nLC-MS/MS se identificaron varias proteínas con actividad oxidoreductasa, factores de transporte de membrana como TonB y varias chaperonas reguladas al alza. Los resultados indicaron que en el proceso de reducción de Se(VI) puede haber varios mecanismos moleculares implicados. Los datos obtenidos nos acercan al entendimiento de las bases moleculares de este proceso, fundamentales para comprender el proceso de biorremediación y optimizar estrategias efectivas en la eliminación del selenio del ambiente.

Financiación

Proyecto Europeo "Sustainable Remediation of Radionuclide Impacts on Land and Critical Materials Recovery". Twinning (HORIZON-WIDERA-2021-ACCESS-03)

Referencias

[1] Piacenza (2018) *Biosorption in Tech.* <https://doi.org/10.5772/intechopen.72096>

[2] Pinel-Cabello (2021). *J. Haz. Mart.* 4(18) <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2021.126150>

[3] Ruiz-Fresneda, M. A. (2018). *EVS: Nano*, 5(9): 2103-2116 doi.org/10.1008/1680-915-738-8



#203 HUESO COMO BIOADSORBENTE PARA LA ELIMINACIÓN DE BACTERIAS

Tamara Pozo Gualda, Alejandro Rodríguez Navarro, Concepción Jiménez López.¹

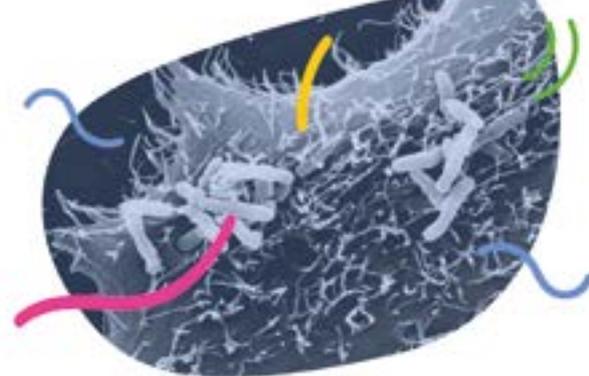
¹(Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

La contaminación del agua doméstica por bacterias potencialmente peligrosas y otros microbios es un problema común, que puede causar enfermedades gastrointestinales de corto plazo. El desarrollo de procedimientos que utilizan materiales respetuosos con el medio ambiente (preferiblemente residuos) con altas capacidades de retención bacteriana es un enfoque interesante. En este contexto, el hueso de pollo es un residuo de la industria alimentaria, compuesto principalmente por una fase inorgánica (apatita carbonatada nanocristalina) mineralizando una matriz orgánica (principalmente colágeno tipo I). Los tratamientos térmicos pueden cambiar las características del mineral y la matriz orgánica, lo que resulta en un material con mayor microporosidad y mayor reactividad superficial. Por lo tanto, el hueso tratado térmicamente se puede utilizar como adsorbente eficiente para diferentes compuestos y/ o microorganismos. Con el aumento de la temperatura cambian las propiedades óseas debido a la deshidratación, pérdida de componentes orgánicos y recristalización del mineral. Para obtener el mineral óseo desprotegido, los huesos se tratan a 600°C, ya que la combustión de la mayoría de los componentes orgánicos se produce hasta 600°C. Este proceso de calcinación elimina todos los patógenos y crea microporosidad adicional, aumentando la superficie. Nuestros resultados muestran que los huesos calcinados colocados en un cultivo bacteriano, tienen una mayor capacidad de adsorción de microorganismos que los huesos no tratados. Además, hemos estudiado la capacidad de adsorción bacteriana de diferentes tipos de hueso (cortical y medular), sometidos a diferentes temperaturas de calcinación (400°C, 600°C y 800°C) que difieren en su porosidad y reactividad, como prueba del concepto de tecnología verde y sostenible que involucra el reciclaje de desechos óseos para la adsorción bacteriana de muestras acuosas.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#245 BACTERIAS MARINAS QUE COLONIZAN PLÁSTICOS SUMERGIDOS: APROXIMACIÓN MULTIFACTORIAL PARA EL AISLAMIENTO DE POTENCIALES DEGRADADORES.

Pamela Jael Colman-Vega¹, M. Del Mar Aguiló-Ferretjans¹, Theo Obrador-Viel¹, Rafael Bosch^{1,2}, Joseph A. Christie-Oleza¹, Balbina Nogales¹.

¹(Microbiología. Departamento de Biología, Universidad de las Islas Baleares (UIB), Palma, España)

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

Resumen de la comunicación

La creciente demanda de plásticos y la gestión deficiente de los residuos ha provocado la acumulación de estos polímeros, particularmente en ambientes marinos. Por ello, estos ambientes son una fuente potencial de microorganismos capaces de degradar plásticos. Sin embargo, el número de microorganismos marinos degradadores de plásticos aún es escaso. A esto se añade el hecho de que solo se conocen algunos de los mecanismos de degradación que utilizan los microorganismos y las tasas de degradación de plásticos son bajas. En este proyecto se han aislado bacterias potencialmente degradadoras de plásticos de ambientes marinos mediante un método de selección y enriquecimiento, basado en la incubación de perlas de plástico in situ en dos ambientes marinos (puerto y aguas limpias). Las variables ensayadas fueron: lugar y duración de la inmersión, tipo de material plástico (polietileno, poliestireno y tereftalato de polietileno), envejecido o no, recubierto o no con hidrocarburos, y fuente de carbono utilizada en dos enriquecimientos sucesivos antes del aislamiento. Se ha obtenido una colección de alrededor de 300 bacterias para las que se ha ensayado el crecimiento en diferentes plásticos como única fuente de carbono. Para la identificación de los aislados se realizó un cribado primario mediante análisis MALDI-TOF y posterior secuenciación de 16S ARN ribosómico. El tipo de ambiente marino en el que se sumergieron las perlas de plástico ha resultado ser un factor importante en la selección de diferentes géneros bacterianos. El análisis del número de aislados y su identificación en función de los diferentes parámetros utilizados para la selección y el enriquecimiento permitirá definir mejores estrategias de aislamiento de bacterias marinas degradadoras de plásticos. La colección de bacterias generada en este estudio es la base para la realización de análisis ómicos que permitan descubrir nuevos mecanismos de degradación de plásticos por bacterias marinas.

Financiación

Proyecto PID2019-109509RB-I00 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033.



#330 UTILIZACIÓN DE SENSORES BIOELECTROQUÍMICOS EN MESOCOSMOS EXTERIORES DE SUELO POSTCOSECHA DE ARROZAL DEL DELTA DEL EBRO

Marc Viñas ¹, Maite Martínez-Eixarch ², Abraham Esteve-Núñez ³, Antonio Berna ⁴, Belén Fernández ¹, Yolanda Lucas ¹, Cristy Medina-Armijo ¹, Miriam Guvernau ¹, Joan Noguerol ¹, Carles Alcaraz ².

¹ (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Caldes De Montbui, España)

² (Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), La Ràpita, España)

³ (Universidad de Alcalá de Henares, Alcalá De Henares, España)

⁴ (Instituto IMDEA Agua, Alcalá de Henares, Alcalá De Henares, España)

Resumen de la comunicación

La descomposición de la paja enterrada en arrozales durante la postcosecha genera ácidos grasos volátiles (AGV), activando así la metanogénesis¹. En este estudio, se utilizaron sensores bioelectroquímicos para medir la corriente eléctrica in-situ producida por microorganismos exoelectrogénicos del suelo de arrozal, relacionada con la biodegradación de la paja enterrada en mesocosmos exteriores en el Delta del Ebro. Se utilizaron 3 biosensores (BS1-BS3), basados en celdas bioelectroquímicas enterradas en el suelo (-10 cm), en 3 mesocosmos de arrozal, con un potencial fijo de bioánodo de +0,2V (vs Ag/AgCl). Durante el periodo noviembre 2022-marzo 2023 se monitorizó la producción de corriente eléctrica del suelo mediante cronoamperometría. La presencia de biofilms exoelectrogénicos en los electrodos se estudió mediante voltametría cíclica (VC). Simultáneamente, se monitorizaron parámetros químicos del suelo (DQO total y soluble, AGV y emisión de CH₄), y se estudió la diversidad microbiana (bacterias, arqueas y hongos) del suelo y del biofilm de los electrodos mediante 16S rRNA/ITS-metabarcoding. La cronoamperometría en BS1-BS3 mostró una curva acentuada de producción de corriente a partir del tercer-quinto día de adición de la paja (I_{max} de 4,26-6,91 μA · cm⁻² electrodo a los 10 días), manteniéndose por encima de la línea de base en los siguientes 30-45 días, y coincidiendo con una acumulación de AGV (69-28 mg-eq Acético kg⁻¹ suelo a los 7-40 días), y una emisión elevada de CH₄ (198,1±101,0 mg C-CH₄ · m⁻² suelo · h⁻¹) a los 7d. La voltametría cíclica mostró un perfil exoelectrogénico en los 3 biosensores, similar en BS1-BS2 (pico de oxidación -0,16/-0,22 V vs Ag/AgCl, similar a Geobacter), y diferente en BS3 (pico oxidación +0,26 V vs Ag/AgCl), indicando la presencia de comunidades microbianas exoelectrogénicas diferentes. Los resultados indicarían la capacidad de los biosensores para detectar procesos activos de biodegradación in-situ de la paja enterrada en el suelo de arrozales.

Financiación

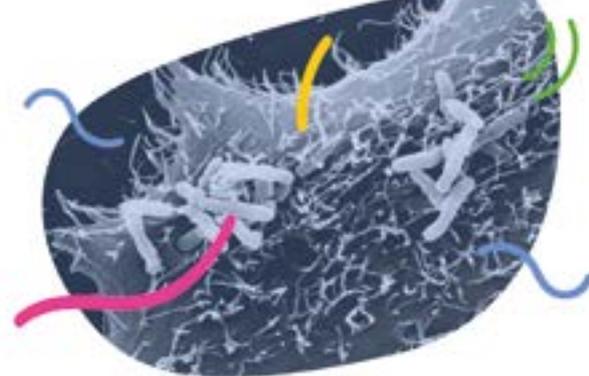
Agencia Estatal de Investigación: PID2019-111572RB-I00/AEI/10.13039/501100011033.

Referencias

1. Martínez-Eixarch, M., Alcaraz, C., Viñas, M., Noguerol, J., Aranda, X., Prenafeta-Boldú, F. X., Saldaña-De la Vega, J.A., Català, M.M. & Ibáñez, C. (2018). Neglecting the fallow season can significantly underestimate annual methane emissions in Mediterranean rice fields. *PLoS One*, 13(5), e0198081. DOI: 10.1371/journal.pone.0202159

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



COMUNICACIONES ORALES

Docencia y Difusión de la Microbiología

#270 CIENTÍFICAS DEL CELULOIDE: MICROBIÓLOGAS, BIOQUÍMICAS E INMUNÓLOGAS EN LAS ARTES CINEMATográfICAS

Elena Martín-Orozco Santiago¹, Manuel Sánchez Angulo².

¹(Departamento de Bioquímica y Biología Molecular B e Inmunología. Universidad de Murcia, Murcia, España)

²(Departamento de Producción Vegetal y Microbiología. Universidad Miguel Hernández., Elche, España)

Resumen de la comunicación

El cine es un poderoso creador de iconos culturales. Si obviamos el género documental, las representaciones de los aspectos científicos en el séptimo arte no tienen por qué ser fieles a la realidad ya que en muchas ocasiones se sacrifica la verosimilitud en aras del espectáculo. Además, las películas son creadas en unas determinadas condiciones históricas y sociales, lo que se puede ver reflejado en los argumentos y en la creación de los personajes, que pueden ser arquetipos distorsionados y nada realistas. Son varias las científicas que han sido representadas en el cine y que son muy famosas para el gran público. Algunas son figuras históricas como Marie Curie, Florence Nightingale o Dian Fossey. En otras ocasiones son personajes inventados como la astrónoma Ellie Arroway en Contact o la paleontóloga Ellie Sattler de Parque Jurásico. Nos hemos planteado hasta qué grado es realista la representación de las científicas pertenecientes a los campos de la microbiología, la bioquímica, la biología molecular y la inmunología. Hemos seleccionado quince películas realizadas para el gran público en las que las científicas son protagonistas o co-protagonistas y tienen papeles activos en su campo del conocimiento. Posteriormente hemos analizado dichos personajes bajo dos ópticas diferentes. Por un lado, aplicando las cualidades que definen a un científico tal y como fueron descritas por Hans Krebs (1). Por otro, aplicado los criterios de Eva Flicker para determinar el estereotipo cinematográfico femenino representado (2). Nuestros resultados muestran que, en su mayor parte, las científicas del celuloide de esas quince películas poseen las cualidades necesarias para ser grandes investigadoras y que incluso algunas de ellas representan nuevos tipos de arquetipos cinematográficos no descritos previamente en personajes femeninos, como por ejemplo la "científica loca" (mad scientist) o la "experta profesional".

Referencias

1. Hans A. Krebs. *The Making of a Scientist*. *Nature* 215 (1967). 1441-1445

2. Eva Flicker. *Between brains and breasts—women scientists in fiction film: on the marginalization and sexualization of scientific competence*. *Public Understanding of Science*. 12 (2003). 307-318.



#325 SI LAS BACTERIAS EVOLUCIONAN, NOSOTROS TAMBIÉN. SWICEU: INNOVACIÓN Y GAMIFICACIÓN EN LA EDUCACIÓN Y DIFUSIÓN SOBRE LAS RESISTENCIAS ANTIMICROBIANAS

Antonio Tarín-Pelló , Elisa Marco Crespo, Beatriz Suay-García , Carolina Galiana Roselló, Jose-Ignacio Bueso Bordils, M^a Teresa Pérez-Gracia.¹

¹(Universidad CEU Cardenal Herrera, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Las resistencias antimicrobianas son uno de los mayores peligros a los que se enfrenta la sociedad actual. Las bacterias se encuentran en continua evolución, resistiendo cada vez más a los antibióticos de los que disponemos. Una adecuada formación sobre temas como las resistencias antimicrobianas y el uso racional de los antibióticos es clave para crear una concienciación social capaz de ralentizar la velocidad a la que las bacterias adquieren dichas resistencias. Desde 2017, el equipo SWICEU ha desarrollado propuestas innovadoras para poder educar y concienciar sobre estos dos temas. Estas propuestas se componen de acciones formativas y soportes de gamificación, dentro de los cuales se encuentran soportes educativos lúdicos que facilitan la comprensión de las generaciones más jóvenes sobre el problema de salud que son las resistencias bacterianas y sobre la acción de los antibióticos. Para convertir estos temas en mainstream, se han seleccionado los medios de difusión de acuerdo a las tendencias actuales (Instagram, Twitter, Youtube, y medios de comunicación clásicos como medios televisivos, radio y prensa) y se han creado diferentes soportes de gamificación educativos para toda la población (Guías, marcapáginas, juegos de mesa, juegos interactivos, karaoke...). La difusión alcanzada por los distintos canales y soportes sobre las resistencias antimicrobianas o el buen uso de los antibióticos se ha visto reflejada mediante diferentes premios y reconocimientos. Estos galardones reflejan la importancia de crear estrategias novedosas y creativas para acercar la ciencia a toda la sociedad. Todo el contenido, creado desde la vocación del propio equipo SWICEU, representa la importancia de la difusión de temas como las enfermedades infecciosas y el uso racional de los medicamentos desde diferentes formatos, haciendo entender a la sociedad que todos podemos contribuir a mejorar la situación a través de un adecuado conocimiento y concienciación.

Financiación

Este proyecto ha sido financiado por la Fundación Española para la Ciencia y la Tecnología (FECYT), Ministerio de Ciencia e Innovación (FCT-19-14737), España; por el Programa CEU INNOVA (PI14B-SV-17, PI09B-SV-18, 342 PI68B-SV-19-20, y PI53B-SV-21) y el Vicerrectorado de Investigación (becas INDI18/34, INDI 19/39, INDI20/38 e INDI21/44) de la Universidad CEU Cardenal Herrera. Antonio Tarín-Pelló contó con el apoyo de CEINDO-SANTANDER (España).

Hipervínculo

<https://microinformando.wixsite.com/microinfo/quienes-somos>

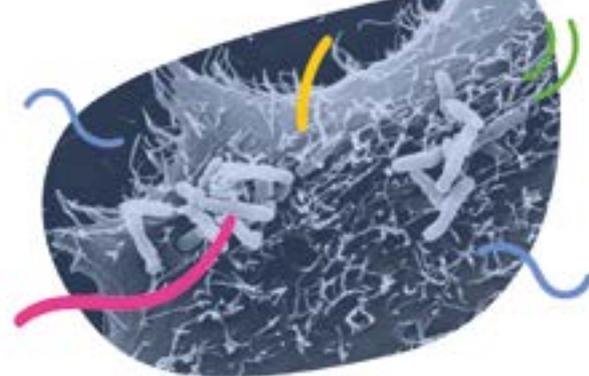
Referencias

Tarín-Pelló, A.; Suay-García, B.; Pérez-Gracia, MT. Antibiotic resistant bacteria: current situation and treatment options to accelerate the development of a new antimicrobial arsenal. *Expert Rev of Anti Infect Ther.* 2022, 1-14. DOI: 10.1080/14787210.2022.2078308

Tarín-Pelló A, Marco-Crespo E, Suay-García B, Galiana-Roselló C, Bueso-Bordils JI, Pérez-Gracia MT. Innovative

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



gamification and outreach tools to raise awareness about antimicrobial resistance. *Front Microbiol.* 2022, 15;13:977319. doi: 10.3389/fmicb.2022.977319.

Tarín-Pelló A, Suay-García B, Marco-Crespo E, Galiana-Roselló C, Bueso-Bordils JI, Pérez-Gracia MT. Evaluation of knowledge about antibiotics and engagement with a research experience on antimicrobial resistance between pre-university and university students for five school years (2017-2021). *Front Microbiol.* 2022,10;13:959187. doi: 10.3389/fmicb.2022.959187.

#416 ANÁLISIS DE LA ASIGNATURA DE MICROBIOLOGÍA EN LOS GRADOS DE MEDICINA EN ESPAÑA

Dolo Vidal Roig¹, Daniel Herrera Rodríguez^{1,2}, Francisca Colom Valiente^{3,4}.

¹ (Dpto. de Ciencias Médicas - Universidad de Castilla la Mancha, Ciudad Real, España)

² (IREC (Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos, CSIC), Ciudad Real, España)

³ (Facultad de Medicina - Universidad Miguel Hernández, Sant Joan D'Alacant, España)

⁴ (ISABIAL - Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante, Alicante, España)

Resumen de la comunicación

Las resistencias antimicrobianas son uno de los mayores peligros a los que se enfrenta la sociedad actual. Las bacterias se encuentran en continua evolución, resistiendo cada vez más a los antibióticos de los que disponemos. Una adecuada formación sobre temas como las resistencias antimicrobianas y el uso racional de los antibióticos es clave para crear una concienciación social capaz de ralentizar la velocidad a la que las bacterias adquieren dichas resistencias. Desde 2017, el equipo SWICEU ha desarrollado propuestas innovadoras para poder educar y concienciar sobre estos dos temas. Estas propuestas se componen de acciones formativas y soportes de gamificación, dentro de los cuales se encuentran soportes educativos lúdicos que facilitan la comprensión de las generaciones más jóvenes sobre el problema de salud que son las resistencias bacterianas y sobre la acción de los antibióticos. Para convertir estos temas en mainstream, se han seleccionado los medios de difusión de acuerdo a las tendencias actuales (Instagram, Twitter, Youtube, y medios de comunicación clásicos como medios televisivos, radio y prensa) y se han creado diferentes soportes de gamificación educativos para toda la población (Guías, marcapáginas, juegos de mesa, juegos interactivos, karaoke...). La difusión alcanzada por los distintos canales y soportes sobre las resistencias antimicrobianas o el buen uso de los antibióticos se ha visto reflejada mediante diferentes premios y reconocimientos. Estos galardones reflejan la importancia de crear estrategias novedosas y creativas para acercar la ciencia a toda la sociedad. Todo el contenido, creado desde la vocación del propio equipo SWICEU, representa la importancia de la difusión de temas como las enfermedades infecciosas y el uso racional de los medicamentos desde diferentes formatos, haciendo entender a la sociedad que todos podemos contribuir a mejorar la situación a través de un adecuado conocimiento y concienciación.



Financiación

Departamento de Ciencias Médicas de la UCLM.

#418 POR QUÉ ENTIENDES ABRACADABRA CUANDO QUIERO DECIR EUREKA?

Oscar J. Esteban Cabornero.¹

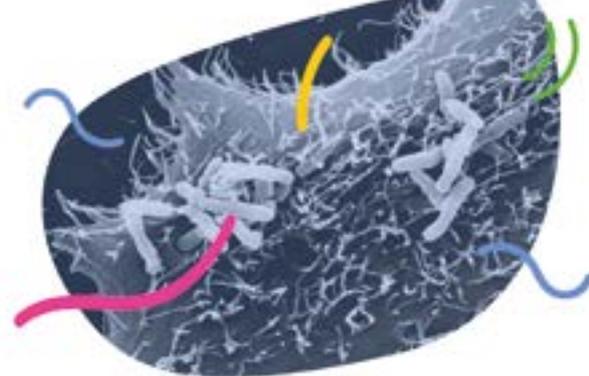
¹(Grupo Entrepinares, Valladolid, España)

Resumen de la comunicación

La microbiología como cualquier otra disciplina científica tiene una evolución en el aprendizaje y en la aplicación de los conocimientos adquiridos. Como toda especialización, nos aleja de la comprensión de otros científicos y mucho más aún del público en general. Más aún si cabe de personas con responsabilidad de gestión. La experiencia para compartir en esta ponencia es desde el punto de vista personal de un microbiólogo en diferentes organizaciones y desde diferentes puestos y funciones organizativas. El primer obstáculo ya lo encontramos en trabajar con lo invisible y en una escala no lineal. En las empresas, los microbiólogos somos capaces de muestrear y traer todo tipo de ininteligibles informes. También proponemos soluciones que no se entiende muy bien porque han funcionado. Además, nuestros hábitos son extraños: horarios, vestimenta, zona de trabajo, ... Si le unimos lenguaje propio, nombres impronunciados de taxones y que trabajamos literalmente con intangibles nos hacen difícil ser comprendidos por el que no es experto. Otra serie de obstáculos proviene de nosotros mismos. Si nos mantenemos inflexibles seremos muy precisos, aunque nuestro mensaje será extremadamente complejo y por lo tanto difícil de comprender. Y lo que no se comprende... da miedo. Si simplificamos el mensaje para hacernos comprender, pensaremos que hemos perdido el rigor. Todas las personas que trabajamos en microbiología tenemos ciertas cualidades que nos permiten aportar especial valor en las organizaciones (facultades, centro de investigación, empresas, ...) en las que desempeñamos nuestras funciones. La solución pasa por explotar nuestra ventaja competitiva. Podemos ser catalizador universidad-empresa. Nuestras conclusiones científicas permiten tomar decisiones acertadas de negocio y nuestra gestión permite mejorar las operaciones. Y todo ello siendo rigurosos, pedagógicos, emitiendo juicios basados en datos y liderando cambios beneficiosos para nuestro entorno.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#540 PRESENTACIONES INTERACTIVAS Y MINIVÍDEOS EN REDES SOCIALES PARA MOTIVAR E INCENTIVAR LA PARTICIPACIÓN DEL ALUMNADO: EXPERIENCIA PILOTO EN UNA ASIGNATURA DEL GRADO EN FARMACIA.

Lorena Carro, Belén Rubio, Encarna Velázquez, Pedro F. Mateos, Esther Menéndez.

¹(Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España. esthermenendez@usal.es)

Resumen de la comunicación

El presente proyecto está diseñado con la intención principal de incrementar la participación del alumnado de la asignatura Biotecnología Farmacéutica del Grado en Farmacia de la Universidad de Salamanca. Supone una mejora en las metodologías docentes impartidas por los profesores del área, creándose un diálogo abierto con los estudiantes, fomentando el aprendizaje y el interés por los procesos explicados dentro del programa de la asignatura. En este proyecto, se utilizaron dos abordajes: el uso de minivídeos dinámicos de corta duración para redes sociales y de presentaciones interactivas con el uso de la herramienta online Mentimeter, que permite elaborar presentaciones con retroalimentación en tiempo real. En un principio, esta última herramienta fue creada para fomentar la productividad en las reuniones de trabajo y no para su aplicación en docencia. Aun así, en la actualidad numerosos profesionales de la enseñanza universitaria lo han incorporado en sus clases y proyectos docentes (Hernández-Yáñez, 2022).

Los resultados obtenidos en este proyecto ponen de manifiesto que el alumnado tiene una actitud activa y los estudiantes mantienen una atención continua en el proceso de aprendizaje ya que, si no, no se ven capaces de responder adecuadamente a las preguntas interactivas. Con el uso de smartphones, tablets u ordenadores los alumnos se vuelven más participativos. Además, como los resultados se muestran en tiempo real, se pueden crear ajustes y tomar en cuenta las opiniones y avances del alumnado, mejorando la docencia de forma activa y pudiendo profundizar en conceptos que se observen como poco afianzados. Este proyecto se ha considerado como experiencia piloto y se buscará su implementación en otras asignaturas del Grado de Farmacia, debido en gran parte a la gran acogida que ha tenido la iniciativa por parte de los alumnos y la curiosidad de otros docentes en relación con el funcionamiento de Mentimeter.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Centro de Formación Permanente de la Universidad de Salamanca, a través del proyecto de Innovación Docente ID2021/062. EM agradece un contrato EU HORIZON 2020 Marie Skłodowska Curie Actions (Grant Agreement nº 897795)

Referencias

Hernández Yáñez L. (coord.) 2022. Jornada «Aprendizaje Eficaz con TIC en la UCM» ENERO 2022, Ediciones Complutense, ISBN (PDF): 978-84-669-3754-2



#541 TIKTOK COMO ALIADO PARA MOTIVAR LA DIVULGACIÓN DE LA MICROBIOLOGÍA POR ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS.

Teresa García-Martínez, Juan Carlos García-García, Andrés Bermúdez Luque, Juan J. Román-Camacho, M.Trinidad Alcalá-Jiménez, Juan Carlos Mauricio.

¹(Departamento Química Agrícola, Edafología y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, Córdoba, España mi2gamam@uco.es)

Resumen de la comunicación

El presente proyecto está diseñado con la intención principal de incrementar la participación del alumnado de la asignatura Biotecnología Farmacéutica del Grado en Farmacia de la Universidad de Salamanca. Supone una mejora en las metodologías docentes impartidas por los profesores del área, creándose un diálogo abierto con los estudiantes, fomentando el aprendizaje y el interés por los procesos explicados dentro del programa de la asignatura. En este proyecto, se utilizaron dos abordajes: el uso de minivideos dinámicos de corta duración para redes sociales y de presentaciones interactivas con el uso de la herramienta online Mentimeter, que permite elaborar presentaciones con retroalimentación en tiempo real. En un principio, esta última herramienta fue creada para fomentar la productividad en las reuniones de trabajo y no para su aplicación en docencia. Aun así, en la actualidad numerosos profesionales de la enseñanza universitaria lo han incorporado en sus clases y proyectos docentes (Hernández-Yáñez, 2022).

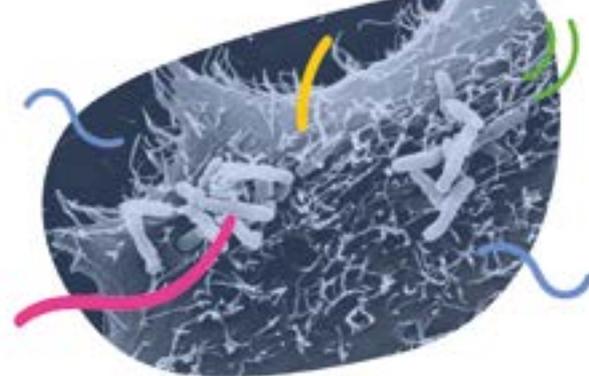
Los resultados obtenidos en este proyecto ponen de manifiesto que el alumnado tiene una actitud activa y los estudiantes mantienen una atención continua en el proceso de aprendizaje ya que, si no, no se ven capaces de responder adecuadamente a las preguntas interactivas. Con el uso de smartphones, tablets u ordenadores los alumnos se vuelven más participativos. Además, como los resultados se muestran en tiempo real, se pueden crear ajustes y tomar en cuenta las opiniones y avances del alumnado, mejorando la docencia de forma activa y pudiendo profundizar en conceptos que se observen como poco afianzados. Este proyecto se ha considerado como experiencia piloto y se buscará su implementación en otras asignaturas del Grado de Farmacia, debido en gran parte a la gran acogida que ha tenido la iniciativa por parte de los alumnos y la curiosidad de otros docentes en relación con el funcionamiento de Mentimeter.

Financiación

2022-1-2003. Herramienta educativa: teléfono móvil para la adquisición de competencias en el aula universitaria. Proyecto de Innovación Docente (Curso 2022/23). UCO.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#542 MICROORGANISMOS INFLUENCERS: DIVULGANDO EN REDES SOCIALES

Paula Ramiro-Martínez¹, Jerónimo Rodríguez-Beltrán^{1,2}.

¹(Departamento de Microbiología, Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRyCIS). Madrid, España.)

²(Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), Madrid, España.)

Resumen de la comunicación

La cuenta de Instagram @micrococos es un proyecto de divulgación científica nacido en 2019 para acercar a la población general al fascinante mundo de los microorganismos. En la cuenta se comparte información sobre diversos tipos de bacterias, hongos y otros microorganismos, sus funciones en la naturaleza y su relación con la salud humana. El objetivo principal es educar a la audiencia sobre la microbiología de una manera accesible y entretenida. Para ello, se utiliza un enfoque visualmente atractivo, combinando imágenes y videos con textos informativos y amigables que explican los conceptos científicos de manera sencilla y comprensible. Durante este tiempo se han compartido una amplia variedad de imágenes tomadas en el laboratorio, que muestran cómo se ven las diferentes especies bacterianas bajo el microscopio y cómo crecen en diferentes medios de cultivo, ofreciendo información detallada sobre las características morfológicas y bioquímicas de cada especie, lo que ayuda a la audiencia a aprender a identificarlas. En resumen, @micrococos es un proyecto de divulgación con más de 6.700 seguidores que tiene la finalidad de transmitir conocimientos científicos y hacerlos accesibles al público general, a través de una red social popular como Instagram. El enfoque pedagógico, así como el cuidado por la precisión científica hacen de este tipo de cuentas una valiosa herramienta para la educación y la difusión del conocimiento. Con esta iniciativa se busca promover la educación en microbiología y fomentar el conocimiento sobre la diversidad microbiana.

Hipervínculo

<https://www.instagram.com/micrococos>



#543 EDUCATIONAL NEEDS IN THE FOOD SYSTEMS MICROBIOME

Rocío Olmo^{1,2}, Evelyne Selberherr^{2,3}, Tanja Kostic⁴, Angela Sessitsch⁴, Martin Wagner^{2,3} & MicrobiomeSupport Consortium⁵.

¹(Dpto. Microbiology and Genetics. Institute for Agrobiotechnology Research (CIALE). University of Salamanca, Spain)

²(FFoQSI GmbH - Austrian Competence Centre for Feed and Food Quality, Safety and Innovation, Tulln, Austria.)

³(Unit of Food Microbiology, Institute of Food Safety, Food Technology and Veterinary Public Health, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria)

⁴(AIT Austrian Institute of Technology, GmbH, Bioresources Unit, Tulln, Austria. [5https://www.microbiomesupport.eu/project-partners/](https://www.microbiomesupport.eu/project-partners/))

⁵(<https://www.microbiomesupport.eu/project-partners/>)

Resumen de la comunicación

Microbiomes have crucial roles in maintaining life on Earth, and their functions drive human, animal, plant and environmental health. The microbiome research landscape is developing rapidly and is performed in many different science fields using similar concepts but mostly one (eco)system at-a-time. Thus, we are only starting to unravel and understand the interconnectedness of microbiomes across the (eco)systems. MicrobiomeSupport was a Coordination and Support Action with the overall objective to establish an international network of experts and stakeholders in the field of microbiome food systems research and assess the applicability and impact of the microbiomes on the food system. To achieve these, MicrobiomeSupport conducted mapping exercises (Meisner et al., 2022), proposed common terminology and standards (Berg et al., 2020), developed recommendations for strategic research and innovation agenda and developed educational materials for the citizens (<https://www.microbiomesupport.eu/resources/>). Within the MicrobiomeSupport project the Workshop "Education in Food Systems Microbiome Related Sciences: Needs for Universities, Industry and Public Health Systems" brought together researchers, academics, public health and industry partners from all over the world to work on elaborating microbiome-related educational needs in food systems microbiome. In this workshop, the necessity of defining the educational needs of microbiome-based research for public health bodies and precision food/medicine-based concepts and creating awareness about the academic implementation of microbiome-related learning goals and life-long learning concepts were also elaborated (Olmo et al., 2023).

Financiación

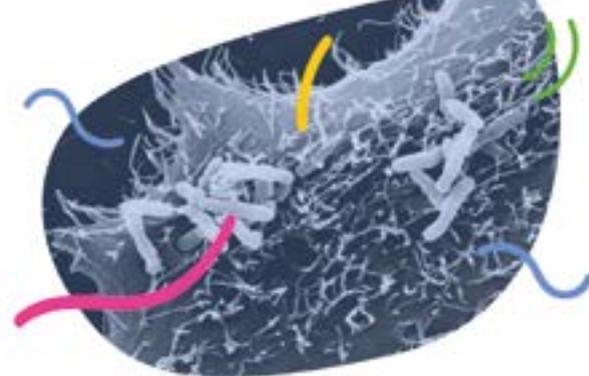
This work was supported by the European Union's Horizon 2020 R&I programme under grant agreement No. 818116 (MicrobiomeSupport).

Referencias

Berg et al., (2020) *Microbiome* 8: 1– 22. Meisner et al., (2022) *Current Opinion in Biotechnology* 73:171–178. Olmo et al., (2023). *Microbial Biotechnology*, Accepted.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#544 EL PROYECTO MICROMÓN@UAB EN CATALUNYA, 5 AÑOS DE CIENCIA CIUDADANA EN LAS AULAS DE SECUNDARIA Y BACHILLERATO.

Susana Campoy, Pau Conill, Jesús Aranda, María Pérez-Varela, Jordi Barbé, Montserrat Llagostera..

¹(Grup de Microbiologia Molecular, Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, 08913, España Susana.Campoy@uab.cat)

Resumen de la comunicación

El proyecto MicroMón@UAB es una propuesta de ciencia ciudadana enmarcada en el proyecto MicroMundo que a su vez forma parte del proyecto internacional Tiny Earth® para la búsqueda de nuevos antibióticos explorando la biodiversidad del suelo. En este caso, el proyecto adopta una estrategia de aprendizaje servicio que acerca la cultura científica y fomenta la vocación investigadora de alumnos de 4º de ESO y 1º de Bachillerato, a la vez que contribuye a mejorar la información y la conciencia ciudadana hacia la grave amenaza que representa, para la salud pública mundial, la falta creciente de antibióticos efectivos para el tratamiento de enfermedades infecciosas.

En su implementación en Catalunya, en estos 5 años ha implicado a más de 200 estudiantes de diferentes grados del ámbito de las Biociencias y de la Salud de la Universidad Autónoma de Barcelona quienes, acompañados por profesorado universitario especialista en Microbiología, han llevado a las aulas de más de 60 centros educativos un proyecto de investigación real en el que se recogen y se siembran muestras de suelo en condiciones estériles para buscar, dentro de la diversidad bacteriana de la muestra, bacterias productoras de antibióticos. Mas de 1.400 estudiantes han colaborado en la obtención de cepas productoras de antibióticos capaces de inhibir el crecimiento de una o más cepas bacterianas similares filogenéticamente a alguno de los patógenos ESKAPE, un grupo de especies bacterianas que se caracterizan por su elevado grado de multiresistencia frente a los antibióticos existentes.

Después de estos años se presentan los datos obtenidos hasta el momento, no sólo a nivel científico, determinando el espectro de resistencia de las cepas aisladas, sino también se analizan las respuestas de los distintos actores del proyecto a los cuestionarios de evaluación que se han realizado en todas las ediciones.



COMUNICACIONES ORALES

Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

#51 THE SCO1897 TRANSCRIPTIONAL REGULATOR MODULATES STREPTOMYCES COELICOLOR PHOSPHOROUS HOMEOSTASIS AND SECONDARY METABOLISM

Gemma Fernández García¹, Sergio Alonso Fernández¹, Paula García Cancela², Mario Corte Rodríguez², Maria Montes Bayón², Angel Manteca Fernández¹.

¹(Faculty of Medicine, IUOPA and ISPA, Oviedo, España)

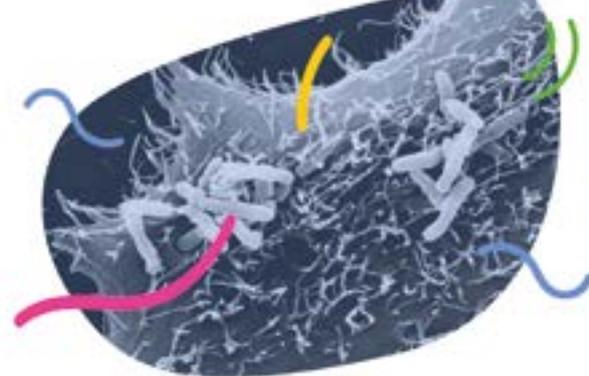
²(Faculty of Chemistry and ISPA, Oviedo, España)

Resumen de la comunicación

Phosphorus is an essential component of bacterial nutrition and one of the main components of the cell. It is involved in functions such as the replication of genetic material, the formation of energy intermediates, the synthesis of many primary and secondary metabolites, as well as important cellular processes as hypha differentiation and sporulation. We characterize the SCO1897::Tn5 mutant, harbouring the Tn5 transposon into the SCO1897 ORF, which has affected germination, secondary metabolism and sporulation. When we complement this mutant with Φ BT1 integrative plasmids, which integrate into the SCO4848 ORF, affecting SCO4848 and SCO4849 expressions, the observed phenotypes are highly enhanced. Q-RT-PCR analyses revealed that the SCO4848/4849 expression is reduced in the mutant, and completely blocked by the insertion of a Φ BT1 integrative plasmids. SCO4849 encodes for a protein that carries a putative phosphatase domain. Intracellular phosphate levels constitute a global control mechanism of gene expression in bacteria such as *Streptomyces*, so we hypothesize that SCO1897 might be involved in phosphate homeostasis. Single cell ICP-MS experiments revealed that SCO1897::Tn5 spores accumulate very high levels of phosphorus. In addition, the phenotypes of the mutant are altered in culture media without phosphorus, which supports our initial hypothesis. The SCO1897::Tn5 transposon insertion into the SCO1897 ORF could affect the expression of several, or all, of the 6 genes downstream of SCO1897. The SCO1898-SCO1901 ORFs overlap their codons, which makes no possible existence of transcription terminators between them. RT-PCR experiments revealed that the SCO1898-SCO1901 genes are transcribed as an operon. RNAseq experiments revealed that the SCO1897 transcriptional regulator pleiotropically affects the expression of several genes involved in phosphorous homeostasis and secondary metabolite production as well as genes involved in cell differentiation.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#60 THE SCO0954 N-ACETYLTRANSFERASE, SCO4439 D-ALANYL-D-ALANINE CARBOXYPEPTIDASE, SCO4440 GOLPH3 AND SCO1758 ENGA-GTPASE PROTEINS PARTICIPATE IN WALL-DEFICIENT CELLS FORMATION IN STREPTOMYCES COELICOLOR

Sergio Alonso-Fernández¹, Gemma Fernández-García¹, Paula Yagüe², Nathaly González-Quiñónez³, Ignacio Gutiérrez-Del-Río¹, Felipe Lombó¹, Ángel Manteca¹.

¹ (University of Oviedo, Oviedo, España)

² (Novogene Europe, Oviedo, España)

³ (VEnvirotech Biotechnology, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Streptomyces are important biotechnological bacteria from which two thirds of the bioactive secondary metabolites used in clinics (mainly antibiotics, but also antitumor and immunosuppressive compounds) have been discovered. They have complex developmental cycles that include programmed cell death, hyphae differentiation and sporulation. Streptomyces cell division is highly complicated since vegetative and sporulation cell division septa differ in their structure and regulation. Moreover, recent works revealed the existence of osmotic-stress induced cell wall-deficient cells (S-cells and L-forms). Streptomyces cell division regulation is far to be fully understood. The tubulin-like FtsZ GTPase, the most important bacterial cell division protein, participates in both, vegetative and sporulation Streptomyces cell divisions. The aim of this study is to deepen in the understanding of the proteins and genes modulating Streptomyces cell division. We followed two complementary approaches: first, we hypothesised that the *ftsZ* mutation might be affecting important cell-division and developmental genes, and we performed a transcriptomic analysis of this mutant; second, we explored a Streptomyces coelicolor random mutant library. This experimentation allowed us to identify the SCO0954 (N-acetyltransferase), the SCO4439 (D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase), the SCO4440 (GOLPH3 like protein) and the SCO1758 (EngA GTPase) proteins participating in S- and L-cell formation in Streptomyces coelicolor. We demonstrate that peptidoglycan cross-linking and the amount of muropeptides bound to the peptidoglycan are affected by the above proteins, and that the alteration in the peptidoglycan structure contributes to trigger osmotic induced cell wall-deficient cell formation in Streptomyces coelicolor. We propose a model to explain the role of these proteins in peptidoglycan reshuffling and in S- and L-cell formation.

Financiación

Work in AM's lab was funded by "Ministerio de Ciencia, Innovación Universidades/Agencia Estatal de Investigación / Fondo Europeo de Desarrollo Regional" (Project PID2021-122911OB-I00), and the "Consejería de Empleo, Industria y Turismo del Principado de Asturias" (Project FC-GRUPIN-IDI/2018/000120). S.A.F. was funded by a "Severo Ochoa" predoctoral grant (PA-20-PF-BP19-006) from "Consejería de Ciencia, Innovación y Universidad del Principado de Asturias".



#68 SYNTHETIC BIOLOGY FOR THE HETEROLOGOUS EXPRESSION OF GIANT FUNGAL NON-RIBOSOMAL PEPTIDES

Carolina Cano Prieto, Ana Calheiros De Carvalho, Sidharth Jayachandran , Dushica Arsovska , Pablo Cruz Morales, Jay D. Keasling.¹

¹(Novo Nordisk Center for the Biosustainability Technical University of Denmark, Kongens Lyngby, Dinamarca)

Resumen de la comunicación

Filamentous fungi synthesize a great variety of secondary metabolites, among them polyketides (PKs) and non-ribosomal peptides (NRPs), such as the well-known Penicillin, the cholesterol-lowering drug Lovastatin and the most potent known immunosuppressant, Cyclosporin which key biosynthetic enzyme spans 46.5 Kb¹. Genetic manipulation of fungi is being developed daily. However, there is still a long way to reach reliable and standardized methods to cover the width of the fungal natural product repertoire. Heterologous expression is the alternative to studying these compounds, usually focused on core genes that encode non-ribosomal peptide synthetases (NRPSs) or polyketide synthases (PKSs) that do not exceed 10 Kb. Our group is developing a biosustainable platform for the heterologous expression of large fungal NRPSs in the cell factory *Saccharomyces cerevisiae*. Our goal is to synthetically reconstruct different NRPSs, ranging from the 15 Kb ferrichrome and ferricrocin siderophores NRPS genes to the giant NRPS responsible for the cyclosporin biosynthesis, which is encoded by a 46.5 Kb gene. Here we present our first approaches to achieving this goal using an entire Synthetic Biology platform.

Hipervínculo

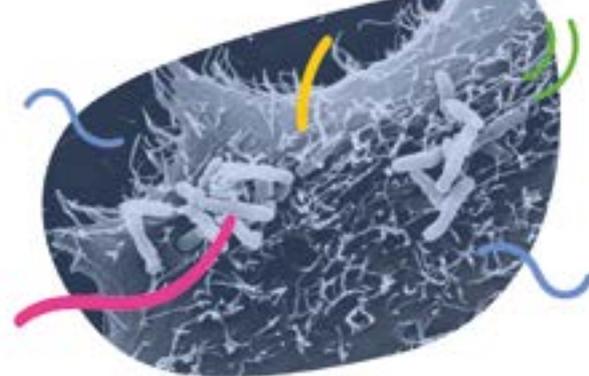
<https://orbit.dtu.dk/en/organisations/yeast-natural-products>

Referencias

1. Yang, X., Feng, P., Yin, Y., Bushley, K., Spatafora, J.W., and Wang, C. (2018). Cyclosporine Biosynthesis in Tolypocladium inflatum Benefits Fungal Adaptation to the Environment. MBio 9. 10.1128/mBio.01211-18.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#91 SÍNTESIS Y CARACTERIZACIÓN DE UN NUEVO XILOBIÓSIDO DE RESVERATROL OBTENIDO MEDIANTE UNA VARIANTE MUTAGÉNICA DE UNA ENDOXILANASA FÚNGICA

Ana Pozo Rodríguez¹, Juan A. Méndez Líter¹, Rocío García Villalba², Eva Calviño^{1,3}, Laura I. De Eugenio¹, Francisco Javier Cañada¹, Alicia Prieto¹, Jorge Barriuso¹, Francisco A. Tomás Barberán², María Jesús Martínez¹.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC), Madrid, España)

²(Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), Murcia, España)

³(CIBER de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El resveratrol es un polifenol natural con actividad antioxidante y numerosos beneficios para la salud. Sin embargo, la aplicación in vivo de este compuesto supone un desafío debido a su baja solubilidad en soluciones acuosas y su rápido metabolismo, lo que conduce a una biodisponibilidad extremadamente reducida en los tejidos [1]. En este sentido, la glicosilación de compuestos fenólicos ha demostrado ser una forma prometedora de mejorar su solubilidad, biodisponibilidad, estabilidad e incluso, a veces, sus propiedades bioactivas [2]. En este trabajo se ha utilizado la glicosintasa rXynSOS-E236G, diseñada a partir de una endoxilanasas GH10 del hongo *Talaromyces amestolkiae* [3], para glicosilar el resveratrol, usando xilobiosa-flúor como donador del azúcar. El principal producto de esta reacción fue purificado utilizando columnas de fase reversa e identificado por resonancia magnética nuclear como 3-O-β-D-xilobiósido de resveratrol. Mediante metodología de superficie de respuesta se optimizaron las condiciones de la reacción de glicosilación, produciéndose un 35% de este xilobiósido. Además, se observó que la xilobiosilación disminuye 2,21 veces la capacidad antioxidante del resveratrol, pero da lugar a un incremento de 4.866 veces en su solubilidad, lo que podría facilitar el suministro de grandes cantidades de este nuevo glicósido. Dado que es necesario que este compuesto se hidrolice para ser metabolizado, se comprobó que la microbiota colónica es capaz de hacerlo, lo que podría mejorar la biodisponibilidad del resveratrol en esta zona del tracto digestivo. Estos resultados abren nuevas expectativas para la aplicación de estos compuestos y evidencian el potencial de las variantes mutagénicas de glicosil hidrolasas para sintetizar distintos glicósidos con interés biotecnológico.

Financiación

Trabajo financiado por los proyectos MICIU/AEI/FEDER (RTI2018-093683-B-I00, RTI2018-094751-B-C22, PID2021-123781OB-C22), Comunidad de Madrid (RETOPROSOST-2-CM P2018/EMT-4459), CSIC (PIE 202270E057) y CIBERES.

Hipervínculo

<https://www.mdpi.com/2076-3921/12/1/85>

Referencias

[1] Salehi y col. (2018) *Biomedicines* 6:91

[2] Xu y col. (2016) *J Carbohydr Chem* 35:1

[3] Pozo-Rodríguez y col. (2022) *Int J Mol Sci* 26:3



#115 CARACTERIZACIÓN DE LINAJES DE LEVADURA Y SU POTENCIAL FENOTÍPICO PARA SU USO EN LA INDUSTRIA DE LOS ALIMENTOS

Sara Orellana Muñoz¹, Chris Todd Hittinger^{2,3}, Amparo Querol⁴, Sergi Puig⁴, David Peris^{4,1}.

¹(University of Oslo, Oslo, Noruega)

²(University of Wisconsin-Madison, Madison, Estados Unidos)

³(DOE Great Lakes Bioenergy Research Center, Madison, Estados Unidos)

⁴(Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos, Paterna, España)

Resumen de la comunicación

La bioprospección nos está permitiendo mejorar el conocimiento de la distribución geográfica de algunos microorganismos eucariotas y aportar nuevos biorecursos para abordar los retos de la sociedad, entre ellos los relacionados con la producción de alimentos saludables, sostenibles y seguros. Recientemente, hemos descrito la distribución geográfica, los huéspedes y sustratos de alrededor de 1800 cepas de levaduras del género *Saccharomyces*. En una primera fase, hemos secuenciado y analizado el genoma completo de 163 cepas, abordando especies menos estudiadas del género. Mediante la aplicación de diferentes herramientas bioinformáticas, nos ha permitido definir los límites entre diferentes rangos taxonómicos y así clasificar las cepas en sus correspondientes linajes. Unas 128 cepas han sido también caracterizadas fenotípicamente, destapando su potencial uso en la industria de los alimentos, tanto en la producción de vino, cerveza, pan y en procesos que puedan convertir la cadena de producción de alimentos en un sistema circular, ecológico y más sostenible. En esta presentación mostraremos los resultados de esta primera fase, e introduciremos la segunda fase, que busca continuar caracterizando genómicamente y fenotípicamente el resto de cepas de la colección. Prevemos que el género *Saccharomyces* se convertirá en un modelo para entender otros microorganismos eucariotas, y proporcionará una multitud de cepas industriales que nos ayudará a avanzar en la búsqueda de soluciones para los retos de la sociedad.

Financiación

GVA CIDEGENT2021/039

RCN 324253

TED2021-131349B-I00

CEX2021-001189-S-20-10

Hipervínculo

<https://gentalent.gva.es/es/cidegent#2022>

Referencias

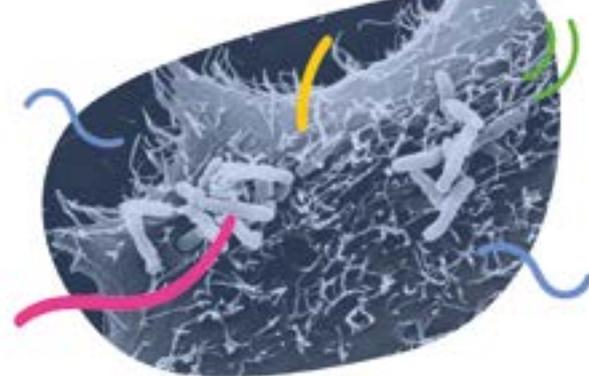
Peris y col. (2017) Biotechnology for Biofuels 10:78

Peris y col. (2020) Nature Communications 11:2085

Peris y col. (2023) Nature Communications 14:690

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#126 INNOVACIÓN SOSTENIBLE: DISEÑO DE BIOINGENIERÍA PARA LA DEGRADACIÓN EFICIENTE DE TEREFALATO DE POLIETILENO MEDIANTE ENZIMAS PETASAS Y MHETASAS SINTÉTICAS

Alejandro Chamizo Ampudia, Luis Getino Alonso, Sonia Garrido Chamorro, Carlos Barreiro Mendez, Jose María Luengo Rodríguez, Elías Rodríguez Olivera. ¹

¹(Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

Los plásticos petroquímicos son fundamentales en nuestra vida cotidiana para la producción de botellas, envases, películas y fibras. Sin embargo, el alto nivel de producción, su amplio uso y la rápida eliminación de estos materiales han llevado a su acúmulo en grandes cantidades como residuos, que a menudo terminan en el medio ambiente, causando graves consecuencias ambientales y de salud. El tereftalato de polietileno (PET) es uno de los plásticos petroquímicos más utilizados a nivel mundial, pero su eliminación sigue siendo un desafío debido a su resistencia a la degradación. Hasta ahora, solo se han descrito unas pocas bacterias y hongos capaces de degradar parcialmente el PET a oligómeros o monómeros. Recientemente, se ha descrito que *Ideonella sakaiensis* tiene la capacidad de degradar completamente este polímero hasta sus componentes más básicos, etilenglicol y tereftalato, utilizando así el PET como fuente de energía y carbono. Para ello, esta bacteria utiliza dos enzimas: una PET hidrolasa y una MHETasa. Este descubrimiento sugiere su potencial aplicación industrial para el tratamiento de residuos plásticos. El principal objetivo de este estudio consiste en llevar a cabo la degradación de PET, derivados de éste o análogos de ellos, mediante la expresión de enzimas (o versiones de ellas) que *Ideonella sakaiensis* utiliza para degradar PET en *Pseudomonas putida* U y *Rhodococcus* sp HE24-12, dos chassis biotecnológicos potencialmente útiles. Para ello se modificaron genéticamente estas cepas con plásmidos replicativos que contenían diferentes versiones de genes que codifican una PETasa y una MHETasa. Las cepas resultantes han sido capaces de degradar eficientemente BHET (un oligómero del PET) y películas de PET hasta etilenglicol y tereftalato. Estos resultados sugieren que esta estrategia podría, potencialmente, mejorar la degradación del PET incrementando las tecnologías para el tratamiento eficiente de residuos plásticos.

Financiación

Esta comunicación forma parte de los resultados obtenidos en el proyecto "Biotechnological alternatives for the elimination of petrochemical plastic waste. Transition to a sustainable ecological system" (ABERPLAS). (Ref. TED2021-132091B-I00), financiado por el MCIN (Ministerio de Ciencia e Innovación)/ AEI (Agencia Estatal de Investigación) / 10.13039/501100011033 (Digital Object Identifier) y por la Unión Europea "NextGenerationEU" / PRTR (Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia).



#131 COMAMONAS TESTOSTERONI COMO CHASIS SINTÉTICO PARA EL RECICLADO ENZIMÁTICO DEL PET

Francisco Javier Molpeceres García, Alejandro García, Laura De Eugenio, Alicia Prieto, Jorge Barriuso.¹

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB-CSIC), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

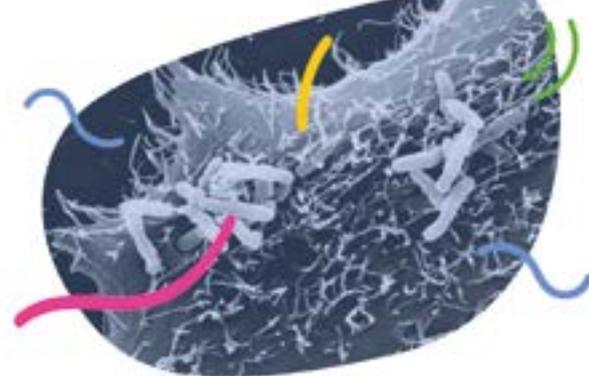
La contaminación por plásticos supone un gran problema medioambiental, siendo el tereftalato de polietileno (PET) uno de los plásticos más utilizados para la producción de envases. Este polímero está compuesto por cadenas de ácido tereftálico (TPA) unidas por moléculas de etilenglicol (EG). Actualmente, el tratamiento y reciclado de los residuos de PET depende de técnicas físico químicas poco eficientes y no sostenibles. Ante esto, las aproximaciones biotecnológicas, basadas en el empleo de microorganismos y sus enzimas, surgen como una alternativa. Se han descrito enzimas microbianas capaces de degradar eficientemente el PET, como la PETasa y la MHETasa de la bacteria *Ideonella sakaiensis*. La PETasa despolimeriza las cadenas de PET, dando lugar a Mono(2-hidroxietil)-tereftalato (MHET), el cual es hidrolizado por la MHETasa, quedando finalmente TPA y EG. Por otra parte, la bacteria *Comamonas testosteroni* puede metabolizar ftalatos como el TPA y utilizarlos como fuente de carbono y energía. En nuestro grupo hemos utilizado este organismo como chasis de expresión de una PETasa y una MHETasa recombinantes, así como de clusters génicos implicados en la producción de bioplásticos. De este modo desarrollamos una estrategia de economía circular en la que un solo organismo despolimeriza el PET y crece a partir de sus monómeros, a la vez que produce biomoléculas empleadas para sintetizar plásticos más sostenibles.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por los proyectos MICODE (MCIN/AEI, PID2020-114210RB-I00) y DEMO (MCIN/AEI/“NextGenerationEU”/PRTR, TED2021-130096B-I00).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#196 PSEUDOMONAS PUTIDA KT2440 COMO PLATAFORMA PARA LA BIOEXTRACCIÓN Y BIOPRODUCCIÓN DE NANOPARTÍCULAS DE LANTÁNIDOS

Cristina Serrano-Pelejero¹, Adrián Rodríguez Lozano¹, Laura Castro², Eduardo Díaz¹, Manuel Carmona¹.

¹(Departamento de Biotecnología Microbiana y de Plantas, Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas-CSIC, Madrid, España)

²(Departamento de Ingeniería Química y de Materiales, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los lantánidos son un grupo de 15 elementos metálicos que, junto con el escandio y el itrio, se conocen comúnmente como "tierras raras" (REE). Los REE son elementos estratégicos para la industria relacionada con tecnologías verdes y de alta precisión. Las nanopartículas de lantánidos (LnNPs) presentan propiedades magnéticas, ópticas y catalíticas de alto interés, sin embargo, su síntesis por métodos físico-químicos es altamente contaminante y costosa. Además, la minería de REE es un proceso complejo y muy poco respetuoso con el medio ambiente. Por ello, el uso de microorganismos capaces de recuperar Ln de su matriz insoluble y de producir LnNPs se contempla como una alternativa de futuro a los procesos químicos tradicionales y que permitiría desarrollar procesos industriales sostenibles. La correcta selección del biocatalizador es uno de los factores esenciales a tener en cuenta para el desarrollo de un proceso viable. En este sentido, se hace necesaria la determinación de la resistencia a Ln que poseen los chasis bacterianos utilizados en biotecnología. En este trabajo se ha determinado por primera vez la resistencia que posee la bacteria modelo ambiental *Pseudomonas putida* KT2440 al lantano (0,5 mM) y al gadolinio (0,1 mM), indicando que se trata de un chasis bacteriano óptimo para realizar bioconversiones de Ln. Además, se han bioproducido LnNPs y, por primera vez, GdNPs, caracterizándose algunas de sus propiedades (forma, tamaño, estado de agregación, etc). Hay que resaltar que las GdNPs producidas por KT2440 poseen propiedades magnéticas, lo que aumenta su interés biotecnológico. Por otra parte, dado que la cepa KT2440 es capaz de solubilizar fosfato, se está explotando esta habilidad para la bioextracción de Ln y la producción de LnNPs directamente desde monacitas (minerales formados por fosfato de Ln y que son una de las principales fuentes naturales de Ln en nuestro planeta).

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2019-110612RB-100 del Ministerio de Ciencia e Innovación (MICINN) y el proyecto TED2021-132135B-100 del Next Generation UE Program. CSP es beneficiaria de una ayuda para la formación de profesorado universitario (FPU20/05209) del Ministerio de Universidades.

Referencias

1. Dong, H. y col. (2015). *Chem. Rev.* 115, 19, 10725–10815
2. Fathollahzadeh, H. y col (2018). *Appl Microbiol Biotechnol* 103, 1043-1057
3. Featherston, E.R. y Cotruvo, J.A, Jr. (2021). *Biochimica et Biophysica Acta – Molecular Cell Research*, 1868(1), 118864



#221 SISTEMAS CONJUGADOS NANOPARTICULAS-ENDOLISINAS CONTRA BACTERIAS GRAM NEGATIVAS Y SU POTENCIAL USO EN MEDICINA VETERINARIA

Diana Ramírez Sáenz¹, Andrea Guadalupe Valdivia Mancillas², Yolanda Daniela Carrillo Huerta³, César Andrés Ángel Sahagún^{1,3}, Juan Carlos Martínez Espinoza⁴, Alma Arianna Lechuga Arana⁵, Abner Josué Gutiérrez Chávez^{1,3}.

¹ (Doctorado en Biociencias, División de Ciencias de la Vida, Campus Irapuato-Salamanca, Universidad de Guanajuato, Irapuato, México)

² (Servicios y Desarrollo de Biofarmacos S. C. de R. L. de C. V., Irapuato, México)

³ (Maestría Interinstitucional en Producción Pecuaria, División de Ciencias de la Vida, Campus Irapuato-Salamanca, Universidad de Guanajuato, Irapuato, México)

⁴ (Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería campus Guanajuato del Instituto Politecnico Nacional, Silao De La Victoria, México)

⁵ (Organismo coordinador de las universidades para el bienestar Benito Juárez. Sede Cuerámara, Cuerámara, México)

Resumen de la comunicación

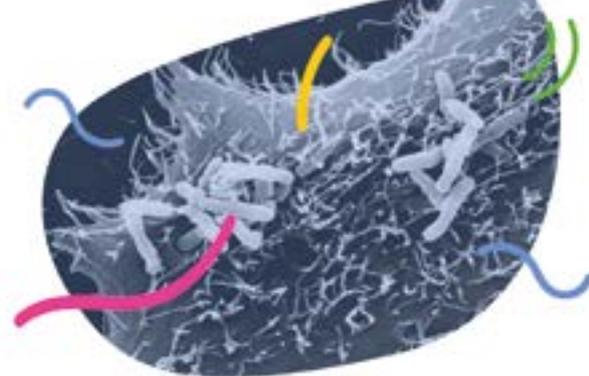
Para contrarrestar la problemática causada por el uso excesivo de antibióticos y el surgimiento de patrones de multirresistencia en bacterias Gram negativas, se han propuesto varias alternativas y/o reemplazos entre los que destacan las endolisinas y los nanomateriales. Se ha demostrado que las nanopartículas ayudan a superar la barrera bacteriana de lipopolisacáridos y permiten que las endolisinas alcancen la pared celular, por lo que, en la presente investigación se busca generar un conjugado de endolisinas con nanopartículas metálicas, que permita eliminar el obstáculo que representa la membrana externa de las bacterias Gram negativas y, al mismo tiempo, la eliminación de endotoxinas por efecto de las nanopartículas. Para ello, se caracterizó la endolisina del bacteriófago de *S. aureus* BK510 determinando que las condiciones óptimas de las endolisinas BK510Lys para alcanzar una actividad lítica teórica de 1.47 ADO/s*mg, son a pH 5.03, temperatura de 20.0°C y concentración de BK510Lys de 0.079 mg/mL, lo cual se vio reflejado al determinar la KM y ALmax, obteniendo valores de 5.75x10⁵ UFC/mL y 1.16 ADO/s*mg, respectivamente, usando el modelo de Hanes-Woolf. El tamaño mínimo de nanopartículas de plata requeridas es de 50 nm, por lo que las condiciones a las que se determinó que se debían producir las nanopartículas de plata fueron concentración de 5 mM de AgNO₃ mezclados con extracto de *Lepidium virginicum*. La reacción se llevó a cabo a 85°C durante 60 min. Los conjugados se probaron en distintas cepas de bacterias Gram negativas y positivas, en las que se mostró mayor eliminación de estas en comparación con las nanopartículas y endolisinas por separado.

Financiación

IDEA-GTO a través del Programa Ecosistema de Innovación FINNOVATEG (CFINN1042).

Referencias

- Guzmán-Rodríguez y col. (2021). *Memorias del XXVI Congreso Panamericano de Ciencias Veterinarias*. Asociación Panamericana de Ciencias Veterinarias.
- Martínez-Espinoza y col (2020). *Crystals*, 10(5): 395-408.



COMUNICACIONES ORALES

Microbiología de Molecular I

#21 BETA-LACTAMASE EXPRESSION TRIGGERS COLLATERAL SENSITIVITY TO AZITHROMYCIN AND COLISTIN

Laura Álvaro Llorente¹, Cristina Herencias Rodríguez^{1,2}, Ada Muñoz Cazalla³, Laura Jaraba Soto¹, Álvaro San Millán Cruz^{4,5}, Jerónimo Rodríguez Beltrán^{1,5}.

¹ (Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Ramón y Cajal, Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Madrid, España)

² (Centro de Investigación Biológica en Red Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

³ (Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Ramón y Cajal and Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Madrid, España)

⁴ (Centro Nacional de Biotecnología-CSIC, Madrid, España)

⁵ (Centro de Investigación Biológica en Red Epidemiología y Salud Pública, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

The dissemination of antimicrobial resistance genes and the shortage of new antibiotics highlights the need of new therapeutic approaches to combat antibiotic resistant bacteria. Collateral sensitivity (CS) – defined as the increased susceptibility to one antibiotic after the acquisition of resistance to a second antibiotic – is a promising strategy that capitalizes on the event of resistance acquisition. Recently, it has been described that the acquisition of resistance plasmids induces CS (Herencias et al., 2021), increasing sensitivity to non-directly related antimicrobials by a mechanism yet to be characterized. Most of the plasmids in which CS was observed carried beta-lactam resistance genes. In this work, we hypothesized that plasmid-derived beta-lactamase expression may trigger CS. To test this hypothesis, firstly, we generate a library of plasmids driving the expression of clinically relevant beta-lactamases under the control of an arabinose-inducible promoter and expressed them in *E. coli* BW25113. Our results suggest that the expression of clinically relevant beta-lactamases of plasmid origin induces CS to the antibiotics azithromycin and colistin in laboratory strains. Moreover, by measuring CS in a range of representative natural strains, we show that beta-lactamase-induced CS is conserved across the *E. coli* phylogeny. Finally, we analyzed the resistance dynamics of clinical pathogens from the ATLAS database and found that this trend is conserved and is common in Enterobacteriaceae. These results pave the way for the design of new combination therapies to combat plasmid-mediated antimicrobial resistance, while immediately suggesting mechanistic insights that highlight beta-lactam resistance as a potential new therapeutic target.

Financiación

Horizon-GT project has received funding from the European Research Council (ERC) under the European Union's Horizon Europe research and innovation programme (grant agreement No 01077809).



The Community of Madrid has funded the development of this project with a Research Assistant Grant (No PEJ-2021-AI/BMD-23127)

Referencias

Herencias, C., Rodríguez-Beltrán, J., León-Sampedro, R., Del Valle, A.A., Palkovičová, J., Cantón, R., and Millán, Á.S. 2021. Collateral sensitivity associated with antibiotic resistance plasmids. *Elife* 10, 1–13.

#23 CARACTERIZACIÓN DE LOS DOMINIOS AMILOIDOGÉNICOS WH1 EN PROTEÍNAS REP DE PLÁSMIDOS DEL FITOPATÓGENO FASTIDIOSA

Leticia Lucero López, Rafael Giraldo Segura.¹

¹(Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

En nuestro grupo hemos caracterizado estructural y funcionalmente una proteína de replicación plasmídica perteneciente a *Savastanoi* (RepA) [1]. Tal conocimiento ha permitido probar que su dominio de dimerización WH1 tiene características de este conocimiento, hemos sido capaces de desencadenar la formación de agregados amiloides en *E. coli*, que resultan porosos en la membrana interna, anulando el gradiente de protones e impidiendo el transporte a través de las membranas, metabolismo central, la síntesis de ATP y nucleótidos y generando ROS [3,4]. Aquí reportamos el uso de los dominios de dos plásmidos de *Xylella fastidiosa* (spp. *pauca* y spp. *fastidiosa*) para generar una proteinopatía amiloide sintética. De la variante Rep-WH1, se forman agregados amiloides con características distintas (según tinción con Th-S), cambiando morfología bacteriana, tasa de crecimiento y viabilidad. La sobreexpresión de la chaperona DnaK (Hsp70), que cambia agregativo de RepA-WH1 de *P. savastanoi* [5,6], también es capaz de alterar el patrón de agregación de una de las variantes. Nuestra meta es utilizar las variantes Rep-WH1 como estrategia de control frente a *X. fastidiosa*.

Financiación

PID2021-124866OB-I00 / AMYL4-1HEALTH

Financiación

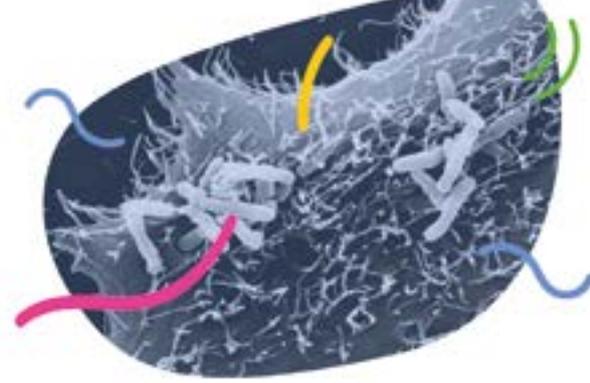
<https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biotecnologia-microbi>

Financiación

1. Giraldo R, Fernández-Tresguerres ME (2004) *Plasmid* 52:69-83
2. Fernández-Tresguerres ME, et al. (2010) *Mol. Microbiol.* 77:1456-6
3. Molina-García L, et al. (2017) *Front. Microbiol.* 539:1-21
4. Giraldo R (2020) *mSystems* 5: e00553-20
5. Gasset-Rosa F, et al. (2014) *Mol. Microbiol.* 91:1070-87
6. Fernández C, Giraldo R (2018) *ACS Synth. Biol.* 7:2087-93

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#64 THE EXPRESSION GRADIENT OF INTEGRON CASSETTE ARRAYS IS SHAPED BY CASSETTE IDENTITY

André Paulino Carvalho^{1,2}, Alberto Hipólito Carrillo De Albornoz^{1,2}, Lucía García Pastor^{1,2}, Ester Vergara^{1,2}, Aránzazu Buendía Andrés², Teresa García-Seco Romero², José Antonio Escudero^{1,2}.

¹(Facultad de Veterinaria, UCM, Madrid, España)

²(VISAVET, UCM, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Integrans are one of the major contributors to the dissemination of antimicrobial resistance in gram-negative bacteria. Specifically, class 1 integrans are composed of a stable platform and a variable cassette array which can contain up to several integran cassettes encoding mostly antibiotic resistance genes. Interestingly, most of these cassettes are promoterless, with their expression being granted by the Pc promoter located upstream of the array. This results in an expression gradient where the cassettes more proximal to the Pc promoter have higher expression levels. We sought to study how this expression gradient may vary according to the identity and order of the cassettes in the array and how it can impact antibiotic resistance levels. For this, we transformed *Escherichia coli* MG1655 with a vector containing a class 1 integran-like structure with a variable cassette array composed of an antibiotic resistance cassette in first position followed by a *gfp* gene. We were able to study the impact of 135 different antibiotic resistance cassettes on GFP expression through flow cytometry and RT-qPCR. We show that fluorescence varies between a factor of 0.01 and 3, depending on the cassette located immediately upstream. Such variations correlate well with *gfp* mRNA levels suggesting a transcriptional basis for this phenomenon. Importantly, when we exchanged the *gfp* gene for a specific antibiotic resistance cassette we observed that the MIC for that antibiotic also changed in function of the identity of the preceding cassette. Thus, integran array identity may shape the resistance profiles of bacteria.



#71 RESPUESTA GLOBAL DE PSEUDOMONAS PUTIDA KT2440 A LA PRESENCIA DE ARSENITO

Manuel Carmona Pérez, Elena Alonso Fernandes, Gonzalo Durante Rodríguez, Eduardo Díaz Fernández.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

A lo largo de la evolución las bacterias han desarrollado múltiples estrategias de adaptación y resistencia al arsenito, un metaloide altamente tóxico que contamina gran cantidad de ambientes. El conocimiento de los determinantes moleculares responsables de dicha adaptación posee gran interés, ya que pueden ser empleados como herramientas biotecnológicas en procesos de biorremediación o en el diseño de biosensores. En el presente trabajo se analiza la respuesta global de la bacteria modelo en biotecnología medioambiental, *Pseudomonas putida* KT2440, al arsenito. Para ello, la cepa KT2440 fue cultivada en LB hasta mitad de la fase exponencial, momento en el que se añadió 1 mM arsenito al cultivo y se siguió la incubación durante otros 30 minutos. La expresión génica global se determinó mediante un abordaje de transcriptómica. Del total de 5630 genes analizados, 778 estaban fuertemente sobreexpresados y 1068 fuertemente subexpresados ($|FC| > 5$, $p < 0.05$) respecto a un cultivo control al que no se adicionó arsenito. Los genes más sobreexpresados están relacionados con la respuesta al estrés oxidativo y la reparación de daños, la resistencia a arsenato/arsenito, la degradación de lípidos, el transporte de compuestos azufrados, la adhesión y la producción de exopolisacáridos. Entre los genes subexpresados destacan los responsables de la producción de ATP, síntesis proteica, metabolismo de azúcares, transporte de fosfato, hierro y glicerol, síntesis del flagelo y producción de pioverdina. Los resultados obtenidos han permitido generar un mapa molecular que detalla la respuesta celular de la cepa KT2440 a arsenito. Es interesante resaltar que existe una expresión diferencial de los dos clusters implicados en la resistencia a arsénico^{2,3}. Mientras que los genes controlados por el promotor Pars1 posee una sobreexpresión de más de 100 veces, los controlados por Pars2 sólo lo están 4 veces. En este momento se están realizando diferentes abordajes experimentales para elucidar esta expresión diferencial.

Financiación

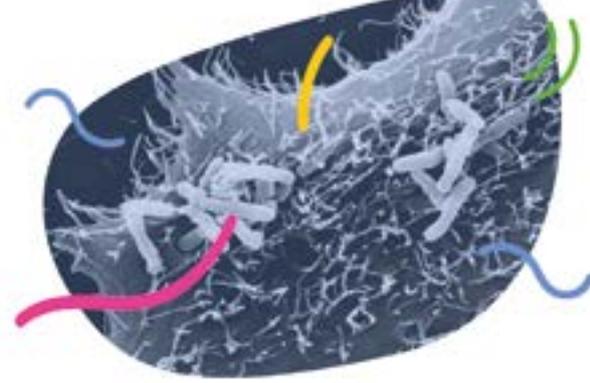
Este trabajo ha sido financiado por la AEI (PID2019-110612RB-I00 y TED2021-132135B-I00)

Referencias

1. Martin y col. (2011) *Nature Review Genetics* 12: 671-682.
2. Paez-Espino y col. (2015) *Environmental Microbiology* 17: 229-238.
3. Fernández y col. (2014) *Environmental Microbiology Reports* 6: 433-489.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#103 USING CRISPRi TO HAVE AN INTEGRATIVE UNDERSTANDING OF PLASMID-MEDIATED ANTIBIOTIC RESISTANCE

Alicia Pereira Calvo-Villamañán, Jorge Sastre Domínguez, Coloma Costas Romero, Álvaro San Millán Cruz.

¹(Centro Nacional de Biotecnología, CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

The main mechanism for the acquisition of AMR in clinical settings is horizontal gene transfer mediated by plasmids. Interestingly, although plasmids can spread easily between different hosts, specific successful associations of plasmid-bacteria emerge. Such is the case for the major antibiotic resistance plasmid pOXA-48, which has been shown to produce vastly different fitness effects in different enterobacteria hosts. Although successful associations are a known multifactorial phenomenon, the molecular interactions behind them remain poorly understood. Here, we aim at analysing in an integrative way the associations of pOXA-48_k8 and clinically relevant *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* strains. More specifically, we aim at understanding the metabolic and physiological adaptations that enable such successful associations. We focus on understanding the molecular bases of the interactions between pOXA-48 and its hosts using CRISPRi to understand the role of all plasmid genes in these interactions. This will reveal insights on the biology behind plasmid-host associations, the reasons for their success and their evolution.

Financiación

EMBO ALTF 322-2022



#109 THE IMPORTANCE OF RECYCLING THE SHEATH OF THE TYPE VI SECRETION SYSTEM (T6SS), A BACTERIAL BIOCONTROL WEAPON

Patricia Bernal¹, Adrián Ruiz¹, Cristina Civantos¹, Marina Murillo Torres¹, João Botelho², Joaquín Bernal Bayard¹, Mavridou³.

¹(Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

²(Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España)

³(The University of Texas at Austin, Texas, Estados Unidos)

Resumen de la comunicación

The Type VI Secretion System (T6SS) is a bacterial nanomachine involved in inter-bacterial competition. In the biocontrol *Pseudomonas putida*, it provides the ability to outcompete deleterious phytopathogens protecting plants from their attack (2017). The T6SS is formed by a membrane complex, a baseplate and a tail. The tail contains an inner tube (Hcp) and sheath (TssBC) that propels the tube for toxin delivery upon contraction. The contracted sheath is regenerated by the for a new round of firing. Previous studies have shown that ClpV is relevant to maintaining T6SS functionality (Basler Therefore, a deeper understanding of *P. putida* ClpV would allow the optimization of T6SS efficiency, thus improving capabilities. Here, we study ClpV from a functional and biochemical perspective. We use Hcp secretion as a hallmark A strain lacking clpV1 was deficient in Hcp1 secretion, implying that T6SS was not functional. Hcp1 levels were restored strain and could be increased by overexpressing clpV1. As expected, a clpV1 mutant displayed a reduced ability to kill indicate that the efficiency of *P. putida* T6SS could be modulated by ClpV. To this end, we identified ClpV1 interaction two hybrid assays. ClpV1 interacts with the sheath stabilizer TagB1 (Bernal et. al. 2021) and the core components TssK1 and TssBC1 (tail). This suggests that ClpV1 could be placed on a baseplate/tail level to access the sheath

Financiación

This research was supported by "Ministerio de Ciencia e Innovación" - Proyectos de Generación de Conocimiento 2021, PID2021-123000OB-I002020 grant awarded to PB and RYC2019-026551-I fellowship.

Hipervínculo

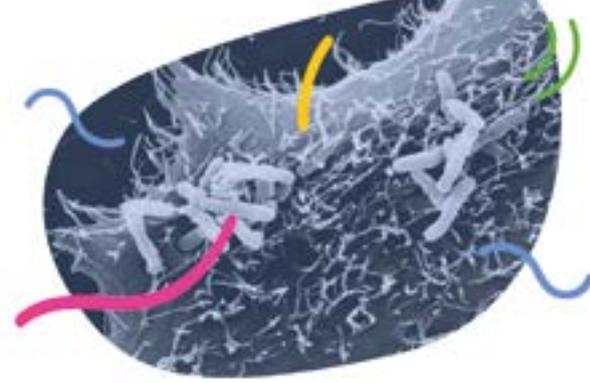
<https://www.semimicrobiologia.org/subgrupos-especializados/biologia-de-las-interacciones-beneficiosas-pl>

Financiación

1. Bernal et al. (2017). *ISME J.* 11(4):972-87.
2. Basler et al. (2012). *Nature.* 483(7388):182.6.
3. Bernal et al. (2021). *PNAS.* 118 (7) e2008500118

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#124 EL TRANSCRIPTOMA DE BURKHOLDERIA CENOCEPACIA REVELA ACTIVACIÓN DE FACTORES DE VIRULENCIA Y RESPUESTAS A ESTRÉS EN EL FAGOSOMA DE PROTISTAS

Álvaro Morón García, Iván Belinchón Esteban, Alaa Eddin Tarouchi , Patricia De Francisco Martínez, Ana Martín González, Francisco Amaro Torres.

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El patógeno oportunista *Burkholderia cenocepacia*, conocido por su resistencia natural a múltiples antibióticos y causar infecciones crónicas en inmunodeprimidos y enfermos de fibrosis quística, sobrevive intracelularmente en protozoos (amebas y ciliados) y células fagocíticas de humanos. El paso por el protista aumenta considerablemente la resistencia a estrés y antibióticos de la bacteria, pero aún se desconocen las bases moleculares de este fenómeno. Para identificarlas, hemos analizado el transcriptoma de *B. cenocepacia* K56-2 en el fagosoma del ciliado *Tetrahymena ellioti* mediante RNAseq a las 4 y 24 h tras la ingestión de la bacteria por el protista. El ambiente del fagosoma modifica significativamente el perfil de expresión de más de 1500 genes, con más de 750 genes inducidos, incluyendo conocidos factores de virulencia, sistemas de adquisición de hierro y zinc, genes de respuesta a estrés, y transportadores/bombas de membrana asociados con resistencia a antibióticos. Destaca además la activación de la respuesta a estrés de envuelta (ESR) mediada por *rpoE*, y una importante remodelación de la membrana externa bacteriana, con la inducción de los componentes del translocón Sec y el complejo BAM (transporte de OMPs), la ruta Lol (tráfico de lipoproteínas) y el sistema Lpt (modificación y transporte de LPS). Mutantes deficientes en componentes de estas rutas presentan mayor sensibilidad a antibióticos (ciprofloxacino, gentamicina, polimixina B) y menor supervivencia intracelular, confirmando su implicación en patogénesis y su potencial uso como diana terapéutica. El protista potencia además la capacidad de adhesión (operon *cblABCD* y *adhA*) y formación de biopelículas de *B. cenocepacia*, y activa rutas metabólicas que solapan con la estrategia que emplea la bacteria para adaptarse al particular ambiente pulmonar del enfermo de fibrosis quística. En conjunto, nuestros resultados demuestran que el paso por protistas confiere ventajas adaptativas a *B. cenocepacia* que podrían facilitar la transmisión y colonización del tracto respiratorio.

Financiación

Este trabajo está financiado por el proyecto PID2020-113540GB-I00



#130 STUDYING THE PHYLO-FUNCTIONAL DIVERSITY AND INTERSPECIES INTERACTIONS PATTERNS TO DEFINE THE COMMUNITY-FUNCTION LANDSCAPE OF WINE YEAST ECOSYSTEMS

Javier Ruiz ¹, Miguel De Celis ², Juan Diaz-Colunga ³, Jean CC Vila ⁴, Belen Benitez-Dominguez ⁵, Javier Vicente ⁵, Antonio Santos ⁵, Alvaro Sanchez ³, Ignacio Belda ⁵.

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

²(Instituto de Ciencias Agrarias (CSIC), Madrid, España)

³(Centro Nacional de Biotecnología (CSIC), Madrid, España)

⁴(Stanford University, Stanford, España)

⁵(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Predictively linking taxonomic composition and quantitative ecosystem functions is a major aspiration in microbial ecology, which must be resolved if we wish to engineer microbial consortia. Here, we have addressed this open question for an ecological function of major biotechnological relevance: alcoholic fermentation in wine yeast communities. By exhaustively phenotyping an extensive collection of naturally occurring wine yeast strains (measuring 43 traits in 60 strains, belonging to 30 species of 22 different genera), we find that most ecological and industrially-relevant traits exhibit a strong phylogenetic signal, indicating that the most relevant functions in wine yeast communities can be predicted from taxonomy. Further, building hundreds of synthetic yeast consortia (random combinations of strains in communities of 2-6 species), we demonstrate that the quantitative contributions of individual wine yeast strains to the community function followed simple quantitative rules. These regularities can be integrated to quantitatively predict the function of newly assembled consortia. Besides addressing a fundamental open question in functional ecology, our results and methodologies provide a blueprint for rationally managing microbial processes of biotechnological relevance.

Financiación

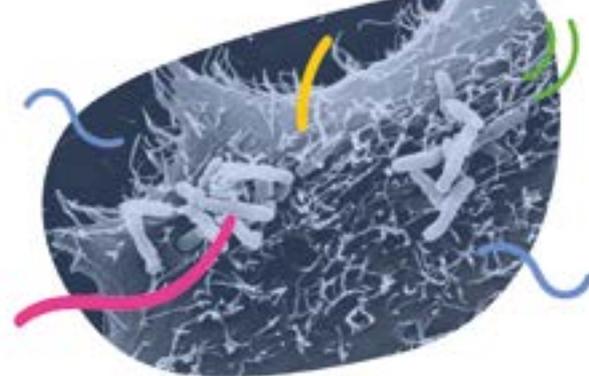
This work has been supported by grant PID2019-105834GA-I00 (acronym Wineteractions) funded by the Spanish State Research Agency/Science and Research Ministry (10.13039/501100011033).

Hipervínculo

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.12.15.520418v1.full>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#140 LA ENCAPSULACIÓN DE CÉLULAS INDIVIDUALES REVELA HETEROGENIDAD ASOCIADA A LA RESISTENCIA A FLUOROQUINOLONAS EN SALMONELLA ENTERICA

María Antonia Sánchez- Romero , Rocío Carvajal-Holguera , Lourdes Tordera-Pascual , Rocío Fernández-Fernández.

¹ (Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Los antibióticos representan uno de los descubrimientos más revolucionarios en la historia de la humanidad. Estos compuestos impulsaron la base de la medicina moderna, permitiéndonos no solo curar infecciones bacterianas que solían ser letales, sino también realizar intervenciones nuevas e innovadoras como cirugías invasivas o trasplantes. Desafortunadamente, el uso excesivo de antibióticos ha promovido un aumento dramático de la resistencia a los antimicrobianos. La mayoría de los mecanismos de resistencia a los antibióticos son genéticamente estables, donde todas las células de una población de un aislado específico muestran el mismo fenotipo de resistencia. Sin embargo, ocasionalmente se observan aislados en los que diferentes subpoblaciones exhiben diferentes susceptibilidades a un agente antimicrobiano en particular (1,2). El conocimiento de los mecanismos responsables de la resistencia a antibióticos es crucial para el desarrollo de nuevas estrategias que permitan encontrar tratamientos más eficaces contra las infecciones bacterianas. En este trabajo se ha desarrollado un protocolo que permite la encapsulación de una única célula de *Salmonella enterica* en microcápsulas de alginato. La encapsulación de células individuales de *S. enterica* nos permite monitorizar la proliferación celular y estudiar cómo le afecta la presencia de los antibióticos. Este protocolo permite monitorizar el crecimiento bacteriano y estudiar la proliferación y viabilidad bacteriana bajo exposición a antibióticos. Los resultados de este trabajo revelan la existencia de heterogeneidad fenotípica en presencia de fluoroquinolonas (ciprofloxacina y levofloxacina). En las poblaciones de *S. enterica* derivadas de una sola célula se han detectado una enorme diversidad en los niveles de supervivencia/resistencia en presencia de estos antibióticos, siendo estos fenotipos reversibles con una alta frecuencia, sugiriendo una resistencia no mutacional. Este estudio abre la posibilidad de utilizar las microcápsulas de alginato como un método novedoso, alternativo y complementario a las estrategias tradicionales de estudio de la resistencia a antibióticos.

Financiación

Estos resultados son parte del proyecto de I+D+i PID2020-116995RB-I00, financiado/a por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y según proceda: "FEDER Una manera de hacer Europa" o por la "Unión Europea NextGenerationEU/PRTR".

Referencias

1. Sánchez-Romero, M.A., Casadesús, J., 2014. Contribution of phenotypic heterogeneity to adaptive antibiotic resistance. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 111, 355–360. doi:10.1073/pnas.1316084111
2. El-Halfawy, O.M., Valvano, M.A., 2015. Antimicrobial heteroresistance: An emerging field in need of clarity. *Clin. Microbiol. Rev.* 28, 191–207. doi:10.1128/CMR.00058-14



#150 NEW MOLECULAR TOOLS OF THE IN VIVO MUTAGENESIS SYSTEM T7-DIVA FOR DIRECTED EVOLUTION OF PROTEINS

Beatriz Álvarez González, Diego Crespo Roche, Luis Ángel Fernández Herrero.¹

¹(CNB-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

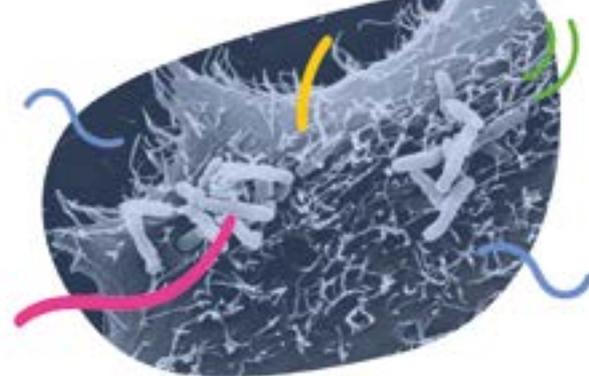
Evolved proteins with new functions or improved properties can be obtained in the laboratory in a fast way using in vivo mutagenesis methods. We have previously developed one of these methods called T7-DIVA (T7-targeted dCas9-limited in vivo mutagenesis) that can be applied for the directed evolution of proteins by iterative cycles of diversification and selection[1]. T7-DIVA employs a fusion protein comprised of a base deaminase (BD) enzyme with mutagenic capacity and the T7 RNA polymerase (T7RNAP). The BD could be the cytosine deaminases (human AID, rat rAPOBEC1 or lamprey pmCDA1) and the adenine deaminase TadA7.10 that create transitions C:G to T:A and T:A to C:G in the target gene, respectively. This mutagenic activity is specifically exerted on the target gene thanks to the recognition of a T7 promoter downstream of the gene by the T7RNAP of the fusion. Since the T7 promoter is directed towards the target gene the T7RNAP will start transcribing moving along the gene and the attached BD will introduce mutations. The target gene is chromosomally integrated in single copy in *Escherichia coli* to avoid genetic redundancy and thus facilitating a continuous evolution process. To avoid off-target mutations beyond the target gene due to the high processivity of the T7RNAP, T7-DIVA uses three molecules of dCas9 bound to the DNA directed with three specific crRNAs that blocks the progression of the fusion. This approach decreases 15 times the frequency of downstream off-target mutations but not a total blockade. T7RNAP variants with deletions and point mutations in the thumb domain were described to present reduced processivity[2, 3]. To improve the dCas9 blockade, the AID-T7RNAP fusions carrying these variants were tested and showed reduced activity or processivity at different levels. These new molecular tools reduced the off-target mutations and significantly improved the control of the T7-DIVA system

Referencias

1. Álvarez, B., et al., *In vivo diversification of target genomic sites using processive base deaminase fusions blocked by dCas9*. *Nat Commun*, 2020. 11(1): p. 6436.
2. Bonner, G., E.M. Lafer, and R. Sousa, *The thumb subdomain of T7 RNA polymerase functions to stabilize the ternary complex during processive transcription*. *Journal of Biological Chemistry*, 1994. 269(40): p. 25129-25136.
3. Brieba, L.G., V. Gopal, and R. Sousa, *Scanning mutagenesis reveals roles for helix n of the bacteriophage T7 RNA polymerase thumb subdomain in transcription complex stability, pausing, and termination*. *J Biol Chem*, 2001. 276(13): p. 10306-13.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#183 MECHANISMS OF INDOLE-3-ACETIC ACID BIOSYNTHESIS AND THE REGULATORY EFFECTS OF AUXINS ON ANTIBIOTIC PRODUCTION IN A BIOCONTROL RHIZOBACTERIUM

Miriam Rico-Jiménez ¹, Tino Krell ¹, Salvador Muñoz-Mira ¹, Natalia V. Petukhova ², Dmitrii S. Bug ², Igor B. Zhulin ³, Jose A. Gavira ⁴, Miguel A. Matilla ¹.

¹(Department of Biotechnology and Environmental Protection, Estación Experimental del Zaidín, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Granada, España)

²(Bioinformatics Research Center, Pavlov First Saint Petersburg Medical State University, St. Petersburg, Rusia)

³(Department of Microbiology, The Ohio State University, Columbus - Ohio, Estados Unidos)

⁴(Laboratory of Crystallographic Studies, IACT (CSIC-UGR), Granada, España)

Resumen de la comunicación

Polyethylene terephthalate (PET) is a versatile, and low-cost polyester with low reactivity properties that has become a key element in modern society. It is used in a wide variety of applications, such as bottles, packaging, and textile fibers. However, the lack of an effective recycling system has led to an alarming accumulation of PET and other plastics in landfills and oceans, posing a significant threat to the environment and human health (1). The main goal of this work is to develop an optimal biocatalyst for the efficient biodegradation of PET into its monomers (terephthalic acid (TPA) and ethylene glycol (EG)). The development of such a biocatalyst could offer a viable and environmentally friendly alternative to existing recycling processes that are either less specific or more contaminant. Our approach involved the combination of two engineering strategies. First, we used Ancestral Sequence Reconstruction (ARS) to infer the protein sequence of a hypothetical ancient hydrolase, using the modern sequence of PET hydrolase from *Ideonella sakaiensis* (IsPETase) as a reference (2). This strategy allowed us to generate a new set of functional enzymes that retain the spatial structure of IsPETase, yet exhibit significant amino acid sequence changes. The resulting enzymes showed increased robustness and improved stability properties (3). After a preliminary characterization, the putative ancestral enzyme with most promising features was selected as a parental template in a directed evolution campaign to improve its PET-degrading activity. This strategy required the development of a reliable High-Through Put Screening (HTPS) protocol to detect significant improvements among mutants and select the most suitable candidate for industrial applications. The combination of both strategies allowed us to identify regions that have been highly conserved across evolution, as well as regions where novel mutations could potentially enhance PET-hydrolyzing activity.

Financiación

This study was supported through grants from the Spanish Ministry for Science and Innovation/ Agencia Estatal de Investigación 10.13039/501100011033 (PID2019-103972GA-I00 to M.A.M., grant PID2020-112612GB-I00 to T.K. and PID2020-116261GB-I00 to J.A.G.), the Junta de Andalucía (grant P18-FR-1621 to T.K.) and by NIH Grant 1R35GM131760 (to I.B.Z.).

Referencias

Miguel A. Matilla, Abdelali Daddaoua, Andrea Chini, Bertrand Morel, Tino Krell. (2018) An auxin controls bacterial antibiotics production. *Nucleic Acids Res* 46:11229-11238.

José A. Gavira, Miriam Rico-Jiménez, Álvaro Ortega, Natalia V. Petukhova, Dmitrii S. Bug, Albert Castellví, Yuri B. Porozov, Igor B. Zhulin, Tino Krell, Miguel A. Matilla (2023) Emergence of an Auxin Sensing Domain in



Plant-Associated Bacteria. mBio. 2023 Feb 28;14(1):e0336322.

Miriam Rico-Jiménez, Salvador Muñoz-Mira, Cristina Lomas-Martínez, Miguel A. Matilla. Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and regulatory effects of auxin production deficiency in a biocontrol rhizobacterium. Under review.

#209 BOTRYTIS CINEREA BIOACTIVE PEPTIDES AND ITS ROLE DURING INFECTIVE PROCESS

Almudena Escobar , Mary Cuiñas , Andrea De Mateo , Francisco Javier Navas , Francisco Javier Fernández-Acero Acero.

¹(Microbiology and Proteomic Laboratory, Institute for Viticulture and Agri-Food Research (IVAGRO), Department of Biomedicine, Biotechnology and Public Health, University of Cádiz, Puerto Real, España)

Resumen de la comunicación

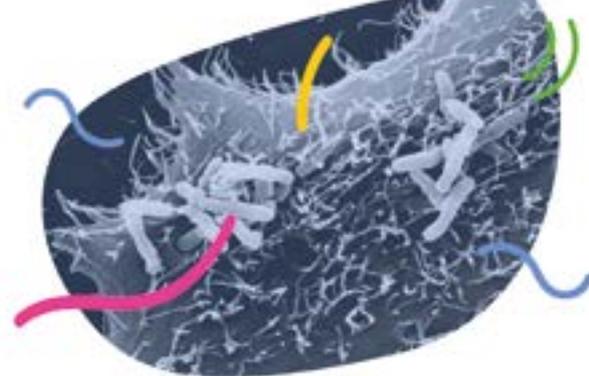
Bioactive peptides show important roles as agonist and antagonist of opioids, antioxidants, anticoagulants, regulators of cholesterol, blood pressure, or as antifungals and antibiotics. They are normally buried in the structure of parent proteins. So, they release depends on the cleavage of the parent protein by proteases. As result of this hydrolysis, the peptides become active. Another group of peptides is "de novo" produced by nonribosomal peptides synthases (NRPS) in microorganism, presenting also a wide range of functions. The potential use of *B. cinerea* to produce "bioactive peptides" has been previously reported. However, its presence and role during the infective process has not been characterized. This work proposes the isolation and characterization of bioactive peptides from *B. cinerea* cultures additioned with or without a protein source different from the own microorganism proteins. *B. cinerea* were cultured in the presence a source of vegetables proteins (tomato fruits) and glucose as control. Supernatants were filtered with nytal and loaded in centrifugal devices filters (cut-off 3kDa) to separate peptides from intact proteins. This peptide mixture was cleaned by acetone precipitation. Obtained peptides were used in tomato phytotoxic assays, antibiograms and proteome analysis. Those experiments showed that *B. cinerea* is able to produce peptides with phytotoxic and antibiotic activities, either by degrading plant proteins (TCW) or by "de novo" synthesis (GLU). LC-MS/MS analysis showed different peptides sequences with different potential activity identified under each assayed condition In addition, transcriptional analysis of NRPS genes annotated in the *B. cinerea* genome under both culture conditions were performed to complement the results of the proteomic assay. This work represent, for the first time, the role of these peptides during the infection cycle; and highlight the possible biotechnological application of this process in biomass valorization through the transformation of industrial plant residues in to bioactive compounds.

Financiación

Work supported by the "Plan Propio de la Universidad de Cádiz" 2022-2023 TO SUPPORT AND STIMULATE RESEARCH AND KNOWLEDGE TRANSFER (2020-008 / PU / PP-PROY-PUENTE / PR), (REF.2022-048 and REF. PR2022-002)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#228 PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS DE STREPTOCOCCUS DENTISANI: DENTISINAS

Ainhoa Revilla Guarinos, Arantxa López López, Ana Adrados, Sandra Lahoz, Álex Mira.¹

¹ (FISABIO-Salud Pública, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Las bacteriocinas —péptidos antimicrobianos— producidas por microorganismos GRAS o probióticos son muy interesantes para su aplicación a nivel industrial, y en la prevención/tratamiento de enfermedades. *S. dentisani* CECT 7746 es una bacteria probiótica que se encuentra en la boca de individuos sanos. Estudios previos con sobrenadantes de cultivos demostraron que produce bacteriocinas que inhiben el crecimiento de patógenos orales como *Streptococcus mutans* o *Streptococcus sobrinus* (1, 2). Hemos secuenciado y cerrado el genoma de la cepa CECT 7746 y lo hemos analizado para identificar todos los genes codificantes de posibles bacteriocinas. Para ello se usaron los programas informáticos AntiSMASH y BAGEL4. Posteriormente, InterPro y BLAST se usaron para realizar predicciones funcionales de las bacteriocinas así como identificar posibles ortólogos en otras especies. Hemos sintetizado químicamente algunas de ellas y hemos investigado su actividad antimicrobiana frente a patógenos. El análisis con AntiSMASH indicó la presencia de dos posibles islas con genes codificantes de bacteriocinas en su genoma. Se identificaron 14 bacteriocinas en total, a las cuales hemos llamado Dentisinas, todas ellas con una secuencia líder de doble glicina. De estas Dentisinas, 10 son de tipo IIb (bacteriocinas con dos cadenas peptídicas), una pertenece a la clase IIa (tipo pediocina, Dentisina B) y 3 no pudieron ser asignadas a ninguna clase por InterPro. Se encontraron genes ortólogos en especies como *Streptococcus pneumoniae* o *Streptococcus mitis*, entre otras. Las bacteriocinas de tipo pediocina son activas frente a *Listeria monocytogenes*. Hemos sintetizado químicamente la Dentisina B, y hemos comprobado experimentalmente mediante inhibición en medio líquido que tiene actividad contra *Listeria* con una concentración mínima inhibitoria de 25 µg ml⁻¹. Nuestros resultados sugieren que *S. dentisani* 7746 es uno de los aislados bacterianos con el mayor repertorio de bacteriocinas conocido hasta la fecha.

Financiación

Este proyecto ha recibido financiación del Programa Europeo de Investigación e Innovación Horizon2020: beca Marie Skłodowska-Curie No 101026278, proyecto SMILES; y de Fundación FISABIO: proyecto BactiDent.

Hipervínculo

<http://centros.fisabio.san.gva.es/web/oral-microbiome-laboratory/inicio>

Referencias

(1), López-López, 2017. *FrontiersMicrobiology* 8:379-379.

(2), Conrads, 2019. *FrontCell Infect Microbiol* 9:110.



#247 GENETIC TRAPS TO SABOTAGE BACTERIAL VIRULENCE IN MYCOBACTERIUM

Laura Sanz Asensio, Juan Calvet Seral, Estefanía Crespo Yuste, Jesús Gonzalo Asensio.¹

¹(Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

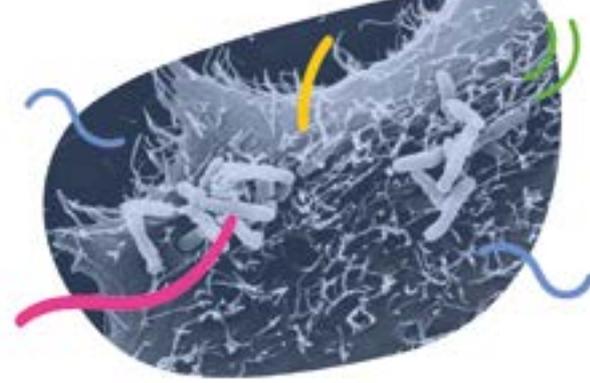
Tuberculosis (TB) is caused by microorganisms of the Mycobacterium tuberculosis Complex (MTBC). Historically, TB has killed more people than any other infectious disease. Today, the high number of drug-resistant TB has become a major public health concern in many countries. Given this rise in antibiotic resistance, alternative strategies to fight TB are under investigation. Antivirulence approaches, which focus on disarming pathogens by neutralizing their virulence factors, represent a promising strategy. The PhoPR Two-Component System (TCS) is key for the virulence of Mycobacterium tuberculosis. Since the PhoP protein acts as a transcription factor (TF), the aim of this project was to develop a TF genetic trap to render the PhoPR TCS inactive. To this end, a plasmid containing multiple repetitions of well-known, high-affinity PhoP promoters (pks2, pks3, mcr7, lipF, mihF) was constructed in order to trap PhoP (pJV-MiniChrPhoP). The pJV-MiniChr-PhoP plasmid was introduced into Mycobacterium smegmatis, which was used as a safe surrogate model of M. tuberculosis. In parallel, we identified the PhoPR regulon in M. smegmatis by RNA-seq, demonstrating the predominant role of PhoP as a transcriptional repressor in this species. The effect of introducing the pJVMiniChr-PhoP over the PhoPR regulon was checked by qRT-PCR and GFP fluorescence. Results showed a significantly increased expression of PhoPR-repressed genes (such as ioIC, MSMEG_0894 or MSMEG_6294) in the presence of the PhoP trapping plasmid, indicative of de-repression due to PhoP sabotage. To further demonstrate the genetic trap mechanism, M. smegmatis harbouring the pJV-MiniChrPhoP was co-transformed with reporter plasmids containing the GFP gene under the control of well-known PhoP promoters. Our results indicate that the genetic trap efficiently recruits PhoP, based on altered gene expression measures. Hence, the delivery of this TF sabotage mechanism into pathogenic mycobacteria could represent an attractive therapeutic strategy.

Referencias

Gonzalo-Asensio et al. (2006) PLoS one
Walters et al. (2006) Mol Microbiol
Broset et al. (2015) mBio

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#395 DETERMINACIÓN DE LOS NIVELES DE MEMORIA DE SISTEMAS SENSORES: EL CASO DE TETR

Miguel Báez Martín, Carlos Díaz Ceballos, Raúl Fernández López, Victor Manuel Campa Fernández.¹

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, Santander, España)

Resumen de la comunicación

Los microorganismos perciben cambios en su entorno gracias a receptores específicos y sistemas de transducción de la señal. La precisión de estos sistemas se encuentra limitada por las fluctuaciones estocásticas que se producen tanto en las condiciones ambientales, como en la abundancia de las moléculas encargadas de la recepción y transmisión del mensaje. Uno de los aspectos peor conocidos de las rutas de transducción de la señal es su capacidad de memoria. La memoria, en estos sistemas, establece el peso de eventos pasados en el procesamiento de la información presente, y es un factor muy importante en el establecimiento de la precisión en los sistemas de medida. En este trabajo hemos utilizado TetR, un sistema canónico de un componente, para estudiar los factores que afectan a la memoria del sistema. Utilizando un dispositivo microfluídico que nos permite la monitorización de células individuales en un ambiente controlado en el tiempo, hemos medido la persistencia y magnitud de la memoria de TetR respecto a pulsos de antibiótico. Nuestros resultados indican que tanto aspectos intrínsecos del receptor como su vida media, como extrínsecos – la existencia de feedbacks funcionales participan en la determinación de los niveles de memoria en TetR.



#406 A NOVEL NATURAL SIDEROMYCIN UNVEILS A NEW STRATEGY TO DESIGN SIDEROPHORE CONJUGATES

Ernesto Anoz Carbonell¹, Thibault Caradec¹, Ravil Petrov¹, Xavier Trivelli², Ruben C Hartkoorn¹.

¹(Univ. Lille, CNRS, Inserm, CHU Lille, Institut Pasteur Lille, U1019 - UMR 9017 - CIIL - Center for Infection and Immunity of Lille, Lille, France, Metropolitan)

²(Univ. Lille, CNRS, INRAE, Centrale Lille, Univ. Artois, FR 2638 - IMEC - Institut Michel-Eugène Chevreul, Lille, France, Metropolitan)

Resumen de la comunicación

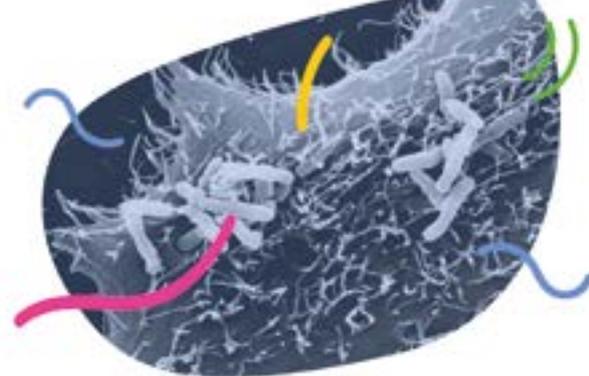
An important hurdle in the development of novel antibiotics is designing compounds capable to effectively travel through the complex bacterial cell wall which acts as a first-line defense mechanism to antibiotics. Natural siderophore-antibiotic conjugates (sideromycins) overcome these problems by hijacking siderophore uptake systems, acting as “Trojan Horses” that deliver antibiotics into bacteria. In the soil bacterium *Dactylosporangium fulvum*, a “hybrid” biosynthetic gene cluster is responsible for the production of the antibiotic pyridomycin and a novel siderophore named chlorodactyloferrin, but most importantly a conjugate of both compounds. This molecule can be produced in absence of any biological material (i.e. enzymes or bacteria) by a simple chemical reaction. Inspired by this novel sideromycin, we generated several siderophore-“cargo” conjugates by coupling different fluorophores and antibiotics to chlorodactyloferrin and we demonstrated that are uptaken by *Dactylosporangium*-related bacteria. Our findings open up new opportunities for the design and synthesis of alternative biomimetic siderophores conjugates.

Financiación

This project has received funding from the European Research Council (ERC) under the European Union’s Horizon 2020 research and innovation programme (grant agreement No 864832).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#414 DESCRIPTION OF TOXIN-ANTITOXIN SYSTEMS IN ANABAENA SP. PCC 7120 ANALYZING THEIR ROLE AS ADDICTION MODULES &NBSP;

Rocío López Igual, Alicia Segura Mejías, Daniel Neyra , Ignacio Luque.

¹(Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, Universidad de Sevilla y CSIC, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Cyanobacteria are the only prokaryotes able to perform oxygenic photosynthesis that plays an important role in the primary productivity of Earth. They are promising tools for biotechnological purposes, but their genome instability is one of the reasons that is halting the breakthrough. In bacteria, mobile genetic elements (MGEs) increase instability but bring new functions that can be adaptive. The filamentous and heterocyst-forming cyanobacterium *Anabaena* sp. PCC 7120, is characterized by a large and complex genome that includes 6 plasmids, and a plethora of predicted MGEs and Toxin-antitoxin (TA) modules. TA systems are widespread genetic modules throughout bacterial genomes, and they can be also known as “addiction modules” responsible of the stabilization of MGEs by a post-segregational killing mechanism.

Among TA-systems, Type II consists of an operon which encodes 2 proteins: a growth-inhibiting toxin, and its cognate antitoxin that blocks toxin effect. We aim at identifying predicted Type II TA-systems of *Anabaena* and clarifying their role in the stabilization of MGEs. First, we have analyzed the genome by using different bioinformatic tools looking for TA-genes and found numerous candidates within the six plasmids and three DNA rearrangements (*nifD*, *hupL* and *fdxN*) that are excised from the chromosome of *Anabaena* during heterocyst differentiation¹. We have developed a method to identify the functionality of the predicted TA-systems by heterologous expression in *Escherichia coli*. This method allowed us to identify numerous type II TA-systems encoded in some of these DNA elements. Currently, we are developing a sophisticated method in order to test their possible role in stabilization of these elements and finally eliminate them. Our final goal is to erase the accessory genome -responsible of genome instability- and construct an easier handle synthetic strain of *Anabaena* for the green biotechnological revolution.

Financiación

This work was funded by grant PID2019-104784RJ-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033, grant RYC2021-034768-I funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the EU “NextGenerationEU”/PRTR”, and Ayuda del VI PLAN PROPIO DE INVESTIGACIÓN Y TRANSFERENCIA - US 2020.

Programa Operativo de Empleo Juvenil (marco del Fondo Social Europeo, FSE), Universidad de Sevilla (Reference: EJ5-62) to ASM.

AYUDAS A LOS AGENTES NO UNIVERSITARIOS DEL SISTEMA ANDALUZ DEL CONOCIMIENTO PARA LA CONTRATACIÓN DE JÓVENES INVESTIGADORES Y PERSONAL TÉCNICO DE APOYO DE I+D+I, en el marco del programa operativo de empleo juvenil y de la iniciativa de empleo juvenil. (BOJA núm. 138, de 20 de julio de 2021) (Reference AND21_IBVF_M2_087) to DN.

Referencias

(1) Hilton, J. A., Meeks, J. C. & Zehr, J. P. Surveying DNA elements within functional genes of heterocyst-forming cyanobacteria. *PLoS One* 11, 1–15 (2016).



#430 DETECCIÓN DE NUEVOS MECANISMOS DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS DE USO HOSPITALARIO MEDIANTE METAGENÓMICA FUNCIONAL

Sebastián Acosta Jurado, Belén Guillén Tirado, Cynthia Alías Villegas, Eva María Camacho, Amando Flores.¹

¹(Universidad Pablo de Olavide, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Los antimicrobianos (AM) son medicamentos generalmente usados para tratar infecciones microbianas. Sin embargo, nuestra capacidad para combatir infecciones, se está viendo amenazada debido al rápido desarrollo y expansión de mecanismos de resistencia frente a los actuales antimicrobianos (AMR). De hecho, organizaciones internacionales estiman que, si no se toman medidas, las muertes producidas por AMR alcanzarán los 10 millones anuales en 2050, superando así las debidas al cáncer. En la naturaleza existe una enorme diversidad microbiana de la cual sólo un pequeño porcentaje puede ser cultivado en condiciones de laboratorio. Para acceder al contenido genético de los microorganismos de la naturaleza, cultivables y no cultivables, se emplean las técnicas metagenómicas, ya que no implican el cultivo de los microorganismos. En el caso de la metagenómica funcional, se lleva a cabo la construcción de librerías metagenómicas usando el ADN aislado directamente del ambiente y la subsecuente expresión heteróloga en una bacteria hospedadora permitiendo así la detección de un determinado fenotipo.

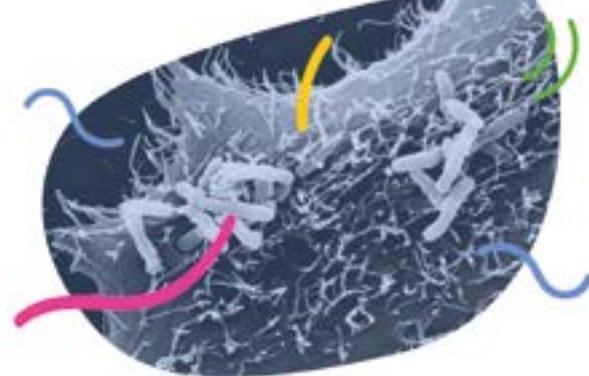
En nuestro laboratorio, disponemos de varias metagenotecas construidas a partir de ADN bacteriano procedente de diferentes ambientes, así como diferentes estirpes y especies especializadas en la expresión del ADN metagenómico (Terrón-González et al. 2013 y 2016). Recientemente hemos construido una nueva metagenoteca con muestras de suelo de un lugar prístino, el parque natural de Los Alcornocales (Cádiz). El escrutinio de esta metagenoteca, usando *E. coli* como especie hospedadora, nos ha permitido identificar nuevas versiones de genes de resistentes a distintos antibióticos de uso hospitalario, como ciprofloxacino, meropenem o ceftriaxona, además de nuevos genes no descritos previamente y que están siendo caracterizados en nuestro laboratorio. Por otro lado, hemos desarrollado una nueva herramienta genética que nos permite utilizar otras especies bacterianas como receptoras de la metagenoteca, permitiendo así, la detección de nuevos genes de resistencia a estos antibióticos no detectados en *E. coli*.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de economía, industria y competitividad (SAF2017-85785-R), el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y por la Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y Universidad, de la Junta de Andalucía, en marco del programa operativo FEDER Andalucía 2014-2020. UPO-1380700, en línea de ayudas para la captación, incorporación y movilidad de capital humano de I+D+I (PAIDI2020) y el sistema nacional de garantía juvenil y del programa operativo de empleo juvenil.

Referencias

Terrón-González L, Medina C, Limón-Mortés MC, Santero E. 2013. Heterologous viral expression systems in fosmid vectors increase the functional analysis potential of metagenomic libraries. *Sci Rep* 3.
Terrón-González L, Martín-Cabello G, Ferrer M, Santero E. 2016. Functional metagenomics of a biostimulated petroleum-contaminated soil reveals an extraordinary diversity of extradiol dioxygenases. *Appl Environ Microbiol* 82:2467-2478.



COMUNICACIONES ORALES

Microbiología de los Alimentos

#80 COMPOSICIÓN DEL MICROBIOMA Y BACTERIOMA INTESTINAL EN FUNCIÓN DE LA ADHERENCIA A LA DIETA MEDITERRÁNEA

Andrea Alvarez-Sala¹, Sonia Ruiz-Pérez², Nuria Jiménez-Hernández^{2,3}, Eva Cristina Pascual¹, Javier Pons², José Vicente Solís^{1,4}, Dolores Corella^{1,4}, María José Gosálbes^{3,2}.

¹ (Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública. Universidad de Valencia, Valencia, España)

² (Área Genómica y Salud. FISABIO-Salud Pública, Valencia, España)

³ (CIBER de Epidemiología y Salud Pública. Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

⁴ (CIBER de Fisiopatología de la Obesidad y la Nutrición. Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La dieta es uno de los factores que mayor efecto ejerce sobre la estructura de la microbiota intestinal. Hemos analizado tanto la composición de la comunidad bacteriana como fúngica intestinal de 106 personas de la población general que fueron seleccionadas según su adherencia a la dieta mediterránea: 56 con alta adherencia (AADM) y 50 con baja adherencia (BADM). Se aisló el DNA total de muestras fecales y se utilizó como molde para la obtención de amplicones bacterianos y fúngicos. La secuenciación se llevó a cabo con el secuenciador MiSeq y las secuencias se procesaron utilizando el pipeline DADA2. La información taxonómica de los ASVs se obtuvo por comparación BLAST contra la base de datos de hongos UNITE ITS (v8.0) y la base de datos bacteriana Silva (v123). El análisis de los amplicones bacterianos (V3-V4) mostró una mayor diversidad (índice Shannon) y riqueza (índice Chao1) en la microbiota asociada a una dieta AADM ($p=0.0009$). Asimismo, el análisis PCoA indicó una estructura diferencial entre ambas comunidades bacterianas (test de Adonis, $p=0.003$) con una mayor abundancia de géneros como *Blautia* ($p=0.002$), *Roseburia* ($p=0.0004$), *Prevotella* ($p=0.001$) o *Faecalibacterium* ($p=0.036$) en la microbiota asociada a una dieta AADM. Para el análisis del micobioma se amplificó (primers ITS3-F y ITS4-R) y secuenció la región ITS2 del operon ribosomal fúngico. Se observó que el micobioma asociado a una dieta BADM presentaba un índice Chao1 mayor que el asociado a una dieta AADM ($p=0.024$). El análisis PCoA también indicó una estructura diferente entre ambos micobiomas (test de Adonis, $p=0.056$). Además, para ambos grupos de microbiota, AADM y BADM, el bacterioma era mucho más diverso y rico que el respectivo micobioma ($p \leq 2.2e-16$). Al evaluar las interacciones entre el bacterioma y micobioma mediante un análisis sPLS observamos unas asociaciones diferentes en la microbiota de cada tipo de dieta.



#179 ANÁLISIS DE RESISTOMA EN METAGENOMAS DE MATERIAS PRIMAS, PRODUCTO FINAL Y AMBIENTES DE MÁS DE 100 INDUSTRIAS ALIMENTARIAS EUROPEAS

José F. Cobo Díaz¹, Narciso Martín Quijada^{2,3}, Vincenzo Valentino⁴, Niccolò Carlino⁵, Francesca De Filippis⁴, Federica Pinto⁵, Martin Wagner⁶, Danilo Ercolini⁴, Nicola Segata⁵, Avelino Álvarez Ordóñez¹.

¹(Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León, España)

²(Departamento de Microbiología y Genética, Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

³(Austrian Competence Centre for Feed and Food Quality, Safety and Innovation, FFoQSI GmbH, Tulln an der Donau, Austria)

⁴(Department of Agriculture, University of Naples Federico II, Nápoles, Italia)

⁵(Department of Cellular, Computational and Integrative Biology; University of Trento, Trento, Italia)

⁶(Austrian Competence Centre for Feed and Food Quality, Safety and Innovation, FFoQSI GmbH, Tulln An Der Donau, Austria)

Resumen de la comunicación

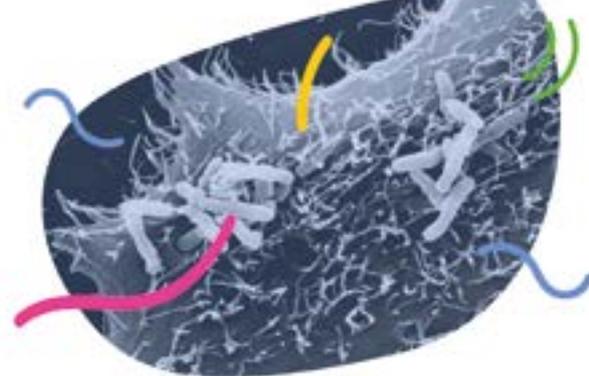
Los ambientes de procesamiento de alimentos pueden actuar como un reservorio de microorganismos resistentes a los antimicrobianos, y la propagación de genes de resistencia a antimicrobianos (GRA) a lo largo del proceso de producción de alimentos es una preocupación creciente que debe estudiarse en profundidad. Con el objetivo principal de determinar la dispersión de GRA en distintos sistemas de producción de alimentos, se realizó un análisis de resistomas (conjunto de GRA) en 113 plantas de procesamiento de alimentos (3 de vegetales, 6 de pescado, 19 de carne o productos cárnicos y 76 de quesos). Se recogieron un total de 384 muestras de materias primas, 1044 de ambientes (superficies en contacto y no contacto con alimentos) y 451 de productos finales, de las que se extrajo el ADN para su posterior secuenciación mediante tecnología Illumina 150PE, obteniendo alrededor de 7,5 Gbp por muestra. Las lecturas se enfrentaron a la base de datos ResFinder para detectar GRA. Un análisis de coordenadas principales mostró diferencias significativas en la ordenación de las muestras según el tipo de industria o el tipo de muestra. Las industrias cárnicas mostraron una mayor abundancia y riqueza de GRA y una menor diversidad de GRA que otros tipos de industrias, mientras que las muestras ambientales mostraron una mayor abundancia, riqueza y diversidad de GRA que las materias primas y los productos finales. Los GRA asociados a tetraciclinas fueron los más abundantes, en general, mientras que los asociados a betalactámicos y aminoglucósidos fueron los más abundantes en ambientes de industrias cárnicas y queserías, siendo tet(L), tet(M), blaOXA-211-like y tet(K) los principales GRA encontrados. Aunque los niveles de GRA fueron más bajos en producto final que en ambientes, una monitorización de éstos resulta importante para controlar la propagación de GRA a través de la cadena alimentaria.

Financiación

Este trabajo fue subvencionado por el Programa de Investigación e Innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea, bajo el acuerdo de subvención No. 818368 (MASTER). NMQ es actualmente financiado por el Programa de Investigación e Innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea mediante el acuerdo de subvención Marie Skłodowska-Curie No 101034371.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#188 CARACTERIZACIÓN DE LEVADURAS NO-SACCHAROMYCES PARA LA ELABORACIÓN DE CERVEZA ARTESANA

Patricia Gil Flores¹, María Luz Álvarez Franco², Emiliano Zamora De Alba², Alberto Martínez Brígido¹, Manuel Ramírez Hernández¹, Luis Miguel Hernández Martín¹, Joaquín Bautista Gallego¹.

¹ (Universidad de Extremadura, Badajoz, España)

² (Estación Enológica de Almedralejo, Badajoz, España)

Resumen de la comunicación

El creciente interés que la cerveza artesana está adquiriendo desde hace ya varios años repercute en la búsqueda de nuevas especies de levaduras capaces de aportar nuevos perfiles y atributos a las cervezas. *Saccharomyces cerevisiae* es la levadura utilizada por excelencia, pero es en las levaduras no-*Saccharomyces* donde podemos encontrar novedosas características aún no aplicadas a este sector. Una extensa colección de levaduras aisladas de distintas zonas geográficas (España e Italia), de entre las cuales se incluyen géneros como *Saccharomyces*, *Torulaspota*, *Lachancea*, *Wickerhamomyces*, *Metschnikowia*, *Pichia* y *Candida*, fueron sometidas a test de floculación, cinética de fermentación, resistencia al lúpulo, utilización de azúcares y off-flavor con la finalidad de seleccionar aquellas que presentaban mejores atributos para realizar y completar la fermentación de mosto de cerveza. De entre todas, tres cepas de *Lachancea thermotolerans* (A57, A391, y A392) mostraron los mejores resultados, destacando particularmente su elevada capacidad de acidificación. Posteriormente, se utilizó cada una de estas tres cepas más dos controles (*S. cerevisiae* S-04 y *L. thermotolerans* Hansen®) para elaborar cerveza estilo Munich. Todas las cervezas obtenidas destacaron por su elevada acidez en comparación con la producida con *S. cerevisiae* S-04, sobre todo la elaborada con *L. thermotolerans* A57. Del mismo modo, las cervezas producidas con las cepas A57 y A392 fueron las que obtuvieron las mejores puntuaciones globales en el análisis sensorial. En general, encontramos un gran potencial de *L. thermotolerans* en la producción de cerveza ácida por dos motivos: su aportación particular en el perfil organoléptico, y la simplificación y abaratamiento para realizar este tipo de cerveza sin la necesidad de utilizar bacterias lácticas previas a la fermentación alcohólica, ni *S. cerevisiae* para consumir el total de azúcares.

Financiación

Financiación: Proyectos IB20069 y GR21062 financiados por la Consejería de Economía, Ciencia y Agenda Digital, Junta de Extremadura y la Unión Europea. Patricia Gil agradece su Ayuda predoctoral PD18051 financiada por Junta de Extremadura y FEDER.



#207 ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX RESISTENTES A COLISTINA EN VEGETALES FRESCOS Y SU ENTORNO DE PRODUCCIÓN

Alberto Pintor-Cora , Angel Alegría , María-Luisa García-López , Jose M. Rodríguez-Calleja , Jesús A. Santos.¹

¹(Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

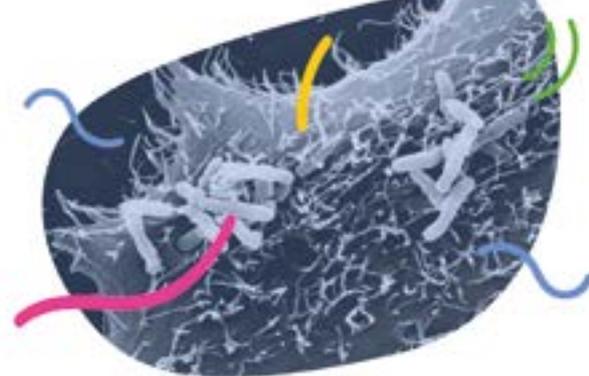
Enterobacter cloacae complex (ECC) es un conjunto de especies del género Enterobacter con importancia clínica que ha suscitado preocupación debido al incremento en la prevalencia de factores de resistencia a colistina; molécula especialmente relevante como antibiótico de último recurso. Dentro de estos factores, destaca la familia de genes mcr por su carácter transmisible. La prevalencia de estos determinantes en ECC en ámbitos clínicos ha sido previamente valorada, pero el conocimiento sobre su transmisión a través de la cadena alimentaria resulta escaso. El objetivo de este estudio fue caracterizar un conjunto de aislados de ECC procedentes de vegetales frescos de consumo directo y su entorno de producción por su resistencia a colistina. Una colección de 25 aislados pertenecientes al ECC fueron analizados mediante siembra en spot en Agar Mueller Hinton suplementado con colistina (2 mg/L), seleccionando aquellos aislados resistentes para la secuenciación de su genoma completo (WGS) y el establecimiento de su concentración mínima inhibitoria. El análisis permitió detectar tres aislados resistentes a colistina: ZA03e (zanahoria, Enterobacter kobei, MIC=64 µg/uL), LE07E1 (lechuga, Enterobacter ludwigii, MIC=4 µg/uL) y AG07E (agua de riego, Enterobacter kobei, MIC=128 µg/uL). Los mecanismos de resistencia de los aislados ZA03E y LE07E1 fueron asociados al determinante no transmisible EptA, mientras que la cepa AG07E resultó positiva al gen mcr-9.1. A fin de estudiar la transmisibilidad del gen mcr-9.1, se llevaron a cabo experimentos de conjugación empleando la cepa E. coli CECT670 como receptora, que confirmaron su carácter móvil. La presencia de factores móviles de resistencia a colistina en vegetales frescos resulta particularmente preocupante, dado que su consumo directo puede permitir a las bacterias portadoras de estos genes interactuar con la microbiota del consumidor y su transmisión horizontal.

Financiación

Proyecto PID2019-107870RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#250 CARACTERIZACIÓN MOLECULAR (WGS) DE AISLADOS DE LISTERIA MONOCYTOGENES DEL AMBIENTE DE PROCESADO DE UNA PLANTA DE VEGETALES CONGELADOS

Pilar Truchado¹, María I Gil¹, Ania Pino Querido-Ferreira², Cecilia López-Capón³, Avelino Alvarez-Ordoñez⁴, Ana Allende¹.

¹(CEBAS-CSIC, Murcia, España)

²(Allgenetics, La Coruña, España)

³(CETAL, Lugo, España)

⁴(Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

Existe una gran preocupación en el sector de vegetales congelados debido a la vinculación de una infección alimentaria por *Listeria monocytogenes* y la contaminación del ambiente de procesado. La investigación consiguió vincular el serotipo IVb de *L. monocytogenes*, identificado en los casos clínicos, con los aislados obtenidos en el túnel de congelación, todo gracias a la secuenciación del genoma completo (WGS). Este brote supuso un punto de inflexión para la industria de congelación, manifestando la necesidad de identificar cuáles son los nichos de contaminación más relevantes de *L. monocytogenes*, así como su idoneidad para persistir en estos ambientes. El objetivo del presente trabajo fue el identificar los posibles puntos dónde es más probable que se pueda producir la contaminación cruzada entre el ambiente de procesado y el producto final, así como los posibles nichos de contaminación de *L. monocytogenes*. Se muestrearon más de 80 puntos y de los aislados obtenidos se realizó la WGS. Los resultados revelaron la presencia de *L. monocytogenes* en el producto final (11%), en superficies en contacto con el alimento (FCS) (13%) y en superficies no en contacto con el alimento (n-FCS) (24%). Los aislados obtenidos de las n-FCS compartían el mismo serotipo (1/2a-3a) que el encontrado en el producto final. Sin embargo, el serotipo 1/2b-3b se encontró principalmente en las muestras de FCS. La WGS reveló la presencia de cuatro tipos de secuencia de múltiples locus diferentes, la más prevalente ST7, seguida de ST5, ST87 y ST8. Se observaron coincidencias entre aislados del producto final y n-FCS (suelos y desagües), indicando su relevancia en la propagación de la contaminación. Este estudio pone de manifiesto que los actuales programas de control implementados en la industria del congelado deberían revisarse e intensificarse para reducir la fuente potencial de contaminación con *L. monocytogenes*.

Financiación

Financiación: Center for Produce Safety 2019CPS01, MICINN (PID2019-104931RB-I00) y Programa AGROALNEXT financiado por MCIN con fondos NextGenerationEU (PRTR-C17.11) y por la Fundación Séneca con fondos de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia (CARM).



#310 DESARROLLO DE NUEVO MÉTODO MÁS ECOLÓGICO DE AISLAMIENTO, PURIFICACIÓN Y CONCENTRACIÓN DE VIRUS EN ALIMENTOS

Jorge Santamaría Palacios, Lorena Casado Martín, Nadine Yeramian Hakim, Daniel Perez Alonso, David Rodríguez Lázaro.¹

¹ (Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

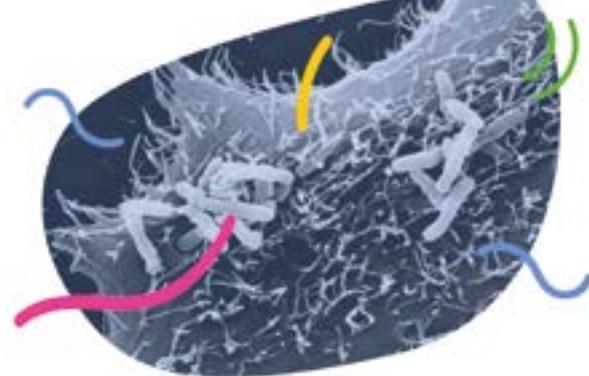
Los métodos actuales de detección de virus en alimentos incluyen un paso de aislamiento, concentración y purificación de las partículas víricas, que debe conseguir una separación eficaz de otros componentes de la matriz alimentaria, los cuales muchas veces se comportan como sustancias interferentes, tanto para la extracción del ADN/ARN viral, como para la posterior detección por PCR. Estos métodos de aislamiento implican el empleo de disolventes orgánicos en mayor o menor grado. Evitar el empleo de estos solventes orgánicos tiene grandes ventajas: desde el punto de vista medioambiental no requieren estos reactivos contaminantes, ni se generan residuos que los contienen. Desde el punto de vista laboral, aumenta la seguridad de los trabajadores al no tener que emplear estos reactivos, ni tener que almacenarlos en sus instalaciones. Desde el punto de vista económico, se ahorra la compra de estos reactivos y el tratamiento de los residuos peligrosos generados. El objetivo de este trabajo fue el desarrollo un método que evita el uso de solventes orgánicos. El método desarrollado se empleó para el aislamiento del virus de Hepatitis E en muestras de porcino, tanto crudas como en productos cárnicos elaborados. Se comparó el método con otros 2 ampliamente utilizados para este virus. Se emplearon 21 muestras de hígados de cerdo naturalmente infectadas de HEV. El tratamiento estadístico indica que el nuevo método es significativamente similar a uno de los métodos, mientras que fue significativamente más sensible que el otro. Por lo tanto, se ha desarrollado un método tan eficaz como los empleados en la detección de virus en muestras alimentarias complejas. Sin embargo, es necesario continuar la investigación para, validar el método para otros tipos de virus y otros tipos de matrices alimentarias, o muestras clínicas o ambientales.

Financiación

Beca FPU.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#354 EVALUACIÓN DE LA RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS ASOCIADA A ELEMENTOS GENÉTICOS MÓVILES EN ALIMENTOS Y ENTORNOS DE PRODUCCIÓN DE ALIMENTOS

Narciso Martín Quijada^{1,2}, Jose Francisco Cobo Díaz³, Vincenzo Valentino⁴, Niccolò Carlino⁵, Francesca De Filippis⁴, Federica Pinto⁵, Danilo Ercolini⁴, Nicola Segata⁵, Martin Wagner², Avelino Álvarez Ordóñez³.

¹ (Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

² (Austrian Competence Centre for Feed and Food Quality, Safety and Innovation, FFoQSI GmbH, Tulln An Der Donau, Austria)

³ (Universidad de León, León, España)

⁴ (University of Naples Federico II, Napoli, Italia)

⁵ (University of Trento, Trento, Italia)

Resumen de la comunicación

Las resistencias a antimicrobianos (RAM) son una amenaza global ya que los microorganismos se están volviendo refractarios al tratamiento antimicrobiano. En ese aspecto, la cadena alimentaria se comporta como un foco crítico de dispersión de RAM. En el proyecto MASTER se recogieron más de 1800 muestras de alimentos y de plantas de producción en distintos países de Europa con el objetivo, entre otros, de investigar las RAM y su relación con elementos genéticos móviles (MGE), los cuales favorecen la diseminación de determinantes de resistencia entre microorganismos de la misma o distinta especie. Las muestras se sometieron a secuenciación masiva de ADN y a un análisis bioinformático mediante distintas aproximaciones: mapeo directo, ensamblado y análisis de contigs, y reconstrucción de genomas procedentes de metagenomas. Cada una de las aproximaciones cuenta con ventajas y limitaciones cuya evaluación es imprescindible para la correcta interpretación de los resultados. El mapeo directo de lecturas es un proceso relativamente rápido y poco costoso computacionalmente y nos permitió evaluar de manera cuantitativa la presencia de genes de RAM en las distintas muestras. Sin embargo, dado el pequeño tamaño de lecturas de Illumina, no es posible investigar el entorno del gen diana (ni por tanto investigar taxonomía ni asociación a MGEs). Esta limitación se sobrepuso mediante el proceso de ensamblado, el cual es computacionalmente costoso y cuyo análisis de datos requiere de conocimientos de programación avanzados. Los resultados tras ensamblar mostraron una gran mayoría de genes RAM asociados a bacterias del grupo ESKAPEE (Enterococcus faecium, Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Pseudomonas aeruginosa, Enterobacter spp. y Escherichia coli), de relevancia crítica. Los genes de RAM más abundantes estaban relacionados con resistencias a aminoglucósidos, beta-lactámicos y tetraciclinas. El análisis de MGE reveló un alto porcentaje de genes RAM localizados en distintos MGEs como plásmidos e integrones.

Financiación

Este trabajo fue subvencionado por el Programa de Investigación e Innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea, bajo el acuerdo de subvención No. 818368 (MASTER). NMQ es actualmente financiado por el Programa de Investigación e Innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea mediante el acuerdo de subvención Marie Skłodowska-Curie No 101034371.

Hipervínculo

<https://www.master-h2020.eu/>



#377 HETEROGENEIDAD DE LOS TAXONES BACTERIANOS DURANTE EL PROCESO DE CURACIÓN DEL JAMÓN IBÉRICO EN DISTINTAS LOCALIZACIONES DE CASTILLA Y LEÓN

Beatriz Blázquez^{1,2}, Fernando Sánchez Juanes³, Esther Menéndez⁴, Pedro F. Mateos⁴.

¹(Grupo Jamones Blázquez, Salamanca, España)

²(Universidad de Salamanca, Departamento de Microbiología y Genética, Salamanca, España)

³(Universidad de Salamanca, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Salamanca, España)

⁴(Universidad de Salamanca, Departamento de Microbiología y Genética, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

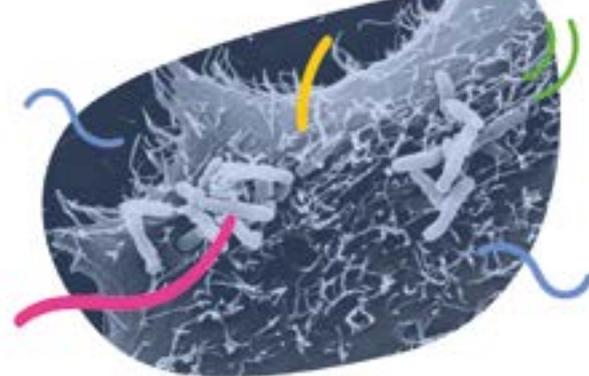
El jamón ibérico tiene unas características nutricionales y organolépticas que lo hacen único en su género, siendo muy apreciado y consumido no sólo en España, si no en una lista creciente de países y regiones del mundo. Existen poco estudios acerca de la microbiota del jamón ibérico, y los que se han realizado se han centrado en la diversidad fúngica y apenas se describen las comunidades bacterianas. En este trabajo presentamos los resultados obtenidos de la microbiota bacteriana en el proceso de curación del jamón ibérico de bellota en 3 fábricas localizadas en Castilla y León: Crespos, Peñaranda y Guijuelo aplicando diferentes metodologías como la proteómica y la secuenciación masiva de amplicones. Se tomaron muestras a lo largo de las distintas etapas del proceso de curación del jamón ibérico (post salado, secadero, bodega) y los resultados muestran que a lo largo del tiempo se observa una sucesión heterogénea entre los taxones bacterianos del ambiente y de la superficie del jamón tanto en cada una de las fábricas como en los diferentes lugares de curación dentro de ellas. Sin embargo, hemos observado como especie más común a todas las fábricas y a lo largo del tiempo de curación a *Staphylococcus equorum*. Esta investigación abre la perspectiva para el estudio de la importancia de las bacterias en el proceso de curación de jamón ibérico.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Grupo Jamones Blázquez a través de un convenio universidad –empresa con la Universidad de Salamanca.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#429 AUMENTO DE RESISTENCIA AL CALOR EN POBLACIONES DE LISTERIA MONOCYTOGENES TRAS ENSAYOS DE EVOLUCIÓN DIRIGIDA

Daniel Berdejo , Natalia Merino , Elisa Pagán , Diego García-Gonzalo , Rafael Pagán.¹

¹(Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, 50013, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

En alimentos listos para consumo (LPC) se aplican tratamientos térmicos de baja intensidad que permiten asegurar su inocuidad minimizando la modificación sensorial y nutricional del alimento. No obstante, la aparición de fenómenos de adaptación y resistencia al calor en bacteria patógenas de gran relevancia en LPC, como *Listeria monocytogenes*, podría llegar a suponer un riesgo de supervivencia en este tipo de alimentos. El objetivo de este estudio fue evaluar la aparición de variantes genéticas resistentes al calor en ensayos de evolución dirigidos. Estos ensayos consistieron en la exposición de una población bacteriana de *L. monocytogenes* EGD-e a tratamientos térmicos letales (55 °C/20 min) seguido de un periodo recuperación de las células supervivientes en medio de cultivo fresco (37°C/23 h). Este procedimiento fue repetido un total de 10 veces, tras el cual se aislaron las poblaciones evolucionadas en placas de agar. Asimismo, estos ensayos fueron realizados en paralelo un total de 10 veces (10 líneas de evolución). Tanto los datos de inactivación resultantes de la monitorización durante los ensayos de evolución, como los obtenidos tras finalizar los ensayos, reflejaron un incremento de resistencia al calor con respecto a la cepa parental en todas las líneas de evolución. No obstante, cada una de las líneas mostró un patrón fenotípico distinto, reflejando diferencias de entre 0,5 y 4 ciclos log 10 de inactivación entre la cepa parental y las distintas líneas de evolución tras el tratamiento (55 °C/20 min). La secuenciación del genoma de las variantes resistentes reveló múltiples mutaciones en reguladores transcripcionales activados por estrés oxidativo entre los que destaca el gen *cstR*, represor de sulfurotransferasas. Este estudio demuestra la aparición de variantes resistentes al calor tras varios ciclos de tratamientos térmicos y refleja la necesidad de más estudios que evalúen el alcance e impacto de estas variantes en la cadena alimentaria.

Financiación

PID2021-123404NB-I00.



COMUNICACIONES ORALES

Taxonomía, Filogenia y Diversidad

#78 CARACTERIZACIÓN DEL AEROBIOMA EN UN AMBIENTE HOSPITALARIO Y EVALUACIÓN DEL EFECTO DE LA VENTILACIÓN NATURAL

Andrés Núñez Hernández^{1,2}, Ana M García Ruiz¹, Diego A Moreno Gómez¹, María Del Dulcenombre Gómez Garre³, Rafael Borge García⁴, Adolfo Narros Sierra⁴, Carlos Yagüe Anguís⁵, Begoña Artiñano Rodríguez De Torres⁶, Elías Díaz Ramiro⁶, Francisco Javier Gómez Moreno⁶.

¹(Departamento de Física Aplicada e Ingeniería de Materiales, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España)

²(Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Biología, Universidad de Murcia, Murcia, España)

³(Instituto de Investigación Sanitaria Hospital Clínico San Carlos, Madrid, España)

⁴(Departamento de Ingeniería Química Industrial y del Medio Ambiente, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España)

⁵(Departamento de Física de la Tierra y Astrofísica, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

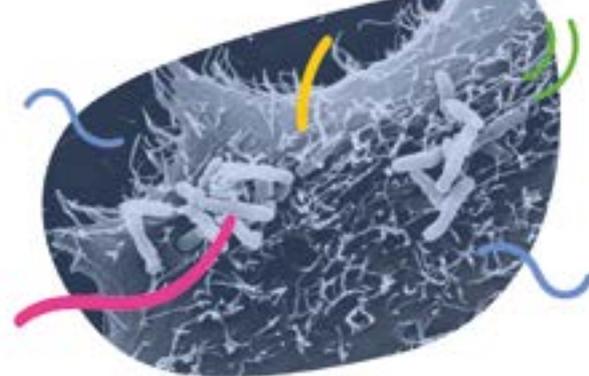
⁶(Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas (CIEMAT), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El aire transporta numerosas partículas de origen biológico, incluyendo una gran diversidad de microorganismos. En las ciudades, la presencia de éstos adquiere gran relevancia por los efectos sobre la salud, provocando desde alergias hasta enfermedades infecciosas. La exposición a estos agentes se produce tanto en el exterior como en ambientes interiores. Dentro de estos últimos, los centros hospitalarios son de especial interés por la vulnerabilidad de las personas que los frecuentan así como por la posible acumulación de patógenos y su diseminación al exterior. En este trabajo se describe la composición de bioaerosoles (fundamentalmente bacterias y hongos) en el Hospital Clínico San Carlos (Madrid) mediante técnicas de secuenciación del ADN (gen 16S rRNA y región 5.8S-ITS2). Las muestras se recolectaron simultáneamente en el interior y en el exterior del edificio durante el invierno de 2020 y verano de 2021. Los principales filos de bacterias (Actinobacteriota, Bacteroidota, Firmicutes, Proteobacteria) y de hongos (Ascomycota y Basidiomycota) se identificaron tanto dentro como fuera del edificio. Las variaciones estacionales en abundancia relativa y composición que sufren estos taxones en el exterior se observaron también en el interior, detectándose en ambos casos algunas especies potencialmente patógenas en baja proporción. El aire interior presentó mayores niveles de bacterias relacionadas con el microbioma humano, especialmente asociadas con la piel. Las variables meteorológicas y contaminantes del aire no fueron buenos predictores de la composición de microorganismos en el interior. Además, la ventilación natural mediante la apertura de una ventana mostró escasos efectos en las abundancias de los microorganismos identificados. Estos resultados contribuyen a elucidar la composición de las comunidades microbianas en el aire de ambientes urbanos y en el interior de edificios concretos de interés. Además, los datos obtenidos sugieren que este ambiente hospitalario no actúa como un punto de emisión de patógenos relevante en la ciudad.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Financiación

AIRTEC-CM (S2018/EMT4329) (Programas de Actividades de I+D entre Grupos de Investigación de la Comunidad de Madrid en Tecnologías 2018, Comunidad de Madrid)

Hipervínculo

<https://www.cnb.csic.es/index.php/es/investigacion/departamentos-de-investigacion/biotecnologia-microbi>

Referencias

Núñez, A., García, A.M., 2023. The aerobiome in a hospital environment: Characterization, seasonal tendencies and the effect of window opening ventilation. *Building and Environment* 230, 110024. <https://doi.org/10.1016/j.buildenv.2023.110024>

#81 BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF BLASTOCOCCUS (ACTINOBACTERIA) IN ARID AGRO-ECOSYSTEMS

María Del Carmen Montero Calasanz¹, Yaramis Adnan², Jan P. Meier-Kolthoff³, Markus Göker³.

¹(Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA), Alcalá Del Río, Sevilla, España)

²(Newcastle University, Newcastle Upo Tyne, Reino Unido)

³(Leibniz Insitute-DSMZ, Braunschweig, Alemania)

Resumen de la comunicación

The genus *Blastococcus* (Geodermatophilaceae, Actinobacteria) comprises fourteen species isolated from sediments, desert soil, decaying monuments and plant leaves. Studies based on genomic data are still scarce. In particular, just two papers, focused on single strains, were published so far, which revealed numerous genes involved in stress response and adaptation to harsh habitats apart from an exceptional potential to produce novel natural compounds. In this study, we aim to taxonomically characterise four novel species within the genus *Blastococcus* and explore their biotechnological potential to be applied in arid agro-ecosystems. Our results indicate that *Blastococcus* genomes encode a variety of mechanisms involved in adaptation to environmental stress and a high versatility in carbon metabolism and extracellular enzymes. It is suggested that *Blastococcus* could have an unexpected and remarkable role in soil carbon fixation but also in the decay of organic residues, transformation of native soil organic matter and mineralisation of nutrients available for plants. The metabolism of *Blastococcus* could therefore be key to the natural restoration of soil fertility in arid and degraded soils.

Financiación

MdCMC is grateful for funding received from the Ramón y Cajal Research Grant (RYC2019-028468-I) from the Spanish Ministry of Economy, Industry and Competitiveness (MINECO).



#142 DIVERSIDAD PROCARIOTA (IN)DEPENDIENTE DE CULTIVO EN SUELOS HIPERSALINOS DE LAS MARISMAS DEL ODIEL

Cristina Galisteo¹, Dáša Straková¹, Fernando Puente-Sánchez², Rafael R. De La Haba¹, Cristina Sánchez-Porro¹, Antonio Ventosa¹.

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

²(Department of Aquatic Sciences and Assessment, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Suecia)

Resumen de la comunicación

Las Marismas del Odiel son un Paraje Natural situado en el litoral de Huelva, junto a las desembocaduras de los ríos Odiel y Tinto. Sus suelos se consideran un ambiente extremo para los microorganismos debido a las concentraciones de sales y metales pesados por encima de los valores habituales, derivadas de su cercanía al mar y de la actividad industrial y minera (Vera-Gargallo & Ventosa, 2018). El objetivo de este trabajo ha sido analizar en profundidad la diversidad procariota presente en los suelos hipersalinos del Paraje Natural de las Marismas del Odiel a través de estrategias dependientes e independientes de cultivo. Para ello, se han seleccionado tres puntos de muestreo diferentes que se han estudiado durante 3 años consecutivos. Además, se han tenido en cuenta parámetros fisicoquímicos relevantes de los suelos muestreados, como son la conductividad eléctrica, el pH y la concentración de metales pesados. Para los estudios dependientes de cultivo se ha llevado a cabo la estrategia clásica de dilución, siembra, aislamiento e identificación en base a la secuencia del gen ARNr 16S como marcador taxonómico, empleando un umbral de identidad del 98,65 % para la delimitación de especies procariotas. Se han identificado más de 500 cepas previamente aisladas en cultivo puro, seleccionándose aquellas con bajos porcentajes de identidad respecto a especies previamente descritas para su posterior caracterización taxonómica en profundidad. Por otro lado, la estrategia independiente de cultivo consistió en la secuenciación metagenómica por shotgun de un total de 18 muestras mediante tecnología Illumina NovaSeq PE150. Los metagenomas así obtenidos permitieron la identificación de los grupos taxonómicos mayoritarios y de sus perfiles funcionales, así como la reconstrucción de bins de alta calidad correspondientes a taxones no descritos hasta el momento.

Financiación

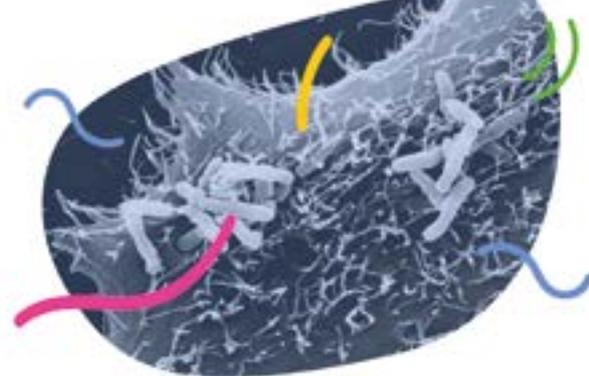
Este estudio ha sido financiado por proyectos del Ministerio de Ciencia e Innovación/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-118136GB-I00) y de la Junta de Andalucía (P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.

Referencias

Vera-Gargallo & Ventosa (2018). *Genes* 9: 152.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#217 DIVERSIDAD MICROBIANA DE DESIERTO: UN POTENCIAL A EXPLORAR

Esther Menéndez^{1,2}, Jean Franco Castro³, Zaki Saati-Santamaría^{1,2,4}, Alexandra Díez-Méndez⁵, Lorena Carro^{1,2}.

¹(Dpto. de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

²(Institute for Agrobiotechnology Research (CIALE), Villamayor, España)

³(INIA Quilamapu, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chillan, Chile)

⁴(Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, República Checa)

⁵(Universidad Católica de Ávila (UCAV), Ávila, España)

Resumen de la comunicación

Los desiertos son uno de los ecosistemas más extremos del mundo y han sido considerados tradicionalmente como lugares inhóspitos para la vida. Sin embargo, en los últimos años se ha descubierto que estos ambientes son ricos en diversidad microbiana y que estos microorganismos tienen un gran potencial para aplicaciones en diversas áreas. Los microorganismos que habitan estos ambientes tienen características únicas que les permiten sobrevivir en condiciones extremas de aridez, altas temperaturas y radiación solar intensa (Carro et al., 2019). Uno de los aspectos más interesantes de la diversidad microbiana de los desiertos es su potencial para la biotecnología, ya que han desarrollado adaptaciones únicas para sobrevivir en condiciones extremas, lo que les confiere propiedades biológicas y químicas útiles para su aplicación en diversos ámbitos, entre ellos la agricultura. Uno de los problemas a los que se enfrentan los agricultores son los efectos del cambio climático, con un aumento en las concentraciones de salinidad de los suelos debido a la disminución excesiva de precipitaciones en algunas áreas, además de una prolongación de los periodos de sequía para los cultivos. Para minimizar los posibles daños, es importante buscar sistemas innovadores de adaptación rápida a las nuevas condiciones limitantes, apareciendo así el uso de microorganismos promotores del crecimiento de las plantas (PGP) como una posible alternativa. En este trabajo se han seleccionado muestras del desierto de Atacama para estudiar la diversidad de muestras de suelo, rizosfera y plantas que toleren condiciones de estrés (salinidad, temperatura, sequía). Se han identificado y analizado su capacidad como PGP, obteniendo una diversidad muy elevada. Conocer los microorganismos presentes en estos ambientes y sus posibles funciones, ayudará no sólo a un mejor entendimiento ecológico de estos sistemas, sino que también posibilitará su aplicación en sistemas de producción agrícola más respetuosos con el medio ambiente.

Financiación

Este resultado es parte del proyecto de I+D+i TED2021-129160B-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la "Unión Europea NextGenerationEU/PRTR". EM agradece un contrato EU HORIZON 2020 Marie Skłodowska Curie Actions (Grant Agreement nº 897795) and ZSS agradece un contrato cofinanciado por los fondos europeos NextGenerationEU, el "Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia," del Ministerio de Universidades y la Universidad de Salamanca ("Ayudas para la recualificación del sistema universitario español 2021-2022").

Referencias

Carro L, Castro JF, Razmilic V, Nouioui I, Pan C, Igual JM, Jaspars M, Goodfellow M, Bull AT, Asenjo JA, Klenk HP. (2019). Uncovering the potential of novel micromonosporae isolated from an extreme hyper-arid Atacama Desert soil. *Sci Rep* 9: 4678. doi: 10.1038/s41598-019-38789-z



#242 ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD INTRAGENÓMICA DE GENES RIBOSÓMICOS PARA MEJORAR LA DIFERENCIACIÓN DE ESPECIES DE VIBRIO

Amaia Leunda-Esnaola¹, Evgeni Bunin², Pablo Arrufat³, Peter B. Pearman^{3,4,5}, Vladimir R. Kaberdin^{1,2,4}.

¹(Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco UPV/EHU, 48940, Leioa, España)

²(Centro de Investigación en Biología y Biotecnología Marinas Experimentales (PIE-UPV/EHU), 48620, Plentzia, España)

³(Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco UPV/EHU, 48940, Leioa, España)

⁴(IKERBASQUE, Fundación Vasca para la Ciencia, Maria Diaz de Haro 3, 48013, Bilbao, España)

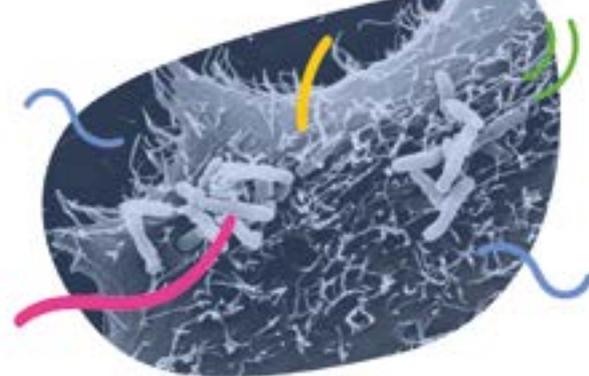
⁵(BC3, Centro Vasco para el Cambio Climático, Campus Científico de la Universidad del País Vasco, 48940, Leioa, España)

Resumen de la comunicación

El reciente incremento en la incidencia de las enfermedades causadas por *Vibrio*, presuntamente debido al aumento de la temperatura superficial del agua como consecuencia del cambio climático actual, revela la necesidad de monitorizar regularmente la presencia y abundancia de los patógenos marinos *Vibrio*. Aunque el gen ARNr 16S se emplea frecuentemente como marcador filogenético en el análisis de la diversidad microbiana en sistemas acuáticos, en el caso del análisis de ADN ambiental, este marcador no discrimina especies estrechamente relacionadas, incluyendo las de *Vibrio*. En este trabajo, investigamos si la inclusión y análisis de las secuencias ARNr 23S pueden superar las debilidades intrínsecas del análisis de ARNr 16S para la diferenciación de especies de *Vibrio*. Hemos creado un repositorio de datos con los genes de operones ribosómicos mediante la recuperación de todas las copias de las secuencias de ARNr 16S y 23S de 40 genomas de *Vibrio* completamente secuenciados. Tras el alineamiento de secuencias, recortamos manualmente algunas secuencias alineadas. Estas fueron empleadas para la estimación filogenética con IQTREE (Versión 2.1.3). Primero, se construyó un árbol filogenético de máxima verosimilitud para el gen ARNr 16S usando todas las copias disponibles para evaluar el uso de este gen en la identificación de clados de especies de *Vibrio*. En el árbol de ARNr 16S identificamos nucleótidos informativos responsables de la polifilia y demostramos el rol de estos nucleótidos en la determinación de la topología del árbol. Demostramos que la concatenación de los genes ARNr 16S y 23S incrementan el número de nucleótidos informativos, así superando las ambigüedades en la reconstrucción filogenética basada en ARNr 16S y mejorando la diferenciación de las especies de *Vibrio*. Estos descubrimientos muestran aproximaciones alternativas que permiten un considerable avance en la diferenciación de las especies de *Vibrio* y facilita la diferenciación de especies en muestras ambientales.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#248 AISLAMIENTO DEL BACTERIOMA CULTIVABLE DE LUPINUS ANGUSTIFOLIUS

Jhon Alexander Suescun , Maite Ortúzar , Víctor Formariz , Raúl Riesco , Martha E. Trujillo.¹

¹(Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Algunas especies del género *Lupinus* podrían convertirse en una alternativa agrícola a la soja, debido a su elevado contenido proteico, así como sus posibles beneficios para la salud. Además, su producción se considera sostenible y existe una aceptación creciente entre los consumidores. Aislar, preservar e identificar el bacterioma cultivable de *Lupinus angustifolius* es fundamental, ya que puede constituir un recurso valioso para la producción de biofertilizantes y biopesticidas, así como para la mejora de la productividad y la salud de las plantas. Además, el conocimiento detallado del bacterioma cultivable de esta especie podría tener potenciales aplicaciones biotecnológicas en la industria agrícola. Teniendo en cuenta los datos previos de estudios metagenómicos del bacterioma de *L. angustifolius* se seleccionaron medios de cultivo enriquecidos y selectivos con el objetivo de aislar la mayor cantidad de bacterias presentes en esta planta. Se aplicaron metodologías diferentes, dependiendo del compartimento de la planta para asegurar la mayor diversidad posible. Del proceso, se obtuvo una colección de más de 700 aislados bacterianos, distribuidos en 85 géneros diferentes. La comparación de géneros entre el método cultivo-independiente y el del cultivo-dependiente indica una importante recuperación de los géneros del bacterioma cultivo-independiente. Sin embargo, se necesitan mayores esfuerzos para poder aislar la totalidad de los géneros presentes (p.ej. *Duganella*, *Mucilaginibacter*). Además, se aislaron algunos géneros que no fueron detectados mediante el método cultivo-independiente, lo que resalta la importancia de utilizar ambas metodologías para una identificación más completa del bacterioma de la planta.



#343 DIVERSIDAD BACTERIANA EN AMBIENTES CLINICOS: ¿RESERVORIO DE NUEVOS PATOGENOS MULTIRRESISTENTES?

J José Laço¹, Sergi Martorell¹, Carmen Gallegos², Margarita Gomila¹.

¹(Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. De Valldemossa Km 7,5, 07122, Palma De Mallorca, Islas Baleares, España)

²(Servicio de Microbiología, Hospital Universitari Son Llàtzer, Ctra. De Manacor, 07198, Palma De Mallorca, Islas Baleares, España)

Resumen de la comunicación

Las infecciones nosocomiales son un grave problema en todo el mundo. Se estima que afectan a cerca de 4.5 millones de personas por año en 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. Por este motivo, es de vital importancia monitorizar y estudiar estos ambientes para poder encontrar soluciones a este problema.

El objetivo de este trabajo fue, por tanto, identificar y caracterizar la composición microbiana de ambientes hospitalarios y evaluar su papel como potenciales reservorios de infecciones nosocomiales. Para ello, se muestrearon y analizaron por métodos dependientes de cultivo cinco lugares distintos de un hospital en Mallorca en diferentes momentos a lo largo de un año.

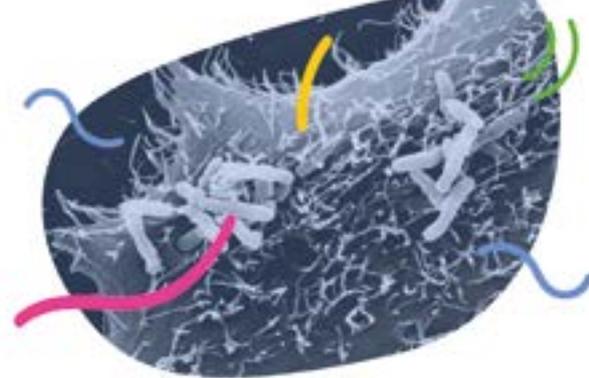
De un total de 1446 aislados, 501 se aislaron en medios suplementados con antibiótico. Todos los aislados se caracterizaron por espectrometría de masas por MALDI-TOF, para obtener una identificación preliminar de las especies. Una selección de aislados se analizó mediante amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA para obtener una mejor caracterización e identificación, y un set de ellos se seleccionaron posteriormente para realizar un análisis genómico, proteómico y evaluar su susceptibilidad antibiótica, haciendo especial hincapié a la resistencia a carbapenems. Los resultados mostraron una gran diversidad en estos ambientes, destacando la presencia de muchas especies de patógenos clínicos claramente reconocidos, así como potenciales patógenos. Se detectaron también nuevas especies con un perfil claramente multirresistente.

Financiación

Este proyecto ha sido posible gracias a la financiación obtenida por el programa de investigación e innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea en el marco del acuerdo de subvención Marie Skłodowska-Curie n° 955626.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#368 CIANOBACTERIAS NO FOTOSINTÉTICAS EN EL CICLO DEL AGUA: DEL SUBSUELO AL INTESTINO

Valentin Gangloff¹, Borja Aldegue¹, Elena Soria-Soria^{1,2}, Adela Yañez², Fernando Santos¹.

¹(Universidad de Alicante, San Vicente Del Raspeig, España)

²(Labaqua, S.A.U., Alicante, España)

Resumen de la comunicación

Las cianobacterias de la clase Vampirovibrionia se habrían diferenciado de las incluidas en la clase Cyanobacteriia antes de heredar el fotosistema II, responsable de la fotosíntesis oxigénica [1]. Miembros de la clase Vampirovibrionia se han detectado en heces y aguas residuales y subterráneas, pero también en aguas potables, donde son un grupo abundante [2]. La clase Vampirovibrionia incluye los órdenes Obscuribacterales y Vampirovibrionales, quimiorganotrofos aerobios facultativos de los que se han obtenido datos gracias a los metagenome-assembled genomes (MAGs, 27 y 6, respectivamente), pues el único representante cultivado es un parásito obligado de algas [3].

En este trabajo se ha estudiado este grupo de cianobacterias en 9 metagenomas de biofilms y agua, procedentes de una red de abastecimiento de agua potable. Los cuatro MAGs obtenidos constituyen nuevos géneros y poseen un metabolismo similar al descrito anteriormente. Además, presentan genes relacionados con: resistencia a antibióticos (bombas de expulsión), movilidad y adherencia, quorum sensing y síntesis de alginato, un exopolisacárido importante en la formación de biofilms, entre otros. Uno de los MAGs se detectó también en aguas residuales y cloradas de estaciones depuradoras cercanas. Los datos disponibles apuntan, por tanto, a que estas cianobacterias formarían parte del microbioma del ciclo del agua ligado al ser humano: serían introducidas en las redes de distribución de agua desde los acuíferos; en estos sistemas participarían en la formación de biofilms y, una vez ingeridas, transitarían por el intestino para volver a la naturaleza tras la depuración del agua.

Por último, se han detectado 9 contigs víricos en 3 de los MAGs de estudio, algunos en forma de provirus, que no se relacionan con virus de cianobacterias fotosintéticas. El análisis de la "viroesfera" de Vampirivibrionia aportará nuevos datos acerca de las interacciones virus-hospedador en ambientes acuáticos.

Referencias

[1] Soo y col. (2014) *Genome Biology and Evolution*, 6(5), 1031–1045.

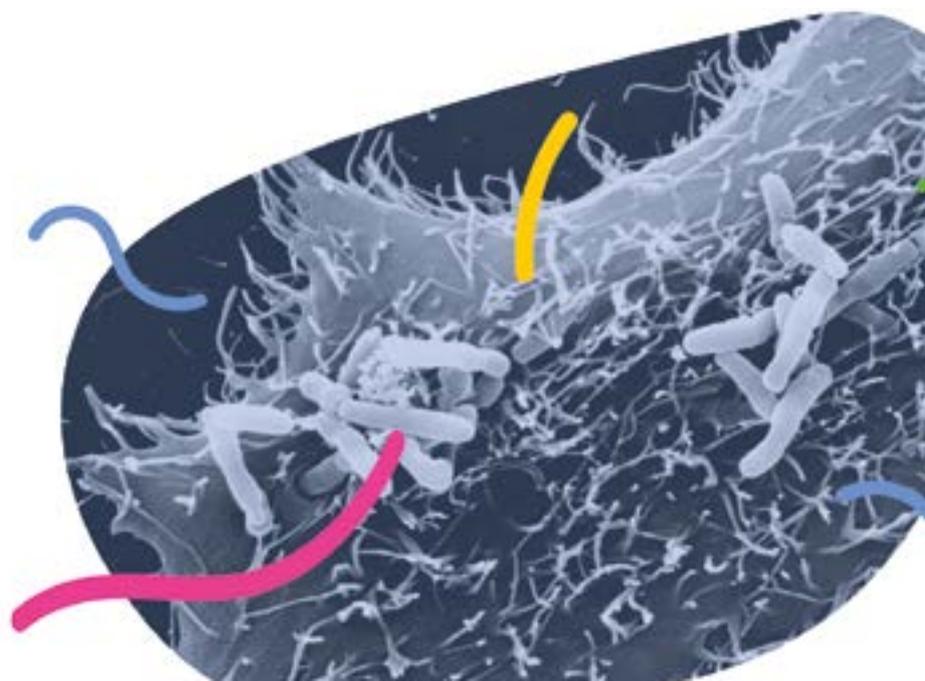
[2] Gangloff y col. (2023) (submitted)

[3] Hungate y col. (2021) *mBio*, 12(2).



XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

BURGOS 2023





COMUNICACIONES
PÓSTER





COMUNICACIONES PÓSTER

Biodeterioro, Biodegradación y Biorremediación

#35 MICROORGANISMOS AMBIENTALES COMO DEGRADADORES DE COMPUESTOS EPOXÍDICOS

Sonia Garrido Chamorro¹, Roberto Martínez Santos¹, Ángela Fernández Blanco¹, Alejandro Chamizo Ampudia¹, Luis Getino Alonso¹, Jaime Suárez González², Elías Rodríguez Olivera¹, Carlos Barreiro Méndez¹.

¹(Universidad de León, León, España)

²(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los composites poliméricos termoestables son ampliamente utilizados en diversos sectores industriales (p.ej.: aeronáutico, automotriz, construcción) debido a su combinación de ligereza y alto rendimiento mecánico. Estos materiales están compuestos principalmente por resinas epoxídicas y fibras de refuerzo (sintéticas o naturales) que conforman una microestructura reticulada la cual dificulta su reciclaje. Así, hasta la fecha, el principal destino de estos compuestos ha sido su quema para generar energía o su acumulación en vertederos. Actualmente, el paradigma de las "Rs" engloba hasta nueve conceptos (Rechazar, Reducir, Rediseñar, Reutilizar, Reparar, Restaurar, Reconstruir, Reciclar, Recuperar) para procesar materiales con el fin de redirigir el actual modelo de Economía Lineal hacia una Economía Circular. Así, el proyecto de la Unión Europea ESTELLA (proyecto n°: 101058371), financiado a través del Programa Horizon Europe, se centra en tres de estos conceptos (Rediseñar, Reutilizar, Reciclar), donde el enfoque biotecnológico desempeña un papel relevante. Recientemente, se ha logrado el aislamiento de bacterias degradadoras de polietileno tereftalato (PET) y algunas especies bacterianas (*Rhodococcus*, *Pseudomonas*) capaces de utilizar resinas epoxídicas como fuente de carbono, lo que ha impulsado la investigación sobre la degradación biotecnológica de materiales plásticos recalcitrantes. Con el objetivo de ampliar la diversidad de microorganismos capaces de degradar compuestos epoxídicos y debido a la experiencia del grupo en el aislamiento y aplicación de aislados microbianos naturales [1] a diferentes ámbitos de interés industrial, la Universidad de León dentro del proyecto ESTELLA está buscando este tipo de microorganismos en diferentes ambientes. Así, está llevando a cabo de forma secuencial la puesta a punto de: i) los protocolos de muestreo ambiental; ii) la optimización de las condiciones de cultivo (medios, aireación, ...); iii) los procesos de escalado (scale-up/down); iv) la identificación mediante MALDI-Biotyper y v) la validación a nivel de laboratorio. Esto está permitiendo el aislamiento de los primeros candidatos microbianos.

Financiación

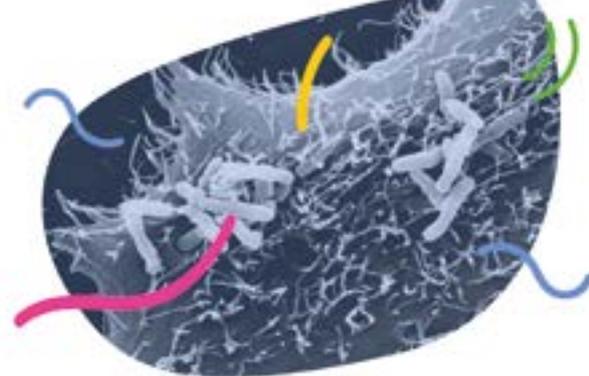
Proyecto ESTELLA (DESIGN of bio-based Thermoset polymer with rEcyCLing capabiLity by dynAmic bonds for bio-composite manufacturing) (proyecto n°: 101058371) financiado por la Unión Europea a través del Programa Horizon Europe (convocatoria: HORIZON-CL4-2021-RESILIENCE-01-11).

Hipervínculo

<https://estellaproject.eu/>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Referencias

[1] Velasco-Rodríguez O, Fil M, Heggeset TMB, Degnes KF, Becerro-Recio D, Kolsaková K, Haugen T, Jønsson M, Toral-Martínez M, García-Estrada C, Sola Landa A, Josefsen KD, Sletta H, Barreiro C*. Characterization of microbial diversity in decayed wood from Spanish forest. An environmental source of industrially relevant microorganisms. 2022. *Microorganisms*, 10(6), 1249. doi: 10.3390/microorganisms10061249.

#36 AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS AMBIENTALES DEGRADADORES DE POLISACÁRIDOS

Sonia Garrido Chamorro¹, Jaime Suárez González², Roberto Martínez Santos¹, Ángela Fernández Blanco¹, Alejandro Chamizo Ampudia¹, Luis Getino Alonso¹, Ana M. Ibáñez Sánchez¹, Elías Rodríguez Olivera¹, Carlos Barreiro Méndez¹.

¹ (Universidad de León, León, España)

² (Universidad de Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los composites poliméricos termoestables son ampliamente utilizados en diversos sectores industriales (p.ej.: aeronáutico, automotriz, construcción) debido a su combinación de ligereza y alto rendimiento mecánico. Estos materiales están compuestos principalmente por resinas epoxídicas y fibras de refuerzo (sintéticas o naturales) que conforman una microestructura reticulada la cual dificulta su reciclaje. Así, hasta la fecha, el principal destino de estos compuestos ha sido su quema para generar energía o su acumulación en vertederos. Actualmente, el paradigma de las "Rs" engloba hasta nueve conceptos (Rechazar, Reducir, Rediseñar, Reutilizar, Reparar, Restaurar, Reconstruir, Reciclar, Recuperar) para procesar materiales con el fin de redirigir el actual modelo de Economía Lineal hacia una Economía Circular. Así, el proyecto de la Unión Europea ESTELLA (proyecto n°: 101058371), financiado a través del Programa Horizon Europe, se centra en tres de estos conceptos (Rediseñar, Reutilizar, Reciclar), donde el enfoque biotecnológico desempeña un papel relevante. Recientemente, se ha logrado el aislamiento de bacterias degradadoras de polietileno tereftalato (PET) y algunas especies bacterianas (*Rhodococcus*, *Pseudomonas*) capaces de utilizar resinas epoxídicas como fuente de carbono, lo que ha impulsado la investigación sobre la degradación biotecnológica de materiales plásticos recalcitrantes. Con el objetivo de ampliar la diversidad de microorganismos capaces de degradar compuestos epoxídicos y debido a la experiencia del grupo en el aislamiento y aplicación de aislados microbianos naturales [1] a diferentes ámbitos de interés industrial, la Universidad de León dentro del proyecto ESTELLA está buscando este tipo de microorganismos en diferentes ambientes. Así, está llevando a cabo de forma secuencial la puesta a punto de: i) los protocolos de muestreo ambiental; ii) la optimización de las condiciones de cultivo (medios, aireación, ...); iii) los procesos de escalado (scale-up/down); iv) la identificación mediante MALDI-Biotyper y v) la validación a nivel de laboratorio. Esto está permitiendo el aislamiento de los primeros candidatos microbianos.

Financiación

Esta comunicación es parte del Proyecto BioPac (Development of bioactive and lifespan-controlled bioplastics) (Ref. TED2021-131864B-C21) financiado por MCIN (Ministerio de Ciencia e Innovación)



/ AEI (Agencia Estatal de Investigación) / 10.13039/501100011033 (Digital Object Identifier) y por la Unión Europea "NextGenerationEU" / PRTR (Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia).

Referencias

- [1] Velasco-Rodríguez O, Fil M, Heggeset TMB, Degnes KF, Becerro-Recio D, Kolsaková K, Haugen T, Jønsson M, Toral-Martínez M, García-Estrada C, Sola-Landa A, Josefsen KD, Sletta H, Barreiro C. Characterization of microbial diversity in decayed wood from Spanish forest. An environmental source of industrially relevant microorganisms. 2022. *Microorganisms*, 10(6), 1249. doi: 10.3390/microorganisms10061249.
- [2] Velasco-Rodríguez O, Fil M, García-Calvo L, Kosalková K, Barreiro C. Microbial isolation and characterization of new antibiotic-producer strains from decayed wood. 2021. En: *Antimicrobial Therapies - Methods and Protocols*. (ISSN: 978-1-0716-1357-3).
- [3] Fil M, Velasco-Rodríguez O, García-Calvo L, Sola-Landa A, Barreiro C. Screening of antibiotic gene clusters in microorganisms isolated from wood. 2021. En: *Antimicrobial Therapies - Methods and Protocols*. (ISSN: 978-1-0716-1357-3).

#135 PRODUCCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN EXOPOLISACÁRIDO POR BACILLUS AMYLOLIQUEFACIENS: APLICACIONES BIOTECNOLÓGICAS.

Concepción Abrusci Bernal, Elisa Huang-Lin Huang Lin, Ricardo Amils, Enrique Sanchez León.

¹(Universidad Autónoma, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

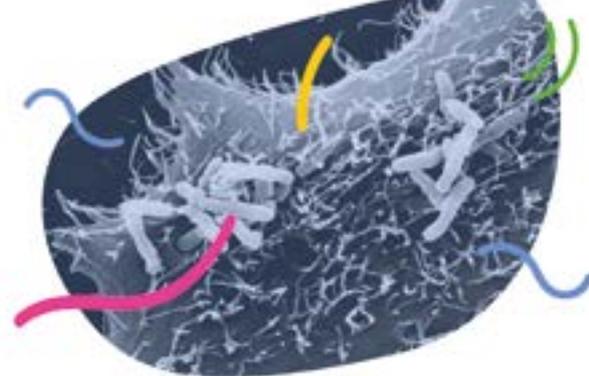
La cepa *Bacillus amyloliquefaciens* RT7 se aisló e identificó de un ambiente ácido extremo. Las capacidades de biodegradación de la cepa utilizando diferentes fuentes de carbono (glucosa, ácido oleico, Tween 80, PEG 200 y la combinación de glucosa-Tween 80) se evaluaron a través de impedancia indirecta. La combinación de glucosa-Tween 80 se estudió, además, utilizando resonancia magnética nuclear (RMN). El exopolisacárido (EPSRT7) así obtenido se purificó y caracterizó usando diferentes técnicas (GC-MS, HPLC/MSMS, ATR-FTIR, TGA y DSC) y se estimó su peso molecular. Los resultados muestran que el peso molecular promedio de EPSRT7 fue de aproximadamente 7.0794×10^4 Da. La composición del heteropolisacárido fue de manosa, glucosa, galactosa y xilosa (proporción molar, 1:0,5:0,1:0,1). Presenta una buena termoestabilidad. Por otro lado, EPSRT7, mostró una buena actividad emulsionante frente a diferentes aceites naturales e hidrocarburos a altas concentraciones (2 mg/mL) y en el rango de pH estudiado (3.1–7.2). También presentó una buena actividad emulsionante en comparación con los comerciales. Por último, EPSRT7 no fue citotóxico, presentó capacidad antioxidante para diferentes radicales libres y a nivel celular. EPSRT7 de *Bacillus amyloliquefaciens* RT7 tiene aplicaciones biotecnológicas prometedoras en procesos de biorremediación y otras aplicaciones industriales.

Financiación

Spanish Ministry of Science and Innovation for financial (project PID2019-104812GB-I00) y FUAM, Universidad Autónoma de Madrid, Spain (project no. 820053)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Hipervínculo

doi.org/10.3390/polym15061550

Referencias

E. Sánchez-León y col. (2023), *Polymers* 15:1550.

#136 METABOLIC FOCUS ON PLASTIC DEGRADATION; POLYPROPYLENE ASSIMILATION BY A RHODOCOCCUS AND A STENOTROPHOMONAS STRAIN

Theo Obrador-Viel ¹, Maria M. Aguilo-Ferretjans ¹, Jean Armengaud ², Balbina Nogales ¹, Rafael Bosch ^{1,3}, Joseph A. Christie-Oleza ¹.

¹ (Universitat de les Illes Balears, Palma, España)

² (CEA-INRAE, Bagnols-Sur-Cèze, Francia)

³ (IMEDEA (CSIC-UIB), Palma, España)

Resumen de la comunicación

La cepa *Bacillus amyloliquefaciens* RT7 se aisló e identificó de un ambiente ácido extremo. Las capacidades de biodegradación de la cepa utilizando diferentes fuentes de carbono (glucosa, ácido oleico, Tween 80, PEG 200 y la combinación de glucosa-Tween 80) se evaluaron a través de impedancia indirecta. La combinación de glucosa-Tween 80 se estudió, además, utilizando resonancia magnética nuclear (RMN). El exopolisacárido (EPSRT7) así obtenido se purificó y caracterizó usando diferentes técnicas (GC-MS, HPLC/MSMS, ATR-FTIR, TGA y DSC) y se estimó su peso molecular. Los resultados muestran que el peso molecular promedio de EPSRT7 fue de aproximadamente 7.0794×10^4 Da. La composición del heteropolisacárido fue de manosa, glucosa, galactosa y xilosa (proporción molar, 1:0,5:0,1:0,1). Presento una buena termoestabilidad. Por otro lado, EPSRT7, mostró una buena actividad emulsionante frente a diferentes aceites naturales e hidrocarburos a altas concentraciones (2 mg/mL) y en el rango de pH estudiado (3.1–7.2). También presentó una buena actividad emulsionante en comparación con los comerciales. Por último, EPSRT7 no fue citotóxico, presentado capacidad antioxidante para diferentes radicales libres y a nivel celular. EPSRT7 de *Bacillus amyloliquefaciens* RT7 tiene aplicaciones biotecnológicas prometedoras en procesos de biorremediación y otras aplicaciones industriales.

Financiación

FPU19/05364 and PID2019-109509RB-I00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033)

Referencias

Zadjelovic, V., Erni-Cassola, G., Obrador-Viel, T., Lester, D., Eley, Y., Gibson, M. I., Dorador, C., Golyshin, P. N., Black, S., Wellington, E. M. H., & Christie-Oleza, J. A. (2022). A mechanistic understanding of polyethylene biodegradation by the marine bacterium *Alcanivorax*. *Journal of Hazardous Materials*, 436, 129278. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.129278>



#138 APLICACIONES POTENCIALES DE UN EXOPOLISACÁRIDO PRODUCIDO POR BACILLUS XIAMENENSIS RT6 AISLADO DE UN MEDIO ÁCIDO

Enrique Sánchez León, Elisa Huang Lin, Ricardo Amils Pibernat, Concepción Abrusci Bernal.

¹(Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La cepa *Bacillus xiamenensis* RT6 fue aislada e identificada mediante pruebas morfológicas, bioquímicas y moleculares a partir de un medio extremadamente ácido, Río Tinto (Huelva). Las pruebas de optimización para la producción de exopolisacáridos (EPS) en diferentes medios de cultivo determinaron que el mejor medio era un medio mínimo con glucosa como única fuente de carbono. El exopolímero (EPSt) producido por la cepa fue aislado y caracterizado mediante diferentes técnicas (GC-MS, HPLC/MSMS, ATR-FTIR, TGA, DSC). Se estimó el peso molecular del EPSt. Los resultados mostraron que el peso molecular medio de la EPSt era de aproximadamente $2,71 \times 10^4$ Da y estaba formado por un heteropolisacárido compuesto por glucosa (60%), manosa (20%) y galactosa (20%). El EPSt mostró capacidades antioxidantes que mejoraron significativamente la viabilidad celular. La quelación de metales determinó que los EPSt podían reducir la concentración de metales de transición, como el hierro, en las concentraciones más altas ensayadas. Por último, el estudio de emulsificación mostró que el EPSt era capaz de emulsionar diferentes polisacáridos naturales, alcanzando hasta un 80% de eficiencia (aceite de oliva y sésamo), y era un buen candidato para la sustitución de los emulsionantes más contaminantes. El EPSt resultó adecuado para aplicaciones farmacéuticas e industriales.

Financiación

This research was funded by the Spanish Ministry of Science and Innovation for financial support (project PID2019-104812GB-I00).

Hipervínculo

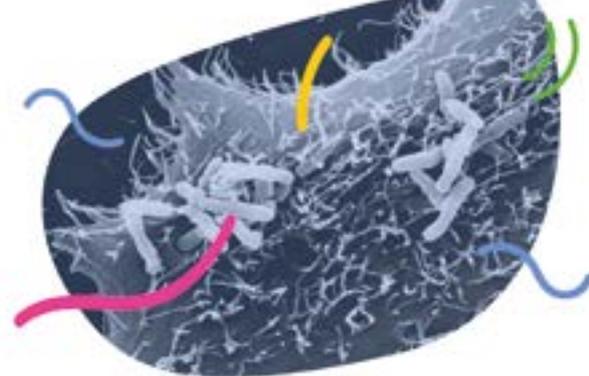
<https://doi.org/10.3390/polym14183918>

Referencias

Huang-lin y col. (2022) *polymers* 14: 3918.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#173 CRIBADO DE HONGOS AISLADOS EN UN PROCESO DE COMPOSTAJE PARA LA DEGRADACIÓN DE PLÁSTICOS &NBSP;

Tatiana Robledo Mahón^{1,2}, María Del Mar López Rodríguez², Gabriela Ángeles De Paz², Antonio Blanco González², Concepción Calvo ^{2,1}, Elisabet Aranda ^{2,1}.

¹(Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada, Granada, España)

²(Instituto Universitario de Investigación del Agua. Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Los microorganismos juegan un papel muy importante en la degradación de compuestos xenobióticos mediante la adaptación de su capacidad metabólica a los ecosistemas con mayor carga de contaminantes. La diversidad de enzimas producidas por los hongos los convierte en unos excelentes candidatos para la eliminación de contaminantes (Amobonye et al., 2021). Uno de los contaminantes más acumulados en los últimos tiempos son los plásticos derivados del petróleo. Su bajo coste, su ligereza y durabilidad los han hecho indispensables en todas las actividades del ser humano. Sin embargo, estas características los convierten en contaminantes omnipresentes y de difícil degradación. Por tanto, es necesario la búsqueda de microorganismos con habilidades metabólicas para degradar estos compuestos. En este estudio se hizo un cribado de una colección de hongos previamente aislados durante el proceso de compostaje de lodos de depuradora para analizar su potencial degradador de estas sustancias. Se emplearon 6 plásticos de materiales de uso cotidiano (PET, HDPE, PVC, LDPE, PP y PS). Para estudiar su capacidad de crecer en presencia de estos plásticos se utilizó un medio mínimo sin fuente de carbono juntos con los fragmentos de plástico previamente esterilizados en etanol al 70% (Biffinger et al., 2015). Después de 90 días, se recogieron las muestras y se procedió a su lavado para calcular el porcentaje de pérdida de peso. En aquellas muestras con cambios en el pesaje, se analizaron mediante microscopía de fuerza atómica. Algunos hongos como el género *Thielavia* sp. mostró crecimiento en el plástico, usándolo como única fuente de carbono. El resto del análisis están siendo evaluados en la actualidad.

Financiación

Este proyecto: PID2021-123164OB-I00 ha sido financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER. Las autoras quieren agradecer también a las Becas de captación de talento internacional María Zambrano Junior, por el contrato de TRM financiado por Next Generation Funds y la beca de iniciación a la investigación de ABG, financiada por UGR.

Referencias

Amobonye, A et al. *Total Environ.* 759, 143536. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143536> Biffinger, J.C et al. *Polym. Degrad. Stab.* 120, 178-185. <https://doi.org/10.1016/j.polymdegradstab.2015.06.020>



**#226 NUEVAS ESTRATEGIAS PARA EVALUAR LA EFICACIA DE TRATAMIENTOS
CON BIOCIDAS PARA LA LUCHA CONTRA EL BIODETERIORO DE NUESTRO
PATRIMONIO CULTURAL**

Mar Villar-Depablo ¹, Sergio Pérez-Ortega ², Carmen Ascaso ¹, Esther Rodríguez-Pérez ¹, Marta Urizal ³, Jacek Wierzechos ¹, Asunción De Los Ríos ¹.

¹ (Museo Nacional de Ciencias Naturales - CSIC, Madrid, España)

² (Real Jardín Botánico - CSIC, Madrid, España)

³ (Thor Especialidades S.A., Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El desarrollo de métodos precisos de evaluación de tratamientos para frenar el biodeterioro en el patrimonio cultural sigue siendo un reto. En este estudio evaluamos la eficacia a través de combinación de metabarcoding y microscopía, de distintos tratamientos basados en biocidas, tanto a corto, como a largo plazo. Tras la aplicación de los tratamientos, se detectaron cambios de abundancia de bacterias y hongos a lo largo del tiempo, dependientes del taxón. Mientras que los órdenes Cyanobacteriales, Cytophagales y Verrucariales disminuyeron en abundancia, otros grupos como Solirubrobacteriales, Thermomicrobiales y Pleosporales aumentaron. La equidad de la comunidad microbiana también disminuyó con el tiempo. Estos patrones podrían estar relacionados no sólo con efectos específicos del biocida sobre cada taxón, sino también con sus diferentes habilidades para resistir el tratamiento o para recolonizar la piedra tratada. Por otro lado, las dificultades de acceso de los biocidas a los microhábitats endolíticos también podrían ser en parte responsables de estas diferencias. De hecho, los tratamientos que incluyen un pretratamiento para facilitar la penetración del biocida resultaron ser los más eficaces en cuanto a la eliminación de formas microbianas, tanto epilíticas, como endolíticas. Respecto a la recolonización, los taxones que fueron resistentes a los biocidas, y los que se benefician de la acumulación de nutrientes en forma de restos celulares en respuesta a los tratamientos, podrían tener ventaja para permanecer en las zonas tratadas. Estos resultados remarcan la necesidad de realizar un seguimiento no solo tras los tratamientos, sino también a largo plazo, e incluir una amplia gama de taxones. A través de estudio mostramos el gran potencial de esta combinación de técnicas de biología molecular y microscopía, para precisar los efectos de tratamientos y así hacer posible un diseño de estrategias eficaces para combatir el biodeterioro.

Financiación

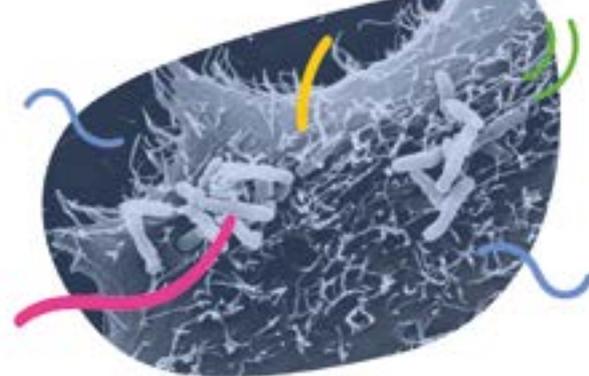
Comunidad de Madrid:

- TOP-HERITAGE S2018/NMT-4372

- IND2020/17448

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#235 AN OPTIMISED METHOD FOR SCREENING POLYESTER-DEGRADING MICROORGANISMS

Alberto Contreras Moll¹, Rafael Bosch^{1,2}, Balbina Nogales¹, Joseph A. Christie-Oleza¹.

¹ (Laboratory of Microbiology, Department of Biology, University of the Balearic Islands, Palma De Mallorca, España)

² (IMEDEA (UIB-CSIC), Esporles, España)

Resumen de la comunicación

Los microorganismos juegan un papel muy importante en la degradación de compuestos xenobióticos mediante la adaptación de su capacidad metabólica a los ecosistemas con mayor carga de contaminantes. La diversidad de enzimas producidas por los hongos los convierte en unos excelentes candidatos para la eliminación de contaminantes (Amobonye et al., 2021). Uno de los contaminantes más acumulados en los últimos tiempos son los plásticos derivados del petróleo. Su bajo coste, su ligereza y durabilidad los han hecho indispensables en todas las actividades del ser humano. Sin embargo, estas características los convierten en contaminantes omnipresentes y de difícil degradación. Por tanto, es necesario la búsqueda de microorganismos con habilidades metabólicas para degradar estos compuestos. En este estudio se hizo un cribado de una colección de hongos previamente aislados durante el proceso de compostaje de lodos de depuradora para analizar su potencial degradador de estas sustancias. Se emplearon 6 plásticos de materiales de uso cotidiano (PET, HDPE, PVC, LDPE, PP y PS). Para estudiar su capacidad de crecer en presencia de estos plásticos se utilizó un medio mínimo sin fuente de carbono juntos con los fragmentos de plástico previamente esterilizados en etanol al 70% (Biffinger et al., 2015). Después de 90 días, se recogieron las muestras y se procedió a su lavado para calcular el porcentaje de pérdida de peso. En aquellas muestras con cambios en el pesaje, se analizaron mediante microscopía de fuerza atómica. Algunos hongos como el género *Thielavia* sp. mostró crecimiento en el plástico, usándolo como única fuente de carbono. El resto del análisis están siendo evaluados en la actualidad.

Financiación

This work is funded by the FPU21/05173 grant from the Spanish Ministry of Science and Innovation and the research project AlivePlastics TED2021-129739-I00 (MCIN/ AEI /10.13039/501100011033).

Referencias

Kiyohara et al. (1982) *Applied and Environmental Microbiology* 43:454-457
Shin et al. (2021) *Green Chemistry* 23:5429-5436



#236 COMPARACIÓN DE LA CAPACIDAD DE BACTERIAS MARINAS DEL GÉNERO ALCANIVORAX PARA DEGRADAR POLIETILENO

Rocío D. I. Molina ¹, Theo Obrador-Viel ¹, Maria Del Mar Aguiló-Ferretjans ¹, Rafael Bosch ^{1,2}, Balbina Nogales ¹, Joseph A. Christie-Oleza ¹.

¹(Laboratorio de Microbiología, Departamento de Biología, Universidad de las Islas Baleares, Palma De Mallorca, España)

²(IMEDEA (UIB-CSIC), Esporles, España)

Resumen de la comunicación

Los plásticos son materiales indispensables en muchos campos debido a su excelente durabilidad y bajo costo. Sin embargo, también se han convertido en un grave problema ambiental a causa de su lenta degradación¹. Cada año se producen más 300 millones de toneladas de plástico, de las cuales más de 5 millones acaban en los océanos, afectando a la biodiversidad marina². El polietileno (PE) es uno de los plásticos más utilizados y su degradación representa un desafío. Por ello, se buscan soluciones para acelerar su degradación, y una de ellas es el uso de microorganismos capaces de metabolizarlos. Entre estos microorganismos se encuentran los Alcanivorax, un género de bacterias marinas que se alimentan de hidrocarburos y que son ampliamente estudiadas por su capacidad para degradar plásticos³. Con el fin de comparar la capacidad de diferentes cepas de Alcanivorax para metabolizar PE, se evaluó el crecimiento de las mismas y la cantidad de carbono proveniente del PE que eran capaces de asimilar empleando PE envejecido como única fuente de carbono y energía. Los resultados mostraron una correlación entre el crecimiento y el consumo de PE, lo que concuerda con la capacidad biodegradadora codificada en las diferentes cepas de Alcanivorax. Mientras *A. borkumensis* SK2 -una cepa utilizada como modelo de degradación de alcanos- no pudo asimilar PE, otras cepas con un mayor potencial metabólico sí mostraron una asimilación del plástico. La degradación del PE genera una enorme mezcla de moléculas alifáticas oxidadas que requieren de un metabolismo complejo para ser canalizadas hacia la ruta de la beta-oxidación. Estos hallazgos sugieren que no todas las cepas de Alcanivorax poseen la misma capacidad para degradar el plástico y que, en este caso, la variabilidad genética y funcional, más que la afiliación taxonómica, determina el potencial biodegradador dentro de la plastisfera.

Financiación

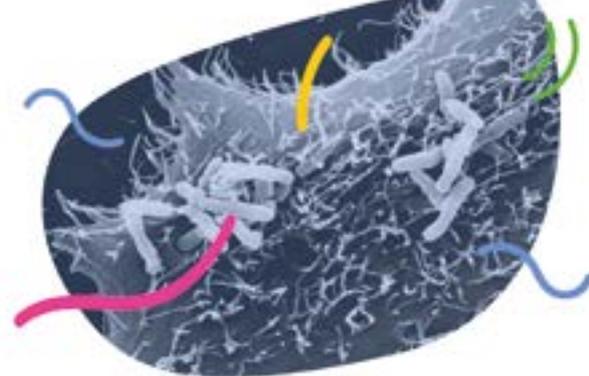
Proyecto financiado por PID2019-109509RB-I00 (MCIN/ AEI /10.13039/501100011033).

Referencias

1. Lee y col. (2023) *Chemical Engineering Journal* 454: 140470.
2. Englander y col. (2023) *Blue Planet Law* 159.
3. Zadjelovic y col. (2022) *Journal of Hazardous Materials* 436: 129278.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#262 DESARROLLO DE BIOHIDROGELES CON STENOTROPHOMONAS. BENTONITICA, MÉTODO NOVEDOSO PARA LA RECUPERACIÓN DE SE(IV) EN EL MARCO DE LA ECONOMÍA CIRCULAR

Eduardo González Morales¹, Miguel Ángel Ruiz Fresneda¹, Esther Díaz Arinero¹, Cristina Gila Vílchez², Antonio Luis Medina Castillo³, Modesto Torcuato López López², Mohamed Larbi Merroun¹.

¹(Departamento de Microbiología, Universidad de Granada, Av. De Fuentenueva s/n 18071, Granada, España)

²(Departamento de Física Aplicada, Universidad de Granada Av. De Fuentenueva s/n 18071, Granada, España)

³(Departamento de Química Analítica, Universidad de Granada, Av. De Fuentenueva s/n 18071, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El selenio es un elemento esencial para el desarrollo biológico de los seres vivos. Sin embargo, a altas concentraciones puede provocar efectos nocivos, por lo que su liberación descontrolada al medioambiente provoca la contaminación tanto de suelos como de aguas. Por ello, es necesario desarrollar tecnologías que permitan la eliminación eficiente de dicho elemento de los ambientes contaminados, recuperándolo en forma de nanopartículas metálicas (NPs) con diferentes aplicaciones industriales en el marco de la economía circular. Estudios previos han demostrado la capacidad de *S. bentonitica* de reducir Se(IV) a Se(0) formando NPs de Se [1], razón por la cual se ha seleccionado esta cepa. En este trabajo se ha diseñado un protocolo para encapsular células de *S. bentonitica* en esferas de alginato con el objetivo de desarrollar una metodología aplicable en ambientes contaminados. Estas esferas se fabricaron mezclando una solución de alginato (5%) con diferentes cantidades de *S. bentonitica*. La mezcla se ha depositado en forma de gotas sobre una solución de CaCl₂ con el objetivo de formar esferas por solidificación. Se analizaron las propiedades mecánicas bajo esfuerzos de compresión de las esferas de alginato antes y después de la inoculación con bacterias, observando que esta no influye significativamente en dichas propiedades. Estas esferas fueron capaces de reducir Se(IV) tal y como se observó mediante la aparición de precipitados rojos característicos del Se(0) en las esferas. Los ensayos de viabilidad celular mostraron que estas se mantienen viables tras el proceso de encapsulación y tras la interacción con Se(IV). Mediante técnicas de microscopía electrónica de transmisión de alta resolución (HRTEM) y técnicas de microscopía de barrido ambiental (ESEM) se caracterizó la localización de las células en el interior de la matriz esférica, así como las propiedades fisicoquímicas y estructurales de las NPs de Se formadas.

Referencias

Ruiz Fresneda, M. A., et al. (2018). *Environ. Sci. Nano*, 5(9), 2103-2116.
<https://doi.org/10.1039/C8EN00221E>.



#274 PLASTIC-DEGRADING POTENTIAL OF A COLLECTION OF MARINE BACTERIA

Maria Del Mar Aguiló-Ferretjans ¹, Theo Obrador-Viel ¹, Rafael Bosch ^{1,2}, Balbina Nogales ¹, Joseph A. Christie-Oleza ¹

¹ (Universitat de les Illes Balears, Palma, España)

² (IMEDEA, Esporles, España)

Resumen de la comunicación

Mismanaged plastic waste is a global concern due to the transportability of these materials in aquatic systems (Erni-Cassola et al 2019). Local pollution events can easily disperse via rivers and oceans at a global scale, dispersing microbes that colonise these materials. A question that remains is whether these microbes are simple hitchhikers or if they can, in fact, degrade the plastic (Wright et al 2020). To address this question, we generated a diverse collection of 100 isolates obtained from the Prestige oil spill, chronically polluted marine areas as well as marine plastic debris. We systematically tested their ability to grow using PE, PS, PET and polyesters, as well as an array of known degradation sub-products. As a result, we have defined groups of microorganisms capable of using plastics, or their derivatives, as a source of carbon and have identified them as generalist vs specialist biodegraders. This valuable culture collection is now contributing to i) further identify the enzymes involved in marine plastic degradation, and ii) pinpoint interesting candidates that may be used for future bioremediation.

Financiación

Project PID2019-109509RB-I00 funded by MCIN/ AEI /10.13039/501100011033

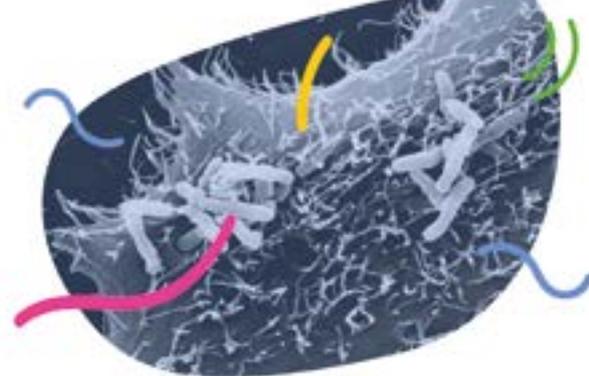
Referencias

Erni-Cassola, G.; Zadjelovic, V.; Gibson, M.I.; Christie-Oleza, J.A. 2019 Distribution of plastic polymer types in the marine environment; a meta-analysis. *J. of Hazardous Materials*, 369: 691–698. doi: 10.1016/j.jhazmat.2019.02.067.

Wright, R.J.; Erni-Cassola, G.; Zadjelovic, V.; Latva, M.; Christie-Oleza, J.A. 2020 Marine plastic debris: a new surface for microbial colonization. *Environmental Science & Technology*, 54: 11657–11672. doi: 10.1021/acs.est.0c02305.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#296 MULTIDISCIPLINARY CHARACTERIZATION OF THE ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF SELENIUM NANOPARTICLES PRODUCED BY DIFFERENT SUBCELLULAR FRACTIONS OF STENOTROPHOMONAS BENTONITICA BII-R7

Eduardo Pérez Muelas¹, Aurélien Van Lithaut ², Guillermo Lazúen López¹, Raúl Eduardo Linares Jiménez^{3,1}, Miguel Ángel Ruiz Fresneda¹, Mohamed Larbi Merroun ¹.

¹(Department of Microbiology, Faculty of Sciences, University of Granada, Granada, España)

²(École d'ingénieurs, Department of biochemistry, Haute école Louvain en Hainaut, Mons, Bélgica)

³(Institute of Resource Ecology, Department of Biogeochemistry, Helmholtz-Zentrum Dresden-Rossendorf, Dresde, Alemania)

Resumen de la comunicación

Antimicrobial resistance is a major global concern causing over two million deaths annually. This emphasizes the urgent need for new methods of palliating bacterial-borne diseases. One potential avenue is the use of metallic nanoparticles (NPs), which may offer a solution to the development of bacterial resistance. Traditional physical and chemical methods to synthesize NPs are costly and involve high temperatures or corrosive reagents and generate toxic waste. In this context, the *Stenotrophomonas bentonitica* BII-R7 strain characterized by our research group is able to tolerate high concentrations of Se(IV) and Se(VI) reducing it to Se(0) forming selenium nanoparticles (SeNPs) of antimicrobial interest [1]. The objectives of the present study were to characterize the SeNPs produced by different cell extracts (i.e. cytoplasm, total membrane, inner membrane, outer membrane...) isolated from *S. bentonitica* BII-R7 using a series of multidisciplinary techniques to elucidate their antimicrobial activity. The different subcellular fractions were extracted and contacted with 2mM Se(IV). High-Angle Annular Dark-Field Scanning Transmission Electron Microscopy (HAADF-STEM) and Selected Area Electron Diffraction (SAED) revealed that all subcellular fractions were able to reduce Se(IV) to amorphous spherical shaped Se(0)NPs. Moreover, ICP-MS analysis showed that cytoplasmic fraction was able to reduce up to a 99.3% of the initial selenium in 168 hours of incubation. The presence of a nitrogen and sulfur-rich organic layer surrounding the NPs was confirmed through Energy-Dispersive-X-ray (EDX) spectroscopy. Finally, flow cytometry screenings on *S. bentonitica*, *Escherichia coli*, and *Staphylococcus epidermidis* exposed to 1 μ M of cytoplasmically synthesized SeNPs proved no significant effect on the viability of *S. bentonitica* and *E. coli*, but did have a negative impact on *S. epidermidis* viability. In conclusion, our studies demonstrate the ability of *S. bentonitica* cellular phases to independently produce SeNPs and their potential antimicrobial activity against pathogenic bacteria. These studies could be relevant for the impending antibiotic crisis.

Referencias

[1] Ruiz-Fresneda y col. (2018) *Environmental Science: Nano*, 5(9), 2103-2116.



#326 DECIPHERING THE MECHANISMS OF NAPROXEN BIODEGRADATION BY MICROBIAL CONSORTIA

Juan Antonio Martínez Mancebo¹, Zaki Saati Santamaría^{2,3,4}, Maitane Juárez Mugarza^{1,5}, Pilar Navarro Gómez¹, Amando Flores Díaz¹, Inés Canosa Perez-Fragero¹.

¹ (Área de Microbiología. Universidad Pablo de Olavide, CABD/ CSIC, Junta de Andalucía, Seville, España)

² (Dept. de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

³ (Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), Villamayor, Salamanca, España)

⁴ (Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, República Checa)

⁵ (Depto. Postgrado UPO. Master en Biotecnología Ambiental, Industrial y Alimentaria, Seville, España)

Resumen de la comunicación

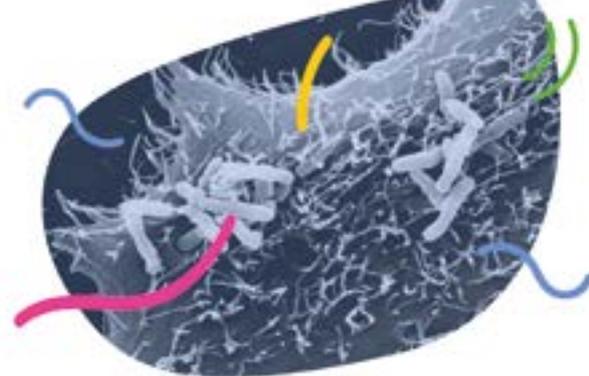
Emerging pollutants are defined as any chemical of synthetic or natural origin that is uncontrolled in the environment, with ecological and potential adverse effects on human health. Among these pollutants, there are certain pharmaceuticals of particular concern worldwide. At present, wastewater treatment plants (WWTPs) are not able to prevent this environmental threat, as even in very low quantities, they can cause chronic toxicity and endocrine disruption in humans and aquatic fauna. Our research group has isolated bacterial consortia from these WWTPs, capable of biodegrading naproxen (NPX), an anti-inflammatory compound whose use has spread dramatically in recent decades. These NPX degrading consortia have been isolated from samples obtained from the WWTP of Úbeda (Jaén) and Copero (Seville) by successive enrichments in the corresponding pollutant. Experiments carried out by our research group show that there is a positive correlation between the growth of the consortia and the degradation of the anti-inflammatory agent, which confirms their ability to use it as the sole carbon source in their growth and to degrade them completely. We have explored the contribution of co-metabolism to optimise the use of NPX by these consortia. To date, it has not been possible to select isolated bacteria capable of using the compound on their own, indicating the need for more than one microbial strain to degrade this drug. To understand the microbial mechanisms underlying the biodegradation of NPX, we performed shotgun metagenome and RNA-seq analyses, combined with mass spectrometry on the intermediates of the biodegradation pathway. These approaches will allow us to define new bioremediation strategies and, hopefully, to gain a better insight into the ecology of drug-contaminated environments.

Financiación

This work has been funded by the Programa de Excelencia de la Junta de Andalucía (ProyExcel_00358), the Programa de Garantía Juvenil from the Secretaría General de Universidades, Investigación y Tecnología de la Junta de Andalucía (JAMM), a Master Thesis (MJM) and the Margarita Salas Program from the Ministerio de Universidades (PN).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#327 MICROBIOTA ASOCIADA A LAS BALSAS DE TRATAMIENTO DE CARROCERÍAS DE AUTOMÓVILES

Altea Villalón , María José Pérez , Julia Carballo , Álvaro Rodríguez.

¹(Universidad de Vigo, Ourense, España)

Resumen de la comunicación

El compromiso con el medioambiente hace que la industria automovilística deba adaptar el tratamiento tradicional de las carrocerías para mejorar la sostenibilidad de su proceso fabricación. Para ello, se han establecido medidas que implican un menor consumo de agua y tratamientos más verdes (aditivos menos tóxicos, dilución del líquido de las balsas y uso a temperatura ambiente...) lo que ha podido favorecer un sobrecrecimiento de microorganismos que pueden estar alterando el espesor de las capas de pintura y favorecer la corrosión de las carrocerías. El objetivo de este estudio fue aislar los diferentes microorganismos de los líquidos y biopelículas presentes en doce balsas de tratamiento de carrocerías y en tres tipos de agua utilizadas en el proceso. Para el aislamiento de la microbiota se emplearon técnicas de filtración y dilución con siembra en placas de medio de cultivo general para bacterias, mohos y levaduras. Mediante secuenciación de ADN con primers universales se identificaron 47 especies diferentes de bacterias entre las que destacan los géneros *Bacillus*, *Micrococcus*, *Acinetobacter*, *Cupriavidus* y *Dietzia* y 6 especies de levaduras *Candida palmioleophila*, *Candida parapsilosis*, *Candida orthopsilosis*, *Trichosporiella flavificans*, *Taphrina coerulescens* y *Rhodotorula toruloides*. Conocer los microorganismos presentes en el proceso ayudará en futuros ensayos a plantear combinaciones de desinfectantes que mejorarán las tareas de limpieza y desinfección, así como la biorremediación de los líquidos de las balsas.



#338 APLICACIÓN DE DOS SISTEMAS DE COMPOSTAJE CON BIOAUMENTO DE LODOS DE DEPURADORA PARA LA REMOCIÓN DE CONTAMINANTES EMERGENTES

Gabriela Ángeles-De Paz ¹, Tatiana Robledo-Mahón ^{1,2}, Miguel Ángel Díaz-Moreno ¹, Elisabet Aranda ^{1,2}, Concepción Calvo ^{1,2}.

¹ (Instituto Universitario de Investigación del Agua. Universidad de Granada, Granada, España)

² (Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

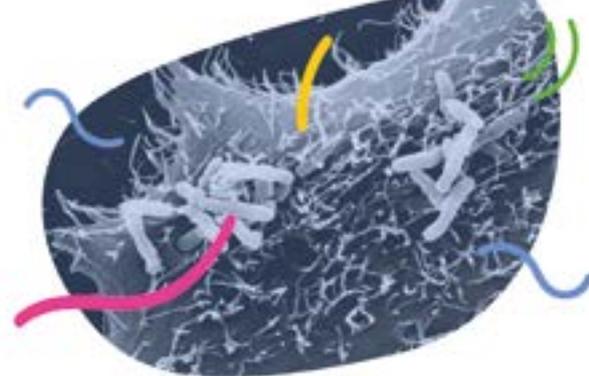
Más de 10 millones de toneladas de lodos desecados se generan anualmente en los 26 estados de la Unión Europea. En la actualidad existen tecnologías eco-innovadoras enfocadas en su estabilización y aprovechamiento; sin embargo, hay pocos datos sobre eliminación de fármacos tras la aplicación de estas técnicas, ni sobre las consecuencias de la aplicación en suelos agrícolas de lodos tratados. Previamente, nuestro grupo de investigación ha obtenido resultados favorables de eliminación de contaminantes emergentes mediante inoculación del hongo *Penicillium oxalicum* en pilas de compostaje estáticas. En este proyecto, se planteó como principal objetivo estudiar la eliminación de contaminantes emergentes en dos sistemas de compostaje con técnicas de bioaumentación bajo condiciones reales. Se construyeron cuatro pilas con 800 kg de lodo digerido y residuos de poda de olivo 1:3 v/v y se montaron en las instalaciones de la empresa de reciclado EIDER, Guadix, España. Dos pilas fueron sometidas a un sistema de compostaje con cubierta semipermeable tipo Goretex y las otras dos a un sistema Windrow mediante volteo. El bioaumentación se realizó mediante la inoculación periódica con esporas de *P. oxalicum* XD 3.1 durante todo el proceso de compostaje hasta la maduración y cribado. Durante el proceso se evaluaron diversos parámetros fisicoquímicos y biológicos, así como las poblaciones cultivables y no cultivables de hongos y bacterias. Adicionalmente, para garantizar la inocuidad del compost maduro para su uso como enmiendas orgánicas de aplicación agrícola, se realizaron pruebas de fitotoxicidad en semillas de *Lepidium sativum*. Los resultados obtenidos en este estudio contribuirán a la predicción y mejora del sistema de compostaje, diagnóstico y corrección de problemas de funcionamiento bajo condiciones reales de una técnica de bioaumentación focalizada en la eliminación de contaminantes emergentes y producción de una enmienda orgánica biosegura.

Financiación

Este proyecto B-RNM-204-UGR20 ha sido financiado por la Junta de Andalucía FEDER/Junta de Andalucía-Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades. Los autores quieren agradecer también a las Becas de captación de talento internacional María Zambrano Junior, por el contrato de TRM financiado por Next Generation Funds y a Luis Manuel Torres Ginés responsable del área de compostaje del complejo de reciclaje EIDER por su ayuda y asistencia técnica

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#346 TRACKING GENE EXPRESSION, METABOLIC PROFILES, AND BIOCHEMICAL ANALYSIS IN THE HALOTOLERANT BASIDIOMYCETOUS YEAST *RHODOTORULA MUCILAGINOSA* DURING BENZO[A]PYRENE AND PHENANTHRENE BIODEGRADATION

Nilda Del Carmen Sanchez Castellanos.

¹(UAEM, Cuernavaca, México)

Resumen de la comunicación

Polyaromatic phenanthrene (Phe) and benzo[a]pyrene (BaP) are highly toxic, mutagenic, and carcinogenic contaminants widely dispersed in nature, including saline environments. Polyextremotolerant *Rhodotorula mucilaginosa* EXF-1630, isolated from Arctic sea ice, was grown on a huge concentration range -10 to 500 ppm- of Phe and BaP as sole carbon sources at hypersaline conditions (1 M NaCl). Selected PAHs supported growth as well as glucose, even at high PAHs concentrations. Initially, up to 40% of Phe and BaP were adsorbed, followed by biodegradation, resulting in 80% removal in 10 days. While extracellular laccase, peroxidase, and un-specific peroxygenase activities were not detected, NADPH-cytochrome c reductase activity peaked at 4 days. The successful removal of PAHs and the absence of toxic metabolites were confirmed by toxicological tests on moss *Physcomitrium patens*, bacterium *Aliivibrio fischeri*, human erythrocytes, and pulmonary epithelial cells (A549). Metabolic profiles were determined at the midpoint of the biodegradation exponential phase, with added Phe and BaP (100 ppm) and 1 M NaCl. Different hydroxylated products were found in the culture medium, while the conjugative metabolite 1-phenanthryl- β -D-glucopyranose was detected in the medium and in the cells. Transcriptome analysis resulted in 870 upregulated and 2,288 downregulated transcripts on PAHs, in comparison to glucose. Genomic mining of 61 available yeast genomes showed a widespread distribution of 31 xenobiotic degradation pathways in different yeast lineages. Two distributions with similar metabolic capacities included black yeasts and mainly members of the *Sporidiobolaceae* family (including EXF-1630), respectively. This is the first work describing a metabolic profile and transcriptomic analysis of PAH degradation by yeast.



COMUNICACIONES PÓSTER

Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

#8 DESARROLLO DE UN MÉTODO COLORIMÉTRICO PARA LA INSERCIÓN SIMULTÁNEA DE MÚLTIPLES COPIAS GÉNICAS EN BACILLUS SUBTILIS MEDIANTE CRISPR-CAS9.

Jordi Ferrando Núñez, Pere Picart Faiget.

¹(Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

A pesar de los recientes avances en el campo de la ingeniería genética en la regulación y la manipulación de genes, aún no se han establecido métodos eficientes para la inserción de múltiples copias de un gen en *Bacillus subtilis*. En este estudio, por primera vez, presentamos el desarrollo y la prueba de concepto de una nueva estrategia de edición genética basada en el sistema CRISPR-Cas9 para la detección colorimétrica de inserciones simultáneas de hasta tres copias génicas en el cromosoma de *B. subtilis*. Con este fin, se incorporaron de una a tres copias del operón crtMN de *Staphylococcus aureus*, cuya expresión produce un pigmento amarillo, en tres sitios diferentes dentro del cromosoma de *B. subtilis*, obteniendo de este modo cepas formadoras de colonias amarillas. A continuación, se desarrolló un sistema CRISPR-Cas9 basado en un único plásmido portador de un ARN guía específico, dirigido al operón crtMN, y un molde de reparación editable para permitir la integración simultánea del gen de interés en múltiples sitios mediante recombinación homóloga. Finalmente, tras la transformación de estas cepas con el plásmido recombinante, solo aquellas en las que se ha producido las múltiples sustituciones de los operones crtMN por el gen de interés formarán colonias blancas, debido a la eliminación de este operón. En cambio, aquellas colonias donde no se haya producido la edición genética con éxito mantendrán al menos una copia intacta del operón crtMN y, por consiguiente, seguirán formando colonias amarillas. El nuevo sistema desarrollado en el presente estudio permite la construcción de cepas de *B. subtilis* con una elevada expresión del gen de interés de manera sencilla y eficiente, sin marcadores de resistencia ni plásmidos en solo siete días, demostrando el potencial que alberga la implementación de esta tecnología para fines biotecnológicos.

Financiación

Este trabajo ha sido subvencionado por el Pla de Doctorats Industrials del Departament de Recerca i Universitats de la Generalitat de Catalunya con el apoyo de Gestió d' Ajuts Universitaris de Recerca con la beca número 2021 DI 77 concedida a Jordi Ferrando Núñez.

Hipervínculo

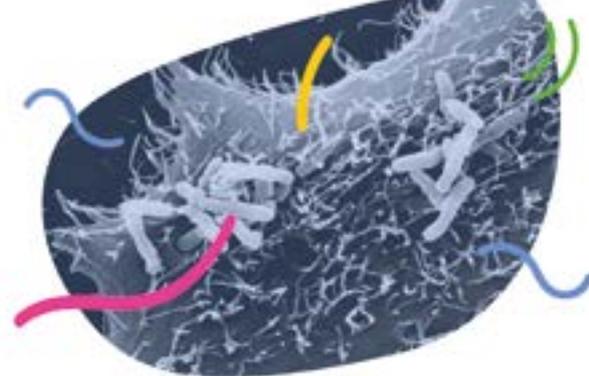
<https://microbialcellfactories.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12934-023-02032-2>

Referencias

Ferrando J, Filluelo O, Zeigler DR, Picart P. Barriers to simultaneous multilocus integration in *Bacillus subtilis* tumble down: development of a straightforward screening method for the colorimetric detection of one-step multiple gene insertion using the CRISPR-Cas9 system. *Microb Cell Fact* 22, 21 (2023).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#37 EMPLEO DE NANOPARTÍCULAS MAGNÉTICAS BIOMIMÉTICAS PARA CONCENTRAR BACTERIAS MAGNÉTICAMENTE Y DETECTARLAS POR QPCR

Mónica Jiménez Carretero, Javier Rodríguez López, Cristina Ropero Moreno, Juan Granada Hurtado, Josemaría Delgado Martín, Manuel Martínez Bueno, Antonia Fernández Vivas, Concepción Jiménez López.

¹ (Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El desarrollo de biosensores para detectar patógenos en alimentos es de suma importancia. Las nanopartículas magnéticas han ganado popularidad en este contexto debido a su gran área superficial, que maximiza la interacción con los microorganismos; y su susceptibilidad magnética, que permite concentrar las nanopartículas y los microorganismos adheridos utilizando campos magnéticos externos. En este trabajo se utilizaron nanopartículas magnéticas biomiméticas (BMNPs) para concentrar bacterias en solución salina y leche. *Staphylococcus aureus*, escogida como patógeno modelo, se detectó específicamente mediante qPCR. La síntesis de BMNPs se realizó por precipitación química mediada por la proteína MamC del magnetosoma de *Magnetococcus marinus* MC-1. Posteriormente, las nanopartículas se añadieron a solución salina y leche inoculadas con bacterias, se dejaron incubar en agitación 30 minutos y se concentraron magnéticamente. Tras extraer el ADN de las bacteria adsorbidas sobre las BMNPs, se detectó *S. aureus* por qPCR. La presencia de MamC en las capas externas de las BMNPs permite una interacción electrostática directa entre microorganismos y nanopartículas sin necesidad de recubrir las BMNPs. Nuestros resultados muestran que la unión tanto de bacterias Gram-positivas como Gram-negativas sobre las BMNPs es eficiente, y la aplicación de campos magnéticos externos permite concentrarlas fácilmente. Aunque la unión es inespecífica, el uso de la qPCR permite detectar de forma específica cargas bacterianas tan bajas como 10 UFC/mL. Nuestro sistema es más simple que los actuales biosensores basados en nanopartículas magnéticas y mantiene (o incluso mejora) el límite de detección de *S. aureus*, convirtiéndose en una alternativa rentable para la detección de bacterias en muestras líquidas.

Financiación

Este trabajo fue financiado por la Junta de Andalucía [P20_00208], el Ministerio de Ciencia e Innovación [PDC2021-121135-100, EQC2019-005967-P] y el Ministerio de Universidades [FPU21_01529].



#48 ENZIMAS EXTREMÓFILAS PARA EL SECTOR AGROINDUSTRIAL

María Isabel Recio Muñoz, Jesús De La Torre Zúñiga, Estrella Duque, Juan Luis Ramos.

¹(Estación Experimental del Zaidín - CSIC, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Antecedentes El fósforo (P) es uno de los macroelementos presentes en las células y, a pesar de ser una de las moléculas más abundantes, generalmente no se encuentran en formas biodisponibles, lo que limita el crecimiento de plantas, bacterias y hongos. Las formas orgánicas de los fosfatos necesitan ser en los suelos hidrolizadas por las fosfatasas [1]. Las fosfatasas se definen por su pH óptimo: alcalino (7 a 9) y ácido (5,5) [2]. Las fosfatasas ácidas despiertan interés en la industria de los detergentes, los biocombustibles, la agricultura ecológica y la alimentación de animales monogástricos. **Objetivos** El objetivo de este estudio es profundizar en el papel de las fosfatasas ácidas y caracterizar una fosfatasa sintética de clase C y establecer si esta proteína puede ser utilizada en la formulación de un biofertilizante ecológico NPK. **Métodos** Los enfoques bioinformáticos PROSITE recuperaron 4.000 secuencias de fosfatasas ácidas no caracterizadas y se obtuvo una secuencia consenso [3]. Se purificó hasta homogeneidad una enzima de clase C sintética. Se caracterizó fisicoquímicamente mediante fluorimetría diferencial de barrido (DSF), calorimetría de titulación isotérmica (ITC) y microscopía electrónica de transmisión (TEM). Se utilizaron los modelos enzimáticos de Michalis-Menten y Lineweaver-Burk para determinar las constantes cinéticas de la proteína en un amplio intervalo de pH y temperatura y con diversos sustratos fosfatados. Se han construido y ensayado mutantes simples y dobles en el sitio catalítico. **Resultados** La proteína sintética purificada hasta homogeneidad es perfectamente funcional. Es activa a pH y temperaturas extremas hidrolizando una amplia variedad de sustratos fosforados. La caracterización estructural ha demostrado que se trata de un decámero. Las constantes cinéticas han corroborado la robustez de la proteína y su elevada capacidad catalítica. Todas estas propiedades no se habían descrito previamente en ninguna proteína de esta familia.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por la Junta de Andalucía P20_00049 y la beca PREDOC_01447 y por el Ministerio de Ciencia e Innovación PID2021123469BI00.

Referencias

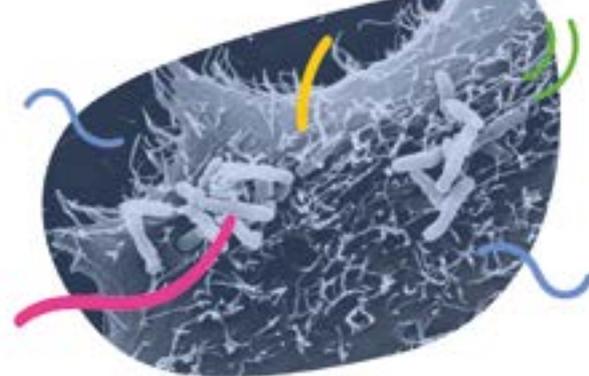
[1] Hayes JE, et al. (2000); *Biol Fertil Soils*, 32: 279-286.

[2] Margalef O, et al. (2017), *Sci Rep* 7: 1-13

[3] Udaondo, Z., et al. (2020). *Environm. Microbiol.* 22: 3561-3571.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#51 THE SCO1897 TRANSCRIPTIONAL REGULATOR MODULATES STREPTOMYCES COELICOLOR PHOSPHOROUS HOMEOSTASIS AND SECONDARY METABOLISM

Gemma Fernández García¹, Sergio Alonso Fernández¹, Paula García Cancela², Mario Corte Rodríguez², Maria Montes Bayón², Angel Manteca Fernández¹.

¹ (Faculty of Medicine, IUOPA and ISPA, Oviedo, España)

² (Faculty of Chemistry and ISPA, Oviedo, España)

Resumen de la comunicación

Phosphorus is an essential component of bacterial nutrition and one of the main components of the cell. It is involved in functions such as the replication of genetic material, the formation of energy intermediates, the synthesis of many primary and secondary metabolites, as well as important cellular processes as hypha differentiation and sporulation. We characterize the SCO1897::Tn5 mutant, harbouring the Tn5 transposon into the SCO1897 ORF, which has affected germination, secondary metabolism and sporulation. When we complement this mutant with Φ BT1 integrative plasmids, which integrate into the SCO4848 ORF, affecting SCO4848 and SCO4849 expressions, the observed phenotypes are highly enhanced. Q-RT-PCR analyses revealed that the SCO4848/4849 expression is reduced in the mutant, and completely blocked by the insertion of a Φ BT1 integrative plasmids. SCO4849 encodes for a protein that carries a putative phosphatase domain. Intracellular phosphate levels constitute a global control mechanism of gene expression in bacteria such as *Streptomyces*, so we hypothesize that SCO1897 might be involved in phosphate homeostasis. Single cell ICP-MS experiments revealed that SCO1897::Tn5 spores accumulate very high levels of phosphorus. In addition, the phenotypes of the mutant are altered in culture media without phosphorus, which supports our initial hypothesis. The SCO1897::Tn5 transposon insertion into the SCO1897 ORF could affect the expression of several, or all, of the 6 genes downstream of SCO1897. The SCO1898-SCO1901 ORFs overlap their codons, which makes no possible existence of transcription terminators between them. RT-PCR experiments revealed that the SCO1898-SCO1901 genes are transcribed as an operon. RNAseq experiments revealed that the SCO1897 transcriptional regulator pleiotropically affects the expression of several genes involved in phosphorous homeostasis and secondary metabolite production as well as genes involved in cell differentiation.



#57 INSIGHT ON THE CELLULAR SIGNALING MECHANISMS IN YARROWIA LIPOLYTICA STRAINS

Javier Ruiz , Alejandro García Miro, Inés Herrera Gómez, Alicia Prieto , Jorge Barriuso.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas - CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

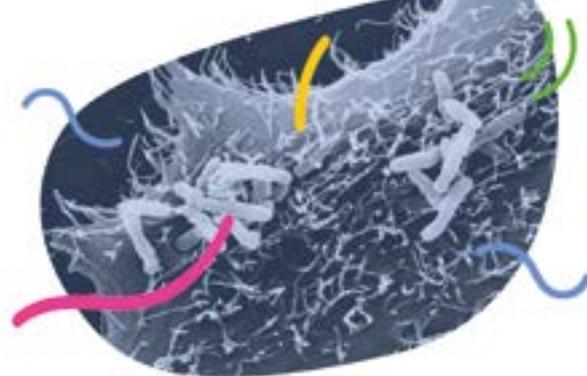
In recent years, the yeast *Yarrowia lipolytica* has generated significant interest in biotechnology due to its ability to efficiently secrete proteins and organic acids. In addition, it is able to accumulate high amounts of lipids intracellularly and it is very tolerant to low nutritional requirements and various stresses. This yeast has also been used in bioremediation processes due to its ability to grow on hydrophobic carbon sources such as recalcitrant alkanes. These characteristics make *Y. lipolytica* an interesting candidate to produce value-added products in the food industry or for the generation of biofuels or biopolymers. In order to optimize the use of *Y. lipolytica* in industrial fermentation processes, not only in individual cultures but also in microbial consortia, we decided to explore the potential cell to cell signalling mechanisms in this species, in particular the putative quorum sensing (QS) systems. The QS phenomenon is a cell density-dependent signalling mechanism by which microorganisms communicate with each other through the secretion and detection of specific molecules. QS mechanisms have been described in other yeasts, such as *Candida albicans* and *Saccharomyces cerevisiae*, which regulate yeast-hyphae morphological transition and biofilm formation, involving signals molecules such as farnesol, tryptophol, and 2-phenylethanol. In this work, we explored the phenotypic impact of eight signal molecules described in yeasts against 14 different strains of *Y. lipolytica*. We observed that the response to these molecules is highly strain-dependent, but we found a conserved response to farnesol, which generally inhibits biofilm formation in *Y. lipolytica*. To corroborate if farnesol can be a QS molecule in *Y. lipolytica* we also performed induction experiments with spent media from different strains and tested the production of farnesol in the supernatants using metabolomics techniques.

Financiación

Javier Ruiz agradece al Ministerio de Ciencia e Innovación por su Contrato Juan de la Cierva-Formación 2021 (FJC2021-046516-I)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#58 LA EVOLUCIÓN AL SERVICIO DEL DISEÑO DE ENZIMAS

Susana Camarero Fernández.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las enzimas aportan a los procesos industriales menor impacto ambiental y mayor selectividad que los procesos químicos. Sin embargo, las enzimas naturales no suelen tener los niveles de expresión, actividad o estabilidad necesarios. La evolución dirigida ha abordado estas limitaciones con notable éxito proporcionando enzimas recombinantes con actividades mejoradas o nuevas adaptadas a las condiciones de aplicación industrial. Durante su evolución *in vitro*, la enzima se somete a rondas iterativas de diversificación y cribado o selección para conseguir variantes mejoradas en la propiedad de interés, gracias a la acumulación de mutaciones en su secuencia. La probabilidad de descubrir las variantes más exitosas se correlaciona con la extensión del espacio de secuencias explorado. La exploración y estudios evolutivos *in silico* de secuencias de enzimas disponibles en genomas y bases de datos, los modelos de dinámica molecular y mecánica cuántica, y la aparición de algoritmos basados en datos de aprendizaje automático han revolucionado el diseño de enzimas. Se expondrán algunos ejemplos en los que hemos aplicado la evolución dirigida y el diseño computacional de oxidasas multicobre para obtener biocatalizadores a medida para química verde o revalorizar residuos de biomasa, y de estudios genómicos y evolutivos que han permitido descubrir nuevos tipos de enzimas y reconstruir enzimas ancestrales para aportar conocimiento y abordar nuevos retos de ingeniería.

Financiación

WoodZymes (H2020-BBI-JTI-2017-792070)
GENOBIOREF (BIO2017-86559-R)
INDOX (FP7-KBBE-2013-7-613549)
NOESIS (BIO2014-56388-R)

Referencias

Aza et al. *Comput. Struct. Biotechnol. J.* 2023;21:1041-53.
Rodríguez-Escribano et al. *Biotechnol. Biofuels Bioprod.* 2022; 29;15(1):149.
Aza et al. *Cell. Mol. Life Sci.* 2021, 78 (7): 3691-3707.
Aza et al. *Int. J. Mol. Sci.* 2021, 22 (3):1157.
Ruiz-Dueñas et al. *Mol. Biol. & Evol.* 2020, 38 (4): 1428-1446.
De Salas et al. *Green Chem.* 2019, 21: 5374.
Pardo et al. *Sci. Reports* 2018, 8 (1): 1-10.
Santiago et al. *ACS Catal.*, 2016, 6 (8): 5415-5423.



#61 ESTUDIO DEL POTENCIAL ANTIFÚNGICO DE ACTINOMICETOS PROCEDENTES DE DIVERSAS FUENTES CONTRA HONGOS FITOPATÓGENOS

María Lorenzo Sánchez, Margarita Díaz Martínez, Ramón I. Santamaría Sánchez.

¹(Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG) / Departamento de Microbiología y Genética, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)/Universidad de Salamanca (USAL), Salamanca, España., Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Nuestra sociedad se enfrenta a la aparición de bacterias y hongos patógenos resistentes a los antimicrobianos disponibles. Para poder combatir el problema una de las claves es el descubrimiento de nuevos compuestos antimicrobianos, así como la mejora de su producción, tanto en el sector clínico como en otros sectores (agrícola, veterinario, etc.). El género bacteriano *Streptomyces*, uno de los mayores productores de antimicrobianos de uso clínico, cobra relevancia como agente de biocontrol frente a hongos fitopatógenos, así como promotor del crecimiento vegetal [1]. A través de proyectos de ciencia ciudadana, como MicroMundo y de otras fuentes naturales (compost, tierras alcalinas, árboles, insectos, etc.) hemos aislado diversas cepas de actinomicetos, principalmente del género *Streptomyces* [2-3] cuyo genoma se ha secuenciado. Estas cepas tienen un genoma grande en el que se puede identificar un número elevado de agrupaciones de genes biosintéticos (BGCs: Biosynthetic Gene Clusters), gracias a programas bioinformáticos como AntiSMASH v.6. A mayores, buscamos genes de interés implicados en compuestos antifúngicos e, incluso, en la promoción del crecimiento vegetal, mediante programas de anotación como Prokka y RAST. Además del estudio realizado in silico, estamos realizando bioensayos frente a una batería de hongos fitopatógenos para ver el potencial de inhibición que presentan las cepas seleccionadas en screenings previos. De esta forma podemos seleccionar las que tienen mayor potencial antifúngico de cara a un estudio más exhaustivo de sus compuestos antifúngicos en estudios posteriores.

Financiación

PID2019-107716RB-Y00

Hipervínculo

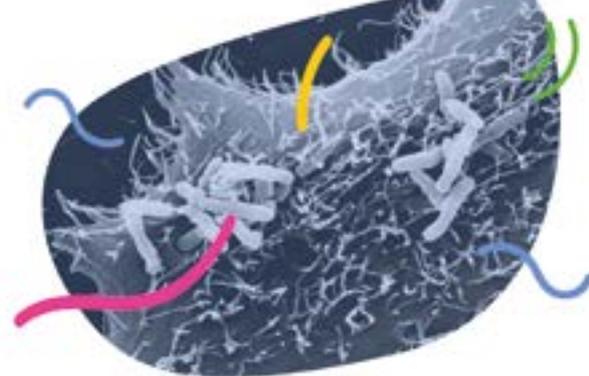
<https://swiusal.wixsite.com/micromundousal>

Referencias

- [1] Volynchikova E. y Kim K.D., *Mycobiology*, 50(5), 269-293 (2022).
- [2] Marugán M., *TFG, Universidad de Salamanca*, 36 (2019).
- [3] Morante, H., *TFG, Universidad de Salamanca*, 33 (2020).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#62 BÚSQUEDA DE LAS HISTIDINA QUINASAS QUE ACTIVAN EL REGULADOR HUÉRFANO AOR1 DE STREPTOMYCES COELICOLOR

Javier García Martín, Ramón I. Santamaría Sánchez, Margarita Díaz Martínez.

¹(Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG)/Departamento de Microbiología y Genética, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)/Universidad de Salamanca (USAL), Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

La producción de metabolitos secundarios en *Streptomyces coelicolor*, organismo modelo para el estudio del género *Streptomyces*, está muy regulada por los sistemas de dos componentes, normalmente formados por una histidina quinasa (HK) de membrana y un regulador de respuesta (RR) citoplasmático¹. Sin embargo, existen algunos RR huérfanos, como el regulador Aor1, que no tienen una HK adyacente en el genoma. Aor1 es un regulador maestro en *S. coelicolor* conservado en otros *Streptomyces* que afecta a la expresión de multitud de genes, entre ellos los genes de síntesis de antibióticos². Por ello, identificar qué HK controlan a este regulador podría contribuir a establecer las señales que regulan el metabolismo secundario. En este trabajo, se ha partido de un análisis con la herramienta informática Prediction of Interaction Specificity in Two-Component Systems para identificar las HK que podrían fosforilar a Aor1. Se han elegido las dos más probables, codificadas por los genes SCO3750 y SCO6424, y se han construido los mutantes de delección en estos genes con el sistema CRISPR-Cas9. El fenotipo de estos mutantes se ha comparado con la cepa silvestre M145 y con el mutante $\Delta aor1$ en dos medios ricos, LB e YEPD, donde el fenotipo de $\Delta aor1$ es muy drástico (retraso en la diferenciación y la producción de antibióticos). El mutante $\Delta SCO3750$ presenta un fenotipo idéntico al del mutante $\Delta aor1$ en YEPD, mientras que posee un retraso en la diferenciación y una mayor producción de antibióticos en LB. En el caso del mutante $\Delta SCO6424$, hay una mayor producción de antibióticos en ambos medios. Estos resultados indican que la HK codificada por SCO3750 podría estar involucrada en la fosforilación de Aor1, sobre todo en medio YEPD, aunque es necesario corroborarlo mediante distintos estudios.

Financiación

PID2019-107716RB-I00.

Hipervínculo

Enlace a la herramienta de Biozentrum: <https://www.swissregulon.unibas.ch/cgi-bin/TCS.pl>

Referencias

- [1]. Sánchez de la Nieta et al. (2022) *Int. J. Mol. Sci.*, 23, 15085.
- [2]. Antoraz et al. (2017) *Front. Microbiol.* 8:2444.



#82 IDENTIFICACIÓN DE LAS ENZIMAS DEGRADADORAS DE DI-N-BUTIL FTALATO EN PAENARTHROBACTER SP. SHSS

Alejandro García Miró, David Sanz, Francisco Javier Molpecres, Alicia Prieto, Eduardo Díaz, Jorge Barriuso.

¹(CIB-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

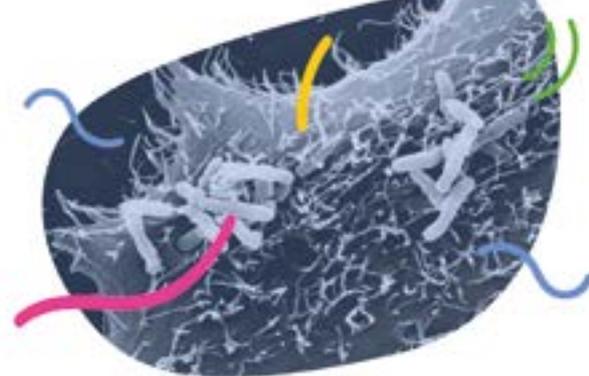
Los ésteres de ftalatos (PAE) son ampliamente utilizados como aditivos en la industria de los polímeros, así como en pinturas, adhesivos, etc., confiriéndole propiedades plásticas. Sin embargo, estos compuestos tienen importantes repercusiones en la salud humana. El di-n-butil ftalato (DBP), uno de los compuestos más utilizados dentro de este grupo, se ha descrito como disruptor endocrino y se ha comprobado que tiene efectos teratogénicos y cancerígenos tanto en humanos como en animales. La presencia del DBP como contaminante, además, se ha detectado en muchos hábitats naturales. Por ello, existe un creciente interés en la eliminación de DBP (y otros PAE) como contaminante emergente. En este sentido, la degradación microbiana de DBP es una de las estrategias más prometedoras actualmente. Entre los microorganismos degradadores de DBP más eficientes se encuentra una bacteria del género Paenarthrobacter, que es capaz de romper el enlace éster del DBP generando ácido orto-ftálico y butanol como primer paso clave para la posterior degradación y asimilación. En este trabajo se ha secuenciado el genoma de la cepa Paenarthrobacter sp. Shss, la cual presenta una gran actividad frente a DBP y es capaz de metabolizar el ácido orto-ftálico resultante de dicho proceso, usándolo como fuente de carbono y de energía. Con el fin de detectar e identificar las enzimas potencialmente implicadas en la rotura del enlace éster del DBP se han llevado a cabo análisis proteómicos.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por los proyectos MICODE (MCIN/AEI, PID2020-114210RB-I00) y DEMO (MCIN/AEI/“NextGenerationEU”/PRTR, TED2021-130096B-I00).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#83 TÉCNICAS BASADAS EN LA FLUORESCENCIA PARA EL ANÁLISIS DE CONSORCIOS MICROBIANOS COMPLEJOS

Diego Crespo Roche, Laura Isabel De Eugenio Martínez, Alicia María Prieto Orzanco, Jorge Barriuso Maicas.

¹(CIB-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los consorcios microbianos se postulan como una prometedora alternativa al uso de monocultivos para llevar a cabo biotransformaciones complejas. Entre sus ventajas, podemos mencionar la división de tareas, que permite una mejor distribución de la carga metabólica, la posibilidad de emplear microorganismos con capacidades metabólicas complementarias, y su estabilidad y resistencia a la contaminación. Sin embargo, el desarrollo y optimización de consorcios puede resultar complicado al combinar microorganismos con diferentes requerimientos, tasas de crecimiento, morfologías y tamaños celulares, dificultando tareas como la medida del crecimiento individual y la proporción entre las poblaciones. Si, además, estos consorcios crecen a partir de sustratos complejos como residuos lignocelulósicos, la complejidad del sistema aumenta. En este trabajo se ha estudiado el crecimiento de un consorcio microbiano mixto, compuesto por el hongo dimórfico saprófito *Ophiostoma piceae* CECT 20416 y la bacteria versátil productora de PHAs *Pseudomonas putida* KT2440, sobre un residuo lignocelulósico industrial como es el bagazo de cerveza (BSG). Para la monitorización del consorcio durante el crecimiento en BSG se pusieron a punto métodos de citometría de flujo y microscopía confocal, basados en fluorescencia, con la idea de diferenciar inequívocamente células bacterianas, levaduras e hifas. Se utilizaron distintas proteínas fluorescentes y fluoróforos para marcar las células, así como el ADN y los lípidos intracelulares. La optimización de estas técnicas permite el análisis preciso del consorcio y facilita el proceso de optimización de producción de PHAs.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por el proyecto MICODE (MCIN/AEI, PID2020-114210RB-I00)



#90 A-L-ARABINOFURANOSIDASAS FÚNGICAS PARA MEJORAR LA PRODUCCIÓN DE XILOOLIGOSACÁRIDOS Y MONOSACÁRIDOS A PARTIR DE ARABINOXILANO

Laura I De Eugenio Martínez¹, Juan A Méndez Liter¹, Manuel Nieto Domínguez², Alicia Prieto Orzanco¹, María Jesús Martínez Hernández¹.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, CSIC, Madrid, España)

²(The Novo Nordisk Foundation Center for Biosustainability, Technical University of Denmark, Kongens Lyngby, Dinamarca)

Resumen de la comunicación

Las α -L-arabinofuranosidasas son glicosil hidrolasas que catalizan la ruptura del enlace entre residuos de arabinosa, o entre arabinosas y xilosas que forman parte del esqueleto de xilanos y xilooligosacáridos (1). En la base de datos CAZy (Carbohydrate Active Enzymes) existen solo 24 enzimas caracterizadas de la familia GH62. Pueden aplicarse en la industria alimentaria, además de mejorar el procesamiento de muestras lignocelulósicas complejas, donde celulosa, hemicelulosa y lignina se encuentran íntimamente conectadas. En este trabajo se han caracterizado dos α -L-arabinofuranosidasas del hongo *Talaromyces amestolkiae*, enzimas que actúan sobre las cadenas laterales del xilano, la hemicelulosa más abundante, y que podrían mejorar la liberación de oligosacáridos y monómeros, catalizada por endoxilanasas y α -xilosidasas (cuyo rendimiento se ve limitado por la presencia de ramificaciones en la cadena principal). *T. amestolkiae* es un ascomiceto que produce altos niveles de celulasas y hemicelulasas (2) y presenta en su genoma dos α -L-arabinofuranosidasas. Estas dos enzimas ARA-1 y ARA-2, de la familia GH62, se han clonado y expresado en *Pichia pastoris*. Ambas actúan preferentemente sobre arabinoxilano, siendo ARA-1 mucho más eficiente, aunque ARA-2 es más resistente a cambios de temperatura y pH. Se ha diseñado un proceso para aumentar la liberación de xilooligosacáridos, con potencial interés como prebióticos, a partir de arabinoxilano, basándonos en la capacidad de ARA-1 y ARA-2 para eliminar ramificaciones de este polisacárido, facilitando la acción de la endoxilanasas sobre la cadena principal del polímero. Además, se ha comprobado que estas enzimas presentan una acción sinérgica con la endoxilanasas y la α -xilosidasa, del hongo, consiguiendo la completa conversión del arabinoxilano en xilosa y arabinosa, monómeros que podrían tener distintas aplicaciones biotecnológicas.

Financiación

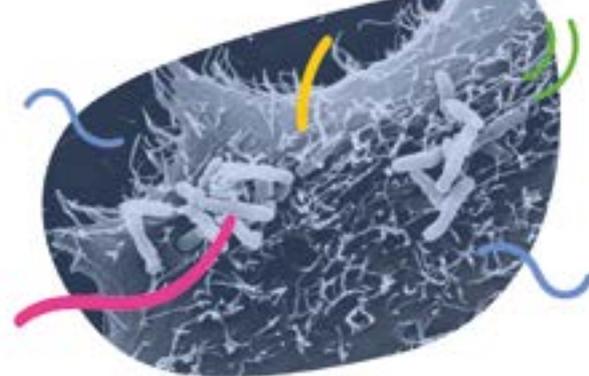
Proyectos MICIU/AEI/FEDER (RTI2018-093683-B-I00), Comunidad de Madrid (RETOPROSOST-2-CM P2018/EMT-4459).

Referencias

1. Poria et al., (2020) *Bioresour Technol* 304:123019
2. Prieto et al., (2021) *Int Microbiol* 24(4):545-558.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#100 RECONSTRUCCIÓN ANCESTRAL Y EVOLUCIÓN DIRIGIDA ASISTIDA POR APRENDIZAJE AUTOMÁTICO DE ENZIMAS

Gonzalo Molpeceres García, Pablo Aza Toca, Juan Carral Saez-Royuela, Susana Camarero Fernández.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

En las últimas décadas, el uso de enzimas como biocatalizadores se ha convertido en una tecnología ampliamente utilizada en distintas industrias. Sin embargo, para lograr que estas enzimas puedan desempeñar su papel en aplicaciones específicas, incluso en reacciones que no existen previamente en la naturaleza, se requiere una adaptación previa que permita una mejora de su efectividad y de sus características intrínsecas (niveles de expresión, estabilidad, selectividad, etc). En este póster se presenta un ejemplo desde cero realizado en nuestro grupo sobre el proceso completo de obtención y adaptación de un biocatalizador, en el que se combina la ingeniería clásica de proteínas con novedosas técnicas bioinformáticas y modelización computacional. El proceso comienza con el análisis filogenético de un grupo de enzimas para su clasificación en distintos subgrupos. Las secuencias de los miembros del subgrupo de mayor interés se utilizan para inferir la secuencia de uno de sus ancestros mediante Reconstrucción Ancestral de Enzimas (ASR), el cual es resucitado y expresado en el laboratorio. Este ancestro es punto de partida y sus características se adaptan y mejoran hacia una aplicación específica mediante evolución dirigida. Aquí, la enzima recombinante se somete a rondas iterativas de mutaciones aleatorias que producen una acumulación de mutaciones beneficiosas en su secuencia gracias a un cribado mediante high-throughput screening. Como no es posible inspeccionar el espacio de secuencia por completo en el laboratorio (evaluar todas las posibles variantes que se pueden producir en la mutación simultánea de distintas posiciones en la secuencia de la enzima), el proceso de evolución dirigida se guía mediante Machine Learning (ML). El modelo de ML se entrena para predecir in silico las mutaciones más propensas a mejorar la enzima y estas variantes son las que se expresan y evalúan en el laboratorio.

Financiación

GENOBIOREF (BIO2017-86559-R)
LIG2PLAST (PID2021-126384OB-I00)



#101 ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE UN CONSORCIO MIXTO HONGO-BACTERIA PARA LA VALORIZACIÓN DE UN RESIDUO LIGNOCELULÓSICO

Javier Guerrero , Diego Crespo , Saioa Manzano , Alicia Prieto , Jorge Barriuso.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, (CSIC), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

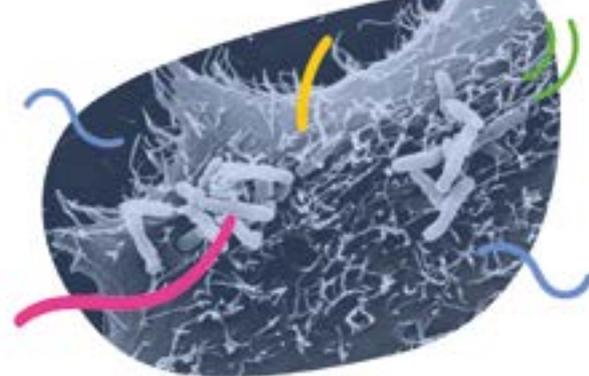
El bagazo de cerveza (BSG) es un residuo lignocelulósico de esta industria alimentaria rico en nutrientes que permiten el crecimiento microbiano. En este trabajo, planteamos el uso de un consorcio mixto formado por un hongo y una bacteria para su valorización, transformándolo en un compuesto de valor añadido como son los polihidroxialcanoatos (PHAs). Para ello se ha utilizado el hongo saprófito *Ophiostoma piceae*, capaz de degradar los polímeros presentes en la biomasa vegetal proporcionando nutrientes a la bacteria versátil *Pseudomonas putida* KT2440. Ésta, a su vez, puede producir PHAs, que tienen aplicación como bioplástico. En este trabajo hemos empleado técnicas transcriptómicas para identificar los genes y proteínas que intervienen en la degradación del BSG, la interacción entre el hongo y la bacteria, y las rutas metabólicas que utiliza *P. putida* para la síntesis de PHAs. Los análisis bioinformáticos indican que los genes relacionados con la biosíntesis de PHAs están más expresados cuando la bacteria se encuentra en consorcio con el hongo, incluyendo las sintetasas *PhaC1* y *PhaC2* y las fasinas *PhaI* y *PhaF*. Se observa también una mayor expresión en transportadores de citrato y otros ácidos carboxílicos en la bacteria cuando está en consorcio con el hongo, lo que sugiere que la bacteria puede utilizar estos ácidos producidos por la acción del hongo. Estos resultados sientan las bases para poder optimizar las rutas que llevan a la producción de PHAs en *P. putida* y la relación trófica existente entre el hongo y la bacteria, mediante la sobreexpresión de determinados genes.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por el proyecto MICODE (MCIN/AEI, PID2020-114210RB-I00).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#123 GENERATING A LARGE COLLECTION OF SACCHAROMYCES POLYPOIDS TO STUDY THEIR ADAPTATION TO FOOD-RELATED INDUSTRIAL CONDITIONS

Sara Orellana Muñoz¹, Rike Stelkens ², Håvard Kausrud ¹, Inger Skrede ¹, David Peris Navarro^{3,1}.

¹(Section for Genetics and Evolutionary Biology, Department of Biosciences, Oslo, Noruega)

²(Department of Zoology, Estocolmo, Suecia)

³(Department of Food Biotechnology, Institute of Agrochemistry and Food Technology-CSIC, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Many eukaryotic organisms originated from a polyploidization event, or an increase of the normal chromosomal ($2n$) content. Some polyploids are the result of mating divergent populations/species, also known as allopolyploidization; thus, genetic diversity in polyploid species is much higher than expected by models of polyploids generated by matings of individuals from the same population/species or failures during mitosis, autopolyploids. The budding yeast, *Saccharomyces*, which originated from an ancestral allopolyploidization event, is an interesting genus model for studies of the evolutionary consequences of polyploidization. Here, we describe the application of new molecular methods [1] to combine the genomes of different *Saccharomyces* yeast species, generating an extended collection of *Saccharomyces* allopolyploids. We pay special attention to the inheritance of the mitochondrial genome, which we can easily select because the mtDNA can restrict the evolutionary pathway of the allopolyploids [1] and has an important impact on the phenotype of the allopolyploids [2]. However, polyploidy entails a chromosomal instability state experimentally observed. Newly generated tetraploid strains rapidly reverted to the diploid state by sporulation. Therefore, the selection of the correct polyploids must be deeply checked by restriction fragment length polymorphism (RFLP), mitochondrial DNA pattern, and flow cytometry analyses earlier than adaptive laboratory evolution experiments. We will discuss ways to improve the pipeline to be elevated as a high-throughput scale and the adaptive laboratory evolution conditions to map phenotypes to genotypes in the collection. The future application of stable polyploids is the improvement of sustainable and healthy food production.

Referencias

[1] Peris D, Alexander WG, Fisher K, Moriarty RV, Basuino MG, et al. (2020) Synthetic hybrids of six yeast species. *Nature Communications* 11: 2085.

[2] Baker EP, Peris D, Moriarty RV, Li XC, Fay JC et al. (2019) Mitochondrial DNA and temperature tolerance in lager yeasts. *Sci Adv* 5: eaav1869.



#132 UN NUEVO LINAJE DE HONGOS DE LA HOJARASCA DE SUDÁFRICA, FUENTE DE METABOLITOS BIOACTIVOS FRENTE HONGOS FITOPATÓGENOS

Rachel Serrano , Víctor González Menéndez, Clara Toro , Jesús Martín , Jose Rubén Tormo , Olga Genilloud.

¹(Fundación MEDINA, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Many eukaryotic organisms originated from a polyploidization event, or an increase of the normal chromosomal ($2n$) content. Some polyploids are the result of mating divergent populations/species, also known as allopolyploidization; thus, genetic diversity in polyploid species is much higher than expected by models of polyploids generated by matings of individuals from the same population/species or failures during mitosis, autopolyploids. The budding yeast, *Saccharomyces*, which originated from an ancestral allopolyploidization event, is an interesting genus model for studies of the evolutionary consequences of polyploidization. Here, we describe the application of new molecular methods [1] to combine the genomes of different *Saccharomyces* yeast species, generating an extended collection of *Saccharomyces* allopolyploids. We pay special attention to the inheritance of the mitochondrial genome, which we can easily select because the mtDNA can restrict the evolutionary pathway of the allopolyploids [1] and has an important impact on the phenotype of the allopolyploids [2]. However, polyploidy entails a chromosomal instability state experimentally observed. Newly generated tetraploid strains rapidly reverted to the diploid state by sporulation. Therefore, the selection of the correct polyploids must be deeply checked by restriction fragment length polymorphism (RFLP), mitochondrial DNA pattern, and flow cytometry analyses earlier than adaptive laboratory evolution experiments. We will discuss ways to improve the pipeline to be elevated as a high-throughput scale and the adaptive laboratory evolution conditions to map phenotypes to genotypes in the collection. The future application of stable polyploids is the improvement of sustainable and healthy food production.

Financiación

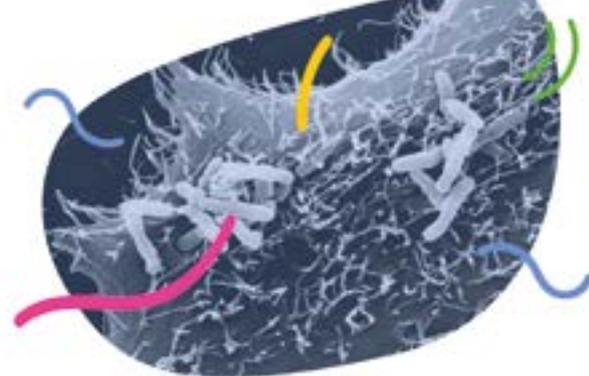
Esta investigación ha sido financiada por Fundación MEDINA.

Referencias

1. Peng Y, Li SJ, Yan J, Tang Y, Cheng JP, Gao AJ, Yao X, Ruan JJ and Xu BL. Research progress on phytopathogenic fungi and their role as biocontrol agents. *Front. Microbiol.* 2021, 12, 670135. doi: 10.3389/fmicb.2021.670135
2. Joanne E, Taylor JE, Lee S, Crous PW. Biodiversity in the Cape Floral Kingdom: Fungi occurring on Proteaceae. *Mycol. Res.* 2001, 105, 1480–1484.
3. Crous PW, Rong IH, Wood A, Lee S, Glen H, Botha W, Slippers B, de Beer WZ, Wingfield MJ, Hawksworth DL. How many species of fungi are there at the tip of Africa? *Stud. Mycol.* 2006, 55, 13–33.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#134 IDENTIFICATION OF THE KRIBBELLICHELINS A & B AND SANDRAMYCIN BIOSYNTHETIC GENE CLUSTERS IN THE GENOME OF KRIBBELLA SP. CA-293567

Marina Sánchez-Hidalgo, María Jesús García, Ignacio González, Daniel Oves-Costales, Olga Genilloud.

¹ (Fundación MEDINA, Granada, España)

Resumen de la comunicación

The increasing number of antibiotic resistant strains has boosted the search of new antibiotics that are urgently needed against pathogenic bacteria(1,2). Natural products represent the most important source of novel antibiotics, being the actinomycetes the most prolific producers of natural bioactive compounds(3). Among them, the genus *Streptomyces* is the producer of more than 50% of the described bioactive compounds(4). However, the significant advances in bacterial genome sequencing and the development of bioinformatic genome mining tools, has resulted in the identification of cryptic biosynthetic gene clusters also in minor genera of actinomycetes, that are now considered a promising source of new secondary metabolites(5). The genus *Kribbella* (order Propionibacteriales, family Kribbellaceae) is one of the minor genera of actinomycetes and includes 33 species(6), from which some active secondary metabolites have been described: kribellosides A-D(7), sandramycin(8) and the recently described antibiotics kribbellichelins A & B from the strain *Kribbella* sp. CA-2935679, belonging to Fundación MEDINA's microbial collection. This strain has also been shown to produce sandramycin(9). In this work, we describe the complete genome sequencing of the strain CA-293567 and the *in silico* identification of the biosynthetic gene clusters encoding sandramycin and kribbellichelins A & B. Based on the genomic predictions, a backwards transfer release mechanism is proposed for sandramycin biosynthesis, and a non-canonical post-assembly connection of two separate chains is proposed for kribbellichelins A & B biosynthesis. We also present a comparative analysis of the biosynthetic potential of 38 publicly available genomes from *Kribbella* strains, which shows that almost the 87% of the identified BGCs could putatively encode new metabolites, thus highlighting the biosynthetic diversity of the strains belonging to this genus. This work supports the need to mine new minor genera of actinomycetes as talented sources of novel biosynthetic pathways and to study their hidden biosynthetic capabilities.

Referencias

1. Murray, C.J.; Ikuta, K.S.; Sharara, F.; Swetschinski, L.; Robles Aguilar, G.; Gray, A.; Han, C.; Bisignano, C.; Rao, P.; Wool, E.; et al. Global Burden of Bacterial Antimicrobial Resistance in 2019: A Systematic Analysis. *Lancet* 2022, 399, 629–655, doi:10.1016/S0140-6736(21)02724-0.
2. Iskandar, K.; Murugaiyan, J.; Halat, D.H.; Hage, S. El; Chibabhai, V.; Adukkadukkam, S.; Roques, C.; Molinier, L.; Salameh, P.; Van Dongen, M. Antibiotic Discovery and Resistance: The Chase and the Race. *Antibiotics* 2022, 11, 1–38, doi:10.3390/antibiotics11020182.
3. Genilloud, O. Actinomycetes: Still a Source of Novel Antibiotics. *Nat. Prod. Rep.* 2017, 34, 1203–1232, doi:10.1039/c7np00026j.
4. Jose, P.A.; Maharshi, A.; Jha, B. Actinobacteria in Natural Products Research: Progress and Prospects. *Microbiol. Res.* 2021, 246, 126708, doi:10.1016/j.micres.2021.126708.
5. Choi, S.S.; Kim, H.J.; Lee, H.S.; Kim, P.; Kim, E.S. Genome Mining of Rare Actinomycetes and Cryptic Pathway Awakening. *Process Biochem.* 2015, 50, 1184–1193, doi:10.1016/j.procbio.2015.04.008.
6. Parte, A.C. LPSN—List of Prokaryotic Names with Standing in Nomenclature, *Nucleic Acids Res.* 2014, 42, D613–D616, doi:10.1093/nar/gkt1111.
7. Igarashi, M.; Sawa, R.; Yamasaki, M.; Hayashi, C.; Umekita, M.; Hatano, M.; Fujiwara, T.; Mizumoto, K.;



Nomoto, A. Kribellosides, Novel RNA 5'-Triphosphatase Inhibitors from the Rare Actinomycete *Kribbella* sp. MI481-42F6. *J. Antibiot. (Tokyo)*. 2017, 70, 582–589. doi: 10.1038/ja.2016.161.

8. Matson JA, Bush JA. Sandramycin, a novel antitumor antibiotic produced by a *Nocardioide* sp. Production, isolation, characterization and biological properties. *J Antibiot (Tokyo)*. 1989 Dec;42(12):1763-7. doi: 10.7164/antibiotics.42.1763.

9. Virués-Segovia, J.R.; Reyes, F.; Ruíz, S.; Martín, J.; Fernández-Pastor, I.; Justicia, C.; de la Cruz, M.; Díaz, C.; Mackenzie, T.A.; Genilloud, O.; et al. Kribbellichelins A and B, Two New Antibiotics from *Kribbella* sp. CA-293567 with Activity against Several Human Pathogens. *Molecules* 2022, 27, 6355, doi:10.3390/molecules27196355.

#146 BIODIVERSIDAD MICROBIANA EN LA ELABORACIÓN DEL VINAGRE DE VINO VERDEJO MEDIANTE METAPROTEÓMICA CUALITATIVA

Juan Jesús Román Camacho, Cristina Campos Vázquez, Roger Consuegra Rivera, Juan Carlos García García, Inés María Santos Dueñas, Teresa García Martínez, Isidoro García García, Juan Carlos García Mauricio.

¹ (Universidad de Córdoba, Córdoba, España)

Resumen de la comunicación

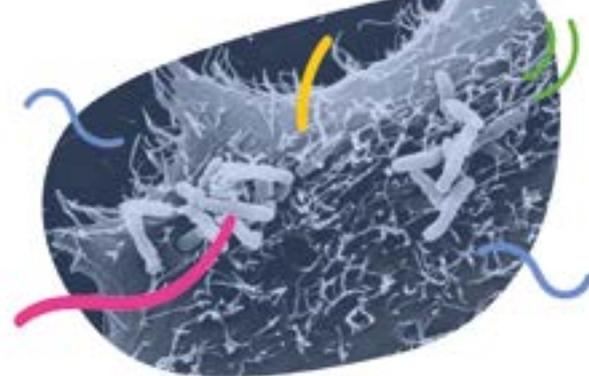
La dificultad de aislar bacterias acéticas limita el conocimiento de las especies que se encuentran en los procesos de acetificación. En este contexto, la metaproteómica podría aportar información relevante sobre la microbiota responsable de dicho proceso. El objetivo de este trabajo consiste en estudiar la microbiota presente en la elaboración de un vinagre de vino verdejo a nivel de metaproteómica cualitativa. La fermentación se realizó en un reactor Frings de 8L automatizado y trabajando en modo semicontinuo. El análisis de identificación de las proteínas se realizó mediante LC/MS-MS seguido del tratamiento de datos crudos mediante herramientas bioinformáticas. Se identificaron un total de 1.122 proteínas procedentes de la familia Acetobacteraceae, 20 correspondientes a levaduras, 26 proteínas de las familias Lactobacillaceae, Streptococcaceae y Bifidobacteriaceae y 19 del dominio Archaeae. Tras un análisis exhaustivo, se obtuvo que sólo 5 géneros de la familia Acetobacteraceae fueron los más relevantes: *Komagataeibacter*, *Acetobacter*, *Gluconacetobacter*, *Novacetimonas* y *Gluconobacter*. El género *Komagataeibacter* representó la mayor frecuencia durante el proceso (77,96%), aunque se observó que se encontraba en un menor porcentaje que en estudios previos con otros sustratos (Román-Camacho et al., 2020; 2021; 2022). Se identificaron proteínas de 12 especies del género *Komagataeibacter*, siendo *K. europaeus* la que representó el mayor porcentaje durante todo el proceso. También, se encontraron proteínas de *Novacetimonas*, un género de bacterias acéticas no descrito hasta la fecha en estos medios. En menor grado, se detectaron proteínas de otros grupos taxonómicos relevantes: el género *Saccharomyces* presentó el mayor número de proteínas entre los géneros de levaduras identificados (>70%), la familia Lactobacillaceae fue la mayoritaria para bacterias lácticas, y también se detectaron algunas proteínas pertenecientes al filo Euryarchaeota.

Financiación

La investigación ha sido cofinanciada por la Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Universidad en el ámbito del Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI 2020) y FEDER, Ref. PY20_00590. También, por el MICINN-Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2021-2023 ayudas a «Proyectos de Generación de Conocimiento» y FEDER, Ref. PID2021-127766OB-I00.

Referencias

Román-Camacho, J. J., Santos-Dueñas, I. M., García-García, I., Moreno-García, J., García-Martínez, T., Mauricio, J. C. (2020) *International Journal of Food Microbiology*, 333: 108797.

Román-Camacho, J. J., Mauricio, J. C., Santos-Dueñas, I. M., García-Martínez, T., & García-García, I. (2021) *Food Microbiology* 98: 103799.

Román-Camacho, J. J., Mauricio, J. C., Santos-Dueñas, I. M., García-Martínez, T., & García-García, I. (2022) *Frontiers in Microbiology* 13: 840119.

#148 ACCIÓN SINÉRGICA CON DISTINTOS ANTIBIÓTICOS DE NANOPARTÍCULAS DE PLATA SINTETIZADAS A PARTIR DE UNA MICROALGA ACIDO-TOLERANTE.

Carlos Pernas Pleite, Amparo María Conejo Martínez, Irma Marín Palma, José Pascual Abad Lorenzo.

¹(Universidad Autónoma de Madrid (UAM), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a antibióticos es un problema acuciante que limita el uso de antibióticos. Por ese motivo se considera de vital importancia encontrar nuevos antimicrobianos o sistemas para recuperar la eficacia de antibióticos en desuso. En este sentido, las nanopartículas de plata (AgNPs), han demostrado tener buena actividad antibacteriana [1]. Existen distintos sistemas para la obtención de las AgNPs, pero los métodos biológicos permiten el menor uso de sustancias tóxicas y una mayor diversidad de las estructuras, lo que les puede conferir diferentes propiedades y actividad biológica. En este trabajo describiremos la producción de AgNPs a partir de sobrenadantes de cultivos de una microalga ácido-tolerante aislada del río Tinto. Hasta 8 tipos de nanopartículas se han producido variando las condiciones de crecimiento del alga en cuanto a pH y presencia o ausencia de Cl⁻ en el medio y en dos fases de su crecimiento. Se mostrarán algunas de las características fisicoquímicas más relevantes de las AgNPs y su potencial como agentes antimicrobianos en base a los valores determinados de concentración mínima inhibitoria (CMI) frente a seis bacterias testigo. Así se pudo determinar que las AgNPs presentan valores diferenciales de CMI según las condiciones en que fueron sintetizadas y según la bacteria contra la que se utilizan. Los valores de CMI fueron bajos, mostrando una mayor eficacia contra bacterias gramnegativas que contra grampositivas. Igualmente se mostrará la capacidad de estas AgNPs de actuar de forma sinérgica en combinaciones con antibióticos de varias familias. La evaluación de la sinergia se hará en base al Índice Fraccional de Concentración Inhibitoria (IFCI) y el Factor Modulador (FM), utilizando *E. coli* y *S. aureus*. Estos parámetros nos muestran una fuerte sinergia de las AgNPs con kanamicina y estreptomycinina y en menor medida con ampicilina, tetraciclina.

Referencias

1. Pernas-Pleite, C.; Conejo-Martínez, A.M.; Marín, I.; Abad, J.P (2022) *Molecules*, 27: 7589.



#165 ESTUDIO PROTEÓMICO PRELIMINAR DE UNA CEPA DE SACCHAROMYCES CEREVISIAE DURANTE LA PRODUCCIÓN DE VINO DE MARACUYÁ AMARILLA

Roger Consuegra-Rivera , Inés M. Santos-Dueñas , Teresa Garcia-Martinez , Juan J. Román Camacho , Juan Carlos Garcia Mauricio, Isidoro García-García.

¹(Universidad de Córdoba, Córdoba, España)

Resumen de la comunicación

El objetivo de este trabajo fue contribuir, mediante un análisis proteómico, al estudio del metabolismo celular de una cepa de *Saccharomyces cerevisiae* E1 (ATCC: MYC-425) usada para la fermentación alcohólica de puré de maracuyá en el contexto de su revalorización. Se caracterizó la fruta y se optimizó el medio de fermentación, determinando el grado de dilución y nivel de azúcar añadido. La fermentación tuvo lugar mediante cultivos discontinuos en 2 biorreactores de 5 L (1, 2). Se tomaron muestras cada 24 h durante 4 días para el estudio proteómico. A partir del análisis se identificaron 938 proteínas, 484 (52 %) pertenecientes a la cepa de *S. cerevisiae* y las 454 restantes (48 %) a la familia Passifloraceae, planta que da origen al fruto de la maracuyá amarilla. El análisis proteómico se realizó en la base de datos UniProt (<https://www.uniprot.org/>). Para las 484 proteínas de *S. cerevisiae*; se seleccionaron las que fueron comunes en 2 de 3 réplicas biológicas de cada punto de muestreo: 353 en 24 h, 336 en 48 h, 314 en 72 h y 314 en 96 h. Un total de 243 proteínas (57,7 %) estuvieron siempre presentes a lo largo del proceso de fermentación alcohólica. Se llevó a cabo un análisis de enriquecimiento por GO Terms (<http://geneontology.org/> para agrupar las proteínas seleccionadas según los dominios de función molecular y procesos biológicos (3). En el dominio de función molecular, los procesos asociados a unión (78 %) y actividad catalítica (66 %) son los más representativos; mientras que, dentro de procesos biológicos, los celulares (98 %) y los metabólicos (90 %) son los más relevantes.

Financiación

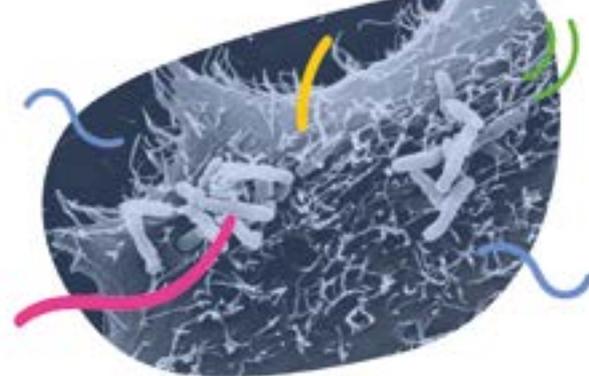
La investigación ha sido cofinanciada por la Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y Universidad en el ámbito del Plan Andaluz de Investigación, Desarrollo e Innovación (PAIDI 2020) y FEDER, Ref. PY20_00590. También, por el MICINN-Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2021-2023 ayudas a «Proyectos de Generación de Conocimiento» y FEDER, Ref. PID2021-127766OB-I00.

Referencias

- (1) Santos, RTS, Biasoto ACT, Rybka ACP, Castro CDPC, Aidar ST, Borges GSC, Silva FLH et al. (2021) LWT, 148: 11171.
- (2) Srisamatthakarn P, Rauhut D, Brückner H (2010). *As. J. Food Ag-Ind*, 3: 282-292.
- (3) Román-Camacho JJ, Mauricio JC, Santos-Dueñas IM, García-Martínez T, García-García I. (2021) *Food Microbiol.* 98: 103799.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#194 OPTIMIZACIÓN MEDIANTE INGENIERÍA GENÉTICA DE LA PRODUCCIÓN DE 22-HIDROXI-23,24-BISNORCOL-4-EN-3-ONA EN MYCOLICIBACTERIUM SMEGMATIS A ESCALA DE BIORREACTOR

Gabriel Hernández-Fernández, Miguel García Acedos, Jose Luis García López, Beatriz Galán Sicilia

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La producción industrial de compuestos esteroideos C19 es un proceso biotecnológico que se lleva a cabo utilizando fitoesteroides como sustrato y mutantes del género *Mycolicibacterium* que tienen bloqueada la degradación de los anillos esteroideos. Además de los compuestos C19, y debido a la existencia de una vía metabólica alternativa, se producen cantidades apreciables de un compuesto de 22 carbonos denominado 22-hidroxi-23,24-bisnorcol-4-en-3-ona (4-HBC) como subproducto, pero que presenta también interés industrial. Esto reduce los rendimientos de producción y complica el procesamiento y purificación posterior de los productos finales. En este trabajo, hemos identificado el gen MSMEG_6561, que codifica una posible aldolasa denominada Sal responsable de la transformación de 22-hidroxi-3-oxo-colest-4-en-24-carboxil-CoA (22-OH-BCN-CoA) en el precursor del 4-HBC denominado (20S)-3-oxegn-4-oxoprene-20-aldehído-carboxaldehído (3-OPA). La delección de MSMEG_6561 aumenta el rendimiento de producción del esteroide C-19 denominado 4-androstene-3,17-dione (AD) comparado con la cepa parental y evita la producción de 4-HBC como subproducto [1]. Por otro lado, según resultados obtenidos en *Mycobacterium neoaurum* [2], el 3-OPA es posteriormente reducido por la reductasa mnOpccR para producir 4-HBC. Los genes MSMEG_6561 y MSMEG_1623 (que codifica una posible reductasa similar a mnOpccR, llamada msOpccR) se expresaron en trans en una cepa productora de 4-HBC para mejorar el rendimiento de su producción. Se realizaron experimentos de biotransformación en biorreactor donde se comprobó que la sobreexpresión de la aldolasa Sal no produce ninguna mejora comparado con la cepa parental, e incluso resulta en un peor crecimiento de la cepa en presencia de esteroides. Sin embargo, la sobreexpresión de la aldolasa Sal junto a la reductasa msOpccR, no solo recupera el crecimiento normal de la cepa, sino que mejora el rendimiento del proceso al aumentar la producción de 4-HBC, que posteriormente se podrá utilizar como punto de partida para la síntesis de distintos fármacos como la progesterona.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2021-125370OB-I00 del Ministerio de Ciencia de España e Innovación (MICINN). GHF es beneficiario de una ayuda para la formación de profesorado universitario (FPU21/05101) del Ministerio de Universidades.

Referencias

[1] Hernández-Fernández G, Acedos M. G, García J. L, Galán B. Identification of the Aldolase Responsible for the Production of 22-hydroxy-23,24-bisnorcholesterol-4-ene-3-one from Natural Sterols in *Mycolicibacterium smegmatis*. *bioRxiv* 2023.02.10.527981; doi: <https://doi.org/10.1101/2023.02.10.527981>

[2] Peng H, Wang Y, Jiang K, Chen X, Zhang W, Zhang Y, Deng Z, Qu X. A Dual Role Reductase from Phytosterol Catabolism Enables the Efficient Production of Valuable Steroid Precursors. *Angew Chem Int Ed Engl*. 2021;60(10):5414-5420. doi: 10.1002/anie.202015462



#210 BACILLUS PUMILUS: BIOINDICADOR PARA LA ESTERILIZACIÓN MEDIANTE CO₂ SUPERCRÍTICO

María Carracedo Pérez, Carlos A. García González, Beatriz Magariños.

¹(Universidad de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

Debido a su bioactividad, biocompatibilidad y biodegradabilidad, los materiales fabricados a partir de biopolímeros tienen gran interés en el campo de la medicina, tales como la administración de fármacos, la fabricación de implantes para medicina regenerativa o la fabricación de biosensores. Para estos fines, es necesario garantizar la esterilidad del material. No obstante, las técnicas de esterilización convencionales como la esterilización con óxido de etileno, la radiación gamma, o la esterilización por vapor pueden no ser apropiadas para este tipo de materiales ya que pueden dejar residuos tóxicos y/o inducir cambios fisicoquímicos en estos. Como alternativa, la tecnología de CO₂ supercrítico (scCO₂) es una técnica novedosa para esterilizar materiales multicomponente de estructura compleja, debido a la alta penetrabilidad de este tipo de fluido y al efecto biocida del CO₂ a condiciones de trabajo suaves [1]. Por otro lado, es necesario que todas las técnicas de esterilización tengan un bioindicador (BI) que garantice la esterilidad del proceso, si bien hasta el momento no hay ningún BI asignado para la esterilización con scCO₂. En este trabajo, se pretende definir el BI de la técnica de esterilización con scCO₂. Para ello, tiras de esporas secas de *Bacillus stearothermophilus*, *Bacillus atrophaeus*, y *Bacillus pumilus*, se han sometido a diversos tiempos de exposición (2-5 horas) con scCO₂, con el fin de evaluar cual de estos microorganismos es el más resistente y asignar un BI para esta técnica de esterilización. Tras el tratamiento, las tiras de esporas tratadas fueron sembradas en TSC e incubados durante 7 días. La presencia de crecimiento microbiano se detectó a simple vista por aparición de turbidez y mediante siembra en TSA diariamente. Los resultados indican que *Bacillus pumilus* es el microorganismo más resistente y por lo tanto, se propone como BI para esta metodología de esterilización.

Financiación

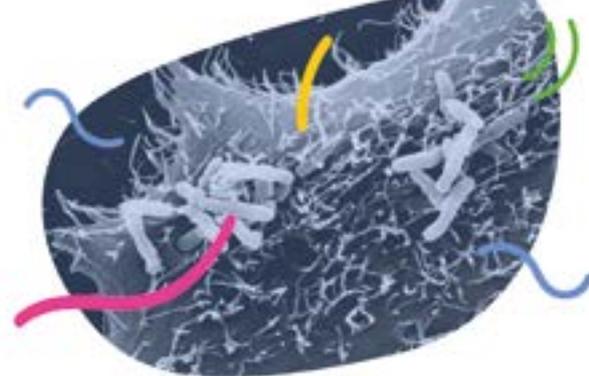
MICINN [PID2020-120010RB-I00; PDC2022-133526-I00], Xunta de Galicia [ED431C 2020/17 y ED431C 2022/23], Xunta de Galicia-GAIN [Ignicia Programme 2021, ECOBONE], Agencia Estatal de Investigación [AEI] and FEDER funds. Trabajo realizado en el marco de CA18125 AERoGELS COST Action financiado por COST (European Cooperation in Science and Technology)

Referencias

Ribeiro y col. (2020) *Biomed. Mater. Res. B Appl. Biomater* 108: 399.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#230 DISEÑO DE UNA PLATAFORMA PARA LA DETERMINACIÓN DE LAS SEÑALES DE ACTIVACIÓN DE LAS HISTIDINA QUINASAS (HKASP) EN STREPTOMYCES COELICOLOR

Margarita Díaz Martínez, Ricardo Sánchez De La Nieta Moreno, Javier García Martín, Ramón I. Santamaría Sánchez.

¹(Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG) CSIC/USAL, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Los sistemas de dos componentes (TCSs) compuestos por una histidina quinasa sensora (HK) y un regulador de respuesta (RR) constituyen el sistema de transducción de señales predominante en los organismos procariotas. Dentro de la cascada de señalización, la etapa más problemática de cara a su análisis es precisamente la inicial, la activación de la histidina quinasa. La identificación de los estímulos que activan los TCSs y modulan sus cascadas de señalización es uno de los mayores obstáculos en el estudio de estos sistemas de regulación. De los casi 100 TCS presentes en el genoma de *Streptomyces coelicolor*, tan solo se ha conseguido determinar de forma precisa la señal de activación en dos de ellos: VanR/S1 y GluK/R2. En nuestro grupo hemos diseñado y construido una plataforma para determinar in vivo las señales y estímulos que activan a las histidina quinasa (HKASP: Histidine Kinase Activating Signalling Platform) en *Streptomyces*³. Esta plataforma se basa en la construcción de HK quiméricas (qHK) en las que se fusionan los dominios sensor-transmisor de una HK de interés cuya señal de activación se desee conocer, con los dominios citosólicos catalíticos de una HK previamente caracterizada en *S. coelicolor*. Además, la plataforma consta del RR de la HK caracterizada que controla un gen reportero que permitirá monitorizar la activación de este sistema de transducción quimérico.

Financiación

PID2019-107716RB-I00.

Referencias

1. Koteva et al. (2010) *Nat. Chem. Biol.* 6(5):327-329.
2. Li et al. (2017) *J. Bacteriol.* 199(18): 1-12.
3. Sánchez de la Nieta, R (2022) Tesis Doctoral. Univ Salamanca.



#239 CAPACIDAD PRODUCTORA DE BIOSURFACTANTES Y BACTERIOCINAS POR PARTE DE BACTERIAS HALÓFILAS Y HALOTOLERANTES

Maia Azpiazu-Muniozguren ¹, Elena Valgañon ¹, Irati Martinez-Malaxetxebarria ^{1,2}, Lorena Laorden ^{1,2}, Ilargi Martinez-Ballesteros ^{1,2}.

¹ (Grupo de Investigación Mikrolker. Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco UPV/EHU, Vitoria-Gasteiz, España)

² (Bioaraba. Microbiología, Enfermedades Infecciosas, Agentes Antimicrobianos y Terapia Génica, Vitoria-Gasteiz, España)

Resumen de la comunicación

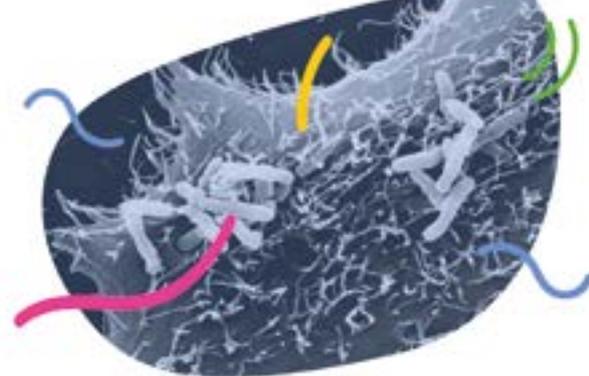
Los sistemas de dos componentes (TCSs) compuestos por una histidina quinasa sensora (HK) y un regulador de respuesta (RR) constituyen el sistema de transducción de señales predominante en los organismos procariotas. Dentro de la cascada de señalización, la etapa más problemática de cara a su análisis es precisamente la inicial, la activación de la histidina quinasa. La identificación de los estímulos que activan los TCSs y modulan sus cascadas de señalización es uno de los mayores obstáculos en el estudio de estos sistemas de regulación. De los casi 100 TCS presentes en el genoma de *Streptomyces coelicolor*, tan solo se ha conseguido determinar de forma precisa la señal de activación en dos de ellos: VanR/S1 y GluK/R2. En nuestro grupo hemos diseñado y construido una plataforma para determinar in vivo las señales y estímulos que activan a las histidina quinasa (HKASP: Histidine Kinase Activating Signalling Platform) en *Streptomyces*. Esta plataforma se basa en la construcción de HK quiméricas (qHK) en las que se fusionan los dominios sensor-transmisor de una HK de interés cuya señal de activación se desea conocer, con los dominios citosólicos catalíticos de una HK previamente caracterizada en *S. coelicolor*. Además, la plataforma consta del RR de la HK caracterizada que controla un gen reportero que permitirá monitorizar la activación de este sistema de transducción quimérico.

Financiación

Universidad del País Vasco UPV/EHU (GIU21/021) y Fundación Valle Salado

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#240 ESTEREOESPECIFICIDAD Y EFICIENCIA DE LIPASAS, CUTINASAS Y PROTEASAS EN LA DESPOLIMERIZACIÓN DEL ÁCIDO POLILÁCTICO

Carlos Murguiondo Delgado, Lara Bejarano Muñoz, Laura Isabel De Eugenio Martínez, Jorge Barriuso Maicas, Alicia Prieto Orzanco.

¹(CIB-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El ácido poliláctico (PLA) es un poliéster alifático cada vez más utilizado en industrias como la del embalaje, la textil y la médica, debido a sus propiedades de biocompatibilidad, termoplaticidad y biodegradabilidad en condiciones controladas. No obstante, la ausencia de métodos adecuados de reciclado del PLA limita su uso. En este contexto, la hidrólisis o despolimerización enzimática del PLA emerge como un método prometedor para la liberación del monómero de ácido láctico (LA) para su posterior reciclado o conversión en productos de valor añadido. La hidrólisis enzimática, comparada con métodos de degradación convencionales físico-químicos, tiene como ventaja las condiciones de reacción más suaves, alta selectividad que evita la formación de subproductos tóxicos no deseados y una alta pureza y fácil purificación del ácido láctico. Debido a la naturaleza quiral del LA, existen distintos isómeros del PLA: L-PLA, D-PLA y el estereocomplejo D,L-PLA. Estos polímeros tienen distintas propiedades y utilidades y las enzimas que las degradan son también diferentes: las cutinasas, lipasas y esterases actúan preferentemente sobre el D-PLA, mientras que las proteasas, y en especial la proteinasa K, hidrolizan el L-PLA. En este trabajo, hemos estudiado la despolimerización enzimática de 4 PLAs distintos comercializados por Sigma-Aldrich: D,L-PLA de 5 kDa, D,L-PLA de 75-120 kDa, L-PLA de 5 kDa y L-PLA de 85-160 kDa. Entre las enzimas estudiadas se encuentran varias comerciales, como CRL (lipasa de *Candida rugosa*), proteinasa K (de *Tritirachium album*) y Novozym51032 (cutinasa de *Humicola insolens*), así como OPEr-N81A, una esterasa modificada en nuestro laboratorio mediante mutagénesis dirigida, partiendo de la esterasa de *Ophiostoma piceae*. El objetivo de este trabajo es investigar la estereoespecificidad o estereopreferencia de las enzimas, establecer las condiciones adecuadas para la hidrólisis de distintos PLAs, así como estudiar el efecto de varios pretratamientos en el rendimiento de la despolimerización.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por los proyectos RETOPROSOST-2-CM (C. Madrid, S2018/EMT-4459), MICODE (MCIN/AEI, PID2020-114210RB-I00) y DEMO (TED2021-130096B-I00/AEI/10.13039/501100011033/Unión Europea NextGenerationEU/PRTR).



#246 TWO-STAGE BIOTECHNOLOGICAL PROCESS TO PRODUCE LIPIDS FROM SYNGAS FOR THE SYNTHESIS OF SUSTAINABLE BIOFUELS

José María Sanz Martín¹, Marta Ramos Andrés¹, Raúl Piñero Hernanz¹, Jorge Barriuso Maicas², José Luis García López², Elodie Vlaeminck³, Koen Quataert³, Konstantinos Atsonios⁴.

¹(Centro Tecnológico CARTIF, Boecillo, Valladolid, España)

²(Centro de Investigaciones Biológicas (CIB-CSIC), Madrid, España)

³(Bio Base Europe Pilot Plant (BBEPP), Gante, Bélgica)

⁴(Centre for Research & Technology Hellas / Chemical Process & Energy Resources Institute (CERTH/CPERI), Atenas, Grecia)

Resumen de la comunicación

Syngas fermentation is a bioconversion technology of syngas/waste gas components to produce low-carbon molecules. This technology is currently undergoing an intensive research and development phase. Acetogens (*Clostridium*, *Eubacterium*, *Moorella*) have been shown to ferment single carbon gases such as CO and CO₂ plus H₂ into chemicals (mainly acetate, ethanol, lactate or 2,3-BDO) through the acetyl-CoA pathway (Wood-Ljungdahl pathway). *M. thermoacetica* has great potential as microbial production platforms using syngas, because it has high growth and metabolism rates and low microbial contamination rates due to their high growth temperature. Here we describe a strategy for the gas fermentation using *M. thermoacetica* and a pressurized gas fermenter aimed to improve the overall reaction rate as well as the global yield of the process for the production of acetate. In a second fermentation stage, we investigated the use of acetate as main carbon source for the production of triacylglycerides (TAGs) using the oleaginous yeast *Yarrowia lipolytica*. This microorganism can accumulate in the form of lipid bodies, lipids of up to 60% wt/wt of their biomass. Fermentation conditions were studied at laboratory level to determine the most important parameters influencing lipid accumulation (pH, DO, C/N ratio) as well as alternative carbon sources to increase the yield of lipid production. For this purpose, not only batch and fed-batch fermentation processes but also continuous fermentations with cell recycle, fed with a diluted acetate solution, were carried out at lab scale using bench scale bioreactors of 1.5 L. The overall results showed that acetate produced from syngas can be used as promising, low-cost carbon source for growth and lipid production in *Y. lipolytica*, which can be further processed to obtain sustainable biofuels.

Financiación

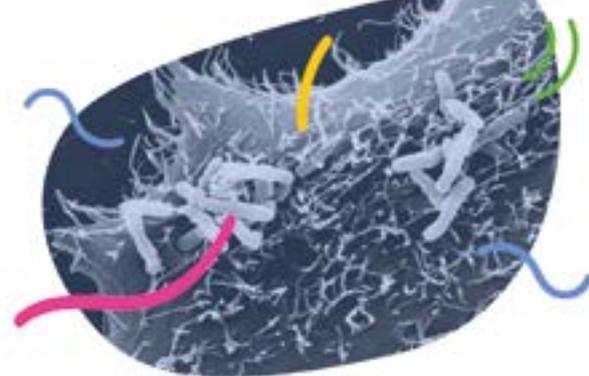
This work was supported by the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under Grant Agreement No 884208 (BIOfuels production from Syngas FERmentation for Aviation and maritime use - BioSFerA).

Hipervínculo

<https://biosfera-project.eu>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#269 DESARROLLO DE HERRAMIENTAS PARA EL RECICLAJE DE LA BIOMASA LIGNOCELULÓSICA EN LEVADURAS

Carlos Del Cerro ¹, Helena Gómez ¹, Davinia Salvachúa ², Susana Camarero ¹, Eduardo Díaz ¹.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Madrid, España)

²(National Renewable Energy Laboratory, Golden, Estados Unidos)

Resumen de la comunicación

Syngas fermentation is a bioconversion technology of syngas/waste gas components to produce low-carbon molecules. This technology is currently undergoing an intensive research and development phase. Acetogens (*Clostridium*, *Eubacterium*, *Moorella*) have been shown to ferment single carbon gases such as CO and CO₂ plus H₂ into chemicals (mainly acetate, ethanol, lactate or 2,3-BDO) through the acetyl-CoA pathway (Wood-Ljungdahl pathway). *M. thermoacetica* has great potential as microbial production platforms using syngas, because it has high growth and metabolism rates and low microbial contamination rates due to their high growth temperature. Here we describe a strategy for the gas fermentation using *M. thermoacetica* and a pressurized gas fermenter aimed to improve the overall reaction rate as well as the global yield of the process for the production of acetate. In a second fermentation stage, we investigated the use of acetate as main carbon source for the production of triacylglycerides (TAGs) using the oleaginous yeast *Yarrowia lipolytica*. This microorganism can accumulate in the form of lipid bodies, lipids of up to 60% wt/wt of their biomass. Fermentation conditions were studied at laboratory level to determine the most important parameters influencing lipid accumulation (pH, DO, C/N ratio) as well as alternative carbon sources to increase the yield of lipid production. For this purpose, not only batch and fed-batch fermentation processes but also continuous fermentations with cell recycle, fed with a diluted acetate solution, were carried out at lab scale using bench scale bioreactors of 1.5 L. The overall results showed that acetate produced from syngas can be used as promising, low-cost carbon source for growth and lipid production in *Y. lipolytica*, which can be further processed to obtain sustainable biofuels.

Financiación

Este proyecto se lleva a cabo gracias a una beca del programa ComFuturo de la Fundación General CSIC, la cual ha recibido financiación del programa de investigación e innovación de la Unión Europea Horizonte 2020 bajo el acuerdo de subvención Marie Skłodowska-Curie No. 101034263I.



#275 INGENIERÍA METABÓLICA DE BACILLUS SUBTILIS PARA LA PRODUCCIÓN EFICIENTE Y ESTABLE DE C30-CAROTENOIDES

Pere Picart Faiget.

¹ (Universidad de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Los terpenoides son compuestos naturales con más de 70.000 estructuras químicas diferentes que ofrecen aplicaciones muy interesantes en el campo de la industria farmacéutica, cosmética, alimentaria, o como biocombustibles. Su extracción, en su mayoría de plantas, o su síntesis química puede resultar técnicamente complicada, obteniéndose rendimientos bajos o moderados. En cambio, su producción biotecnológica mediante cepas microbianas ofrece una alternativa sostenible y respetuosa con el medio ambiente, pudiéndose obtener rendimientos elevados en condiciones de proceso suaves. *Bacillus subtilis*, un microorganismo generalmente reconocido como seguro, es uno de los mayores emisores de isopreno (el representante más pequeño de los terpenoides) entre las bacterias, convirtiéndose así en un huésped microbiano ideal para su utilización como fábrica celular de terpenoides. En este estudio, hemos investigado su potencial de aplicación como huésped heterólogo para producir diaponeurosporeno, un C30 carotenoide amarillo con alta actividad antioxidante y estimulador del sistema inmune. Para ello, los genes *crtM* (deshidroescualeno sintasa) y *crtN* (deshidroescualeno desaturasa) de *Staphylococcus aureus* fueron sobreexpresados mediante su inserción en múltiples copias en el cromosoma de *B. subtilis*. Posteriormente, se incrementó la concentración del precursor farnesil difosfato (FPP, sustrato de las enzimas CrtMN), mediante la sobreexpresión de la enzima farnesil difosfato sintasa de *Bacillus megaterium* y la delección del gen codificante para la farnesil difosfato fosfatasa, una enzima responsable del consumo no deseado de FPP. La combinación consecutiva de todas estas modificaciones resultó en un aumento gradual en la producción de diaponeurosporeno, hasta obtener una cepa eficiente, segura y estable de *B. subtilis* que de forma endógena produce el carotenoide amarillo, libre de plásmidos y marcadores de selección de antibióticos. Anticipamos que esta cepa servirá de punto de partida para aumentar su producción mediante ingeniería metabólica y optimización del proceso fermentativo, con el objetivo de desarrollar un proceso de bioproducción a escala comercial.

Financiación

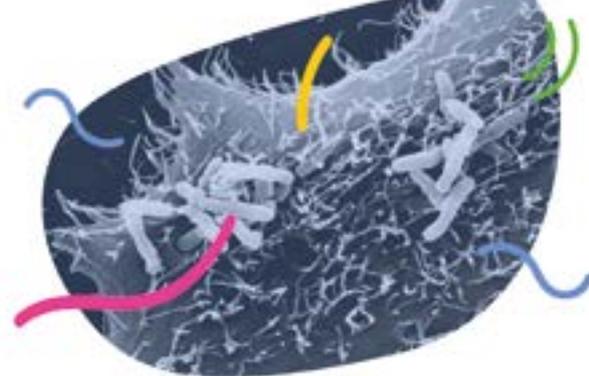
Este trabajo está financiado por el Pla de Doctorats Industrials del Departament de Recerca i Universitats de la Generalitat de Catalunya i Gestió d' Ajuts Universitaris de Recerca, con el número de beca 2021 DI 77

Referencias

<https://doi.org/10.1186/s13568-023-01542-x>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#284 DETECTION OF BIOACTIVE COMPOUNDS IN ACTINOBACTERIA OF THE ORDER PROPIONIBACTERIALES

Ignacio González Martínez, Cristina Martínez Reina, Bernabé Martos , Pilar Sánchez , Mercedes De La Cruz Moreno, Caridad Díaz , José Rubén Tormo Beltrán, Daniel Oves Costales, Olga Genilloud Rodríguez.

¹(Fundación MEDINA, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Secondary metabolites produced by microorganisms have historically been a fundamental source for the discovery of pharmaceutical agents. There are thousands of natural products discovered to date for clinical use in the treatment of antimicrobial infections, something of special relevance at present due to the emergence of drug resistance. In this context, Actinobacteria have proven to be a rich resource of compounds, being capable of producing metabolites with a wide spectrum of activities of pharmacological interest, especially in the search for new antibiotics. Thus, bioprospecting for new strains in unexplored environments is essential to avoid continuous rediscovery of known compounds and to obtain new molecules with antimicrobial activity. Besides, the isolation of strains from the so called rare or minor taxa of Actinobacteria not previously studied is an interesting way to obtain new bioactive molecules. The present research has been focused on the study of strains of the order Propionibacteriales that were isolated from different habitats in different areas, mainly in the provinces of Granada and Almería. Strains were identified using sequence analysis of the 16S rRNA gene. The phylogenetic analysis of this bacterial population clearly outlined the different genera, with a large representation of members of the genus *Kribbella*. On the other hand, the ability of the strains to produce compounds with antimicrobial and antifungal activity was evaluated by confronting the fermentation extracts with different human pathogenic microorganisms. Considering the activities detected and, after a dereplication process, the compounds responsible for the activity were identified (HPLC-MS). From 125 strains tested, 61 showed some interesting activity (antimicrobial or antifungal). In addition, a total of 26 different compounds were detected that could be responsible for these activities. The results demonstrate the ability of Actinobacteria to produce secondary metabolites with bioactivity, and the importance of investigating new strains isolated from unexplored environments

Financiación

Este trabajo está financiado por el Pla de Doctorats Industrials del Departament de Recerca i Universitats de la Generalitat de Catalunya i Gestió d' Ajuts Universitaris de Recerca, con el número de beca 2021 DI 77

Referencias

Virúés-Segovia, J. R., F. Reyes, et al. (2022). *Kribbellichelins A and B, Two New Antibiotics from Kribbella sp. CA-293567 with Activity against Several Human Pathogens. Molecules. 27: 6355.* Sánchez-Hidalgo, M., M. J. García, et al. (2023). *Complete Genome Sequence Analysis of Kribbella sp. CA-293567 and Identification of the Kribbellichelins A & B and Sandramycin Biosynthetic Gene Clusters. Microorganisms. 11: 265.*



#293 DISEÑO RACIONAL DE BIOCATALIZADORES BACTERIANOS PARA LA ELIMINACIÓN Y VALORIZACIÓN DE PLASTIFICANTES

Sofía De Francisco De Polanco, Gonzalo Durante Rodríguez, Eduardo Díaz Fernández.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los ésteres de ftalatos (PAEs) son derivados esterificados del ácido o-ftálico (PA) y los plastificantes más utilizados en la actualidad. Dado que se unen de manera no covalente a los plásticos, difunden fácilmente al medio ambiente y representan uno de los contaminantes orgánicos emergentes más frecuentes debido a sus distintos efectos tóxicos para la vida. La degradación bacteriana de PAEs se presenta como una de las estrategias más prometedoras para su eliminación. Las rutas catabólicas de los PAEs comprenden un metabolismo periférico que transforma el PAE en PA (y el correspondiente alcohol) y metabolismo central para la mineralización del PA (1). En trabajos previos se caracterizó el metabolismo central (transporte y degradación del PA vía benzoil-CoA), y se demostró la posibilidad de reconducir el flujo de carbono hacia la producción de bioplásticos (polihidroxibutirato, PHB) (2). En este trabajo se aborda el metabolismo periférico de un PAE altamente utilizado, di-n-butil-ftalato (DBP), mediante el diseño de una ruta sintética que expresa esterasas específicas de DBP y su implantación en biocatalizadores optimizados para la conversión de PA en PHB. Con este fin, se han desarrollado cassettes recombinantes que expresan distintas esterasas con elevada actividad hidrolítica frente a distintos PAEs (3,4) y otras todavía sin caracterizar como EstB de *Halomonas* sp. ATBC28 (5). Ensayos bioquímicos de la enzima EstB revelan que se trata de una diesterasa muy activa capaz de generar mono-n-butil-ftalato (MBP) como producto final. La utilización de enzimas con doble actividad (di y mono-esterasa) o la combinación de EstB con monoesterasas que convierten MBP en PA son dos estrategias alternativas que se están analizando con el objetivo de diseñar la ruta periférica más eficiente y versátil (amplio rango de sustratos PAEs) posible para el desarrollo de biocatalizadores recombinantes que faciliten la conversión de PAEs en PHB.

Financiación

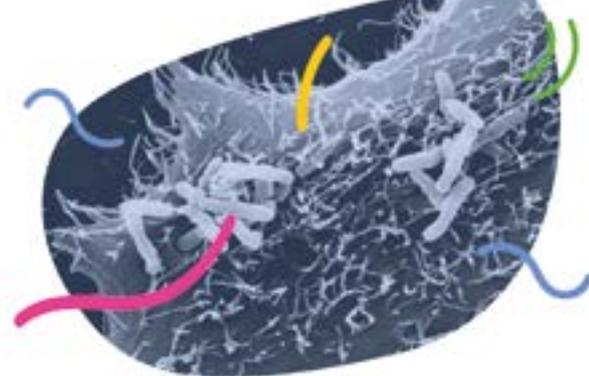
Este trabajo se ha financiado con el Proyecto Nacional PID2019-110612RB-I00 y una ayuda PRE2020-092563 del Ministerio de Ciencia e Innovación de España.

Referencias

1. Ren, L., Lin, Z., Liu, H., & Hu, H. (2018). Bacteria-mediated phthalic acid esters degradation and related molecular mechanisms. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 102(3), 1085–1096.
2. Sanz-Mata, D. (2020). Degradación de compuestos aromáticos y alicíclicos en la bacteria *Azoarcus* sp. CIB, y sus aplicaciones biotecnológicas. Tesis doctoral.
3. Wei, S. T.-S., Chen, Y.-L., Wu, Y.-W., Wu, T.-Y., Lai, Y.-L., Wang, P.-H., Ismail, W., Lee, T.-H., & Chiang, Y.-R. (2021). Integrated Multi-omics Investigations Reveal the Key Role of Synergistic Microbial Networks in Removing Plasticizer Di-(2-Ethylhexyl) Phthalate from Estuarine Sediments. *MSystems*, 6(3).
4. Sarkar, J., Dutta, A., Pal Chowdhury, P., Chakraborty, J., & Dutta, T. K. (2020). Characterization of a novel family VIII esterase EstM2 from soil metagenome capable of hydrolyzing estrogenic phthalates. *Microbial Cell Factories*, 19(1), 1–12.
5. Wright, R. J., Bosch, R., Gibson, M. I., & Christie-Oleza, J. A. (2020). Plasticizer Degradation by Marine Bacterial Isolates: A Proteogenomic and Metabolomic Characterization. *Environmental Science and Technology*, 54(4), 2244–2256.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#300 INTEGRACIÓN DE DATOS MULTIÓMICOS PARA EL ANÁLISIS DE LA ADAPTACIÓN METABÓLICA DE LA BACTERIA EXTREMÓFILA CHROMOHALOBACTER SALEXIGENS

Joaquín J Nieto, Lourdes Martínez-Martínez, Manuel Salvador, Carmen Vargas, Montserrat Argandoña.

¹(Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

La bacteria halófila *Chromohalobacter salexigens* es productora natural de solutos compatibles, como las ectoínas, en respuesta al aumento de la salinidad y la temperatura del medio. De este modo, adapta su metabolismo al estrés ambiental osmótico y térmico. Las ectoínas presentan un enorme potencial biotecnológico debido a sus propiedades estabilizantes y protectoras¹. Para el diseño racional de cepas superproductoras de ectoínas es necesario un conocimiento holístico del metabolismo de *C. salexigens*. Con este fin, se han estudiado datos de diferentes técnicas ómicas a través de un enfoque integrador. Así, se obtuvieron datos transcriptómicos (RNA-seq), proteómicos (2D-DIGE) y metabolómicos (metaboloma dirigido) a partir de células cultivadas en condiciones de salinidad y temperatura para la mínima (0,6 M NaCl 37°C) y máxima producción de ectoína e hidroxiectoína (2,5 M NaCl 37°C y 45°C, respectivamente). En el análisis se incluyeron datos de 1468 genes² y de 265 "spots" de proteínas, diferencialmente expresados, así como datos de concentración intracelular de 48 metabolitos del metabolismo central. El enfoque integrador se realizó mediante un método multivariante en R (multiblock (s)PLS-DA) del paquete mixOmics³. Como resultado, se obtuvieron dos redes de relevancia, una por salinidad y otra por temperatura, que mostraban las correlaciones entre los tres tipos de datos. El análisis de los nodos con mayor grado de conexión reveló los metabolitos que estaban correlacionados con los niveles de ectoínas, como el fumarato o la ribosa-5-fosfato. A su vez, permitió dilucidar relaciones entre la variación de los niveles de ectoína e hidroxiectoína y otros nodos (genes/proteínas), destacando algunos implicados en la homeostasis de metales, sistemas de señalización y metabolismo. Así, se han podido identificar ciertos elementos clave para su estudio posterior, lo que permitirá ampliar el conocimiento sobre la adaptación del metabolismo de *C. salexigens* en diferentes condiciones de estrés, en relación con la producción de ectoínas.

Financiación

Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y la Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades de la Junta de Andalucía, dentro del Programa Operativo FEDER 2014-2020 (US-1380847); Proyecto (PID2019-111273RB) financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación-Agencia Estatal de Investigación I00/AEI/10.13039/501100011033

Referencias

(1) Pastor y col (2010). *Biotechnology advances* 28:782-801; (2) Salvador y col., (2018). *Frontiers in Microbiology*, 9: 1-19; (3) Rohart y col., (2017). *PLoS Computational Biology* 13, 1-20



#303 OXIDOREDUCTASE-DEPENDENT APPROACHES TO PRODUCE THE RENEWABLE PLASTIC PRECURSOR FURANDICARBOXYLIC ACID

Juan Carro , Ana Serrano , María Isabel Sánchez-Ruiz , Rodrigo Rincón-Sanz , José Manuel González-Fornell , Ángel T. Martínez , Francisco Javier Ruiz-Dueñas.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

2,5-Furandicarboxylic acid (FDCA) is listed as one of the top building blocks by the US Department of Energy due to its ability to polymerise forming polyesters. Indeed, it is condensed with ethylene glycol to produce poly(ethylenefurandicarboxylate) (PEF). PEF has similar, if not superior, characteristics to those of widely used poly(ethyleneterephthalate) (PET) and the advantage of being renewable and biodegradable: FDCA is a derivative of 5-hydroxymethylfurfural (HMF), itself a product of dehydration of hexoses in plant biomass. The recent years have witnessed intense research in the field of the biocatalytic conversion of HMF into FDCA. Enzymes are favoured by their mild operational conditions and, generally, high product selectivity. Our group has focused on oxidoreductases to accomplish the three oxidation steps that lead from HMF to FDCA. The last of the oxidations, the conversion of 5-formylfurancarboxylic acid to FDCA, constitutes the bottleneck of the process. On the one hand, enzymatic cascades involving aryl-alcohol oxidases (AAO) and unspecific peroxygenases (UPO) were developed. AAO oxidises HMF and related compounds to give rise to intermediates and H₂O₂, while UPO catalyses oxygenation to FDCA at the expense of H₂O₂. Moreover, optimization of the reaction led to complete oxidation of HMF using AAO alone thanks to the action of catalase which in this case eliminates deleterious H₂O₂ [1]. On the other, the discovery of hydroxymethylfurfural oxidases (HMFO), that catalyse the three abovementioned oxidations, paved the way for the improvement of the process. Since then, reactions with HMFO have been optimized [2] and new enzymes of this class have been discovered and characterized [3]. A main aim of current FURENPOL project, in collaboration with BSC (www.bsc.es), is to discover novel HMFOs and to engineer them to improve the FDCA yield in order to ultimately scale up the enzymatic conversion of biobased HMF to FDCA.

Financiación

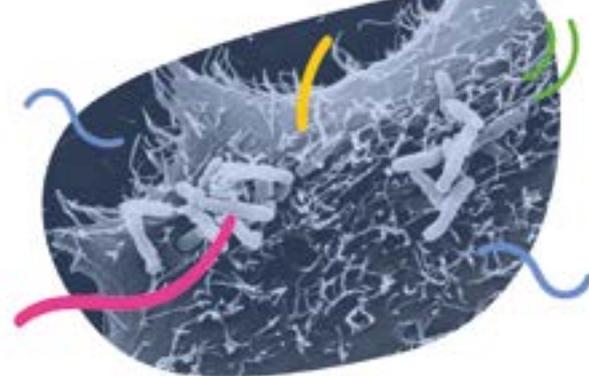
FURENPOL project (PRTR-PELCC2021-007690) and LIG2PLAST project (PID2021-126384OB-I00)

Referencias

- [1] Serrano et al. (2019) *Biotechnol Biofuels* 12:217
- [2] Sánchez-Ruiz et al. (2021) *Microb Cell Fact* 20:180
- [3] Viñambres et al. (2020) *Appl Environ Microbiol* 86:e00842-20

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#311 BÚSQUEDA DE NUEVOS SIDERÓFOROS DE INTERÉS INDUSTRIAL PRODUCIDOS POR BACTERIAS HALÓFILAS MODERADAS COMBINANDO SCREENING IN SILICO E IN VIVO

Tania Antón Rodríguez, Alba Arranz San Martín, Carmen Vargas Macías, Joaquín José Nieto Gutiérrez, Montserrat Argandoña Bertrán.

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

Resumen de la comunicación

En la actualidad, los compuestos anfífilos tienen una amplia demanda debido a su capacidad para formar estructuras supramoleculares con múltiples aplicaciones biotecnológicas, tales como micelas y vesículas. Las propiedades anfífilas de algunos sideróforos, compuestos producidos por las bacterias para captar hierro del medioambiente, los convierten en moléculas de gran interés en áreas científicas como Medicina, Agricultura o Industria Alimentaria. El objetivo de este estudio es encontrar nuevos sideróforos con propiedades de interés industrial producidos por bacterias halófilas moderadas, cuya versatilidad metabólica, bajos requerimientos nutricionales y adaptabilidad a condiciones adversas, las hacen microorganismos ideales para este fin. Para ello, se ha recopilado información de más de 900 cepas halófilas moderadas de publicaciones científicas y bases de datos. Los genomas disponibles se analizaron utilizando la herramienta bioinformática antiSMASH1, para identificar agrupaciones de genes biosintéticos (BGCs, "biosynthetic gene clusters") responsables de la síntesis de sideróforos. Posteriormente, se realizó una primera selección de cepas abarcando la mayor diversidad taxonómica y una amplia variedad en cuanto a tipos de BGCs y clases de sideróforos predichos por dicha herramienta. La producción de sideróforos se analizó in vivo empleando la metodología "overlaid CAS" (O-CAS)². Tras analizar un total de 472 genomas, se detectaron BGCs de producción de sideróforos en más de 160, y además se observó una gran diversidad taxonómica en la distribución de los mismos, al localizarse en 70 géneros bacterianos diferentes. Las clases bacterianas más abundantes fueron Gammaproteobacteria y Bacilli, mientras que Halobacillus, Halomonas y Marinobacter fueron los géneros más representativos. El análisis también reveló una amplia diversidad estructural y genética ya que se detectaron unos 30 tipos diferentes de sideróforos. Todas las cepas analizadas con O-CAS han producido sideróforos in vivo, observándose diferentes niveles de producción dependiendo de la cepa productora en cuestión.

Financiación

This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement Nr. 101000794

Referencias

1. Blin y col. (2021) *Nucleic Acids Res.* 49: W29.
2. Pérez-Miranda y col. (2007) *Microbiol. Methods.* 70: 127.



#316 EFECTO INMUNOMODULADOR DE AKKERMANSIA MUCINIPHILA Y SU POTENCIAL APLICACIÓN COMO PROBIÓTICO

Pablo Rosas ¹, Cora Minogue ², Alba Calvo ³, Yadira Pastor ³, Ana Brotons ⁴, Juan M Irache ⁵, Carlos Gamazo ³.

¹ (Dpto Microbiología. Universidad de Navarra, Pamplona/iruña, España)

² (Technological University Dublin, Dublín, Irlanda)

³ (Dpto Microbiología. Universidad de Navarra, Pamplona, España)

⁴ (Nucaps Nanotechnology, Pamplona, España)

⁵ (Dpto Química y Tecnología farmacéutica. Universidad de Navarra, Pamplona, España)

Resumen de la comunicación

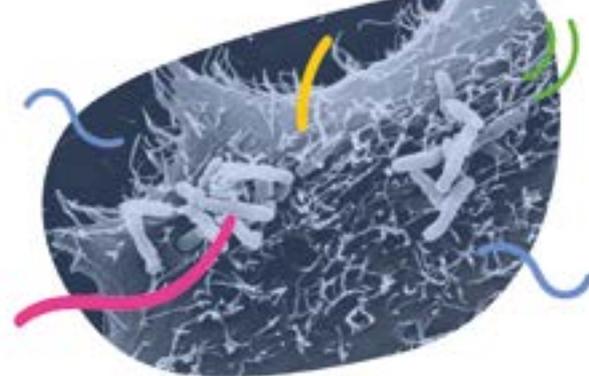
La microbiota humana influye en el desarrollo y función inmunitarias. En este sentido, diversas especies bacterianas están recibiendo una especial atención por su papel en la modulación del sistema inmunitario, como es el caso de *Akkermansia muciniphila*, bacteria Gram-negativa anaerobia perteneciente al phylum Verrucomicrobia. En este trabajo se empleó la cepa DSM 22959 incubada en BHI suplementado con 0,1% de mucina, y se estudió su efecto en la línea celular de macrófagos humanos THP-1. Para ello, las bacterias fueron previamente marcadas con rodamina y se estudió su internalización mediante citometría de flujo. Los resultados indicaron que *A. muciniphila* es captada eficientemente por estos macrófagos, observándose un 65% de macrófagos marcados tras 24 h de incubación. A continuación, se estudió si dicha captura se traducía en efectos contrastados de activación, como son la proliferación celular inducida o la expresión de marcadores de diferenciación M1/M2. El efecto de proliferación celular de macrófagos THP-1 fue determinada a tiempo real empleando dos diferentes ratios entre macrófagos y bacterias inoculadas, detectándose un efecto proliferativo a la dosis más baja (1:10), a diferencia del inóculo 1:100 que indujo un efecto no-proliferativo. Este resultado es propio de agentes anti-inflamatorios inductores de fenotipos M2. Para confirmarlo, se determinaron los niveles de transcripción de citoquinas marcadoras de diferenciación M1 (IL-12) y M2 (IL-10). Efectivamente, la ratio IL10/IL-12 en los macrófagos incubados con *A. muciniphila* fue muy elevada (valores normalizados superiores a 27). Ante su potencial aplicación como probiótico, se empleó una tecnología novedosa de microencapsulación empleando caseína (Nucaps Biotechnology, patente propia) para proteger la viabilidad bacteriana. Los resultados obtenidos en medios gástricos e intestinales simulados confirmaron las bondades de la formulación final, que deberán ser finalmente refrendadas en modelos animales.

Financiación

Proyectos de investigación en ciencias de la salud, 2023

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#319 CARACTERIZACIÓN DE LA ACTIVIDAD DE LAS ATPASAS CONJUGATIVAS EN EL SISTEMA DE SECRECIÓN TIPO IV DEL PLÁSMIDO R388

Tamara Menguiano Vázquez, Elena Cabezón Navarro, Ignacio Arechaga Iturregui.

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, Santander, España)

Resumen de la comunicación

La conjugación bacteriana es el principal medio para la transferencia horizontal de genes. Desde un punto de vista sanitario constituye la vía principal para la diseminación de genes de resistencia a antibióticos. Por tanto, descifrar el mecanismo subyacente a este proceso es de gran interés. En la conjugación bacteriana la transferencia de ADN está mediada por el sistema de secreción de tipo IV (T4SS), un gran complejo macromolecular implicado en el transporte del sustrato y la biogénesis del pilus conjugativo. Ambos procesos requieren energía procedente de la hidrólisis de ATP catalizada por ATPasas específicas. El objetivo de nuestro grupo es describir los pasos que conducen al transporte del sustrato conjugativo y, por otro lado, encontrar nuevos inhibidores de la conjugación que puedan ser empleados en la práctica clínica. En los últimos años hemos encontrado diversos inhibidores de la conjugación bacteriana (COINs). La diana molecular de estos inhibidores es TrwD, una ATPasa conjugativa de nuestro sistema modelo, el plásmido R388. En este trabajo, estudiamos el efecto sobre la conjugación bacteriana del compuesto benserazide, descrito como inhibidor de PilB, ATPasa esencial para la biogénesis del pilus de tipo IV y homóloga de TrwD. Así mismo, analizamos la interacción entre la proteína de acoplamiento del plásmido R388, TrwB, y la relaxasa de dicho plásmido, TrwC, con el objetivo de obtener un complejo proteico puro que permita caracterizar la interacción entre ambas proteínas.



#321 MICROBIOTA INNOVADORA PARA ELABORAR PANES SALUDABLES CON HARINAS DE GARBANZO

Rosana Chiva Tomás¹, Pilar Gómez Jiménez¹, Elena Peñas Pozo², Cristina Martínez Villaluenga², Juana Frías Arevalo², Mercedes Tamame González¹.

¹ (Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG), CSIC-Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

² (Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos y Nutrición (ICTAN-CSIC), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las propiedades del pan dependen en gran parte de los microorganismos que intervienen en la fermentación de las masas de panadería. Las levaduras y bacterias lácticas presentes en las masas madre de cultivo realizan numerosas transformaciones bioquímicas, generando compuestos y sustancias funcionales que incrementan la calidad del pan elaborado con ellas (enzimas, sustancias aromáticas, polisacáridos, vitaminas, aminoácidos, bacteriocinas), le imprimen aromas, texturas y sabores distintivos y aportan beneficios a la salud. Dadas la crisis climática y la de disponibilidad de grano de cereal, hay una necesidad urgente de incorporar en la industria panadera distintas harinas procedentes de matrices vegetales de cercanía que permitan mejorar las propiedades nutricionales y tecno-funcionales del pan, como las harinas de cereales ancestrales, pseudocereales o legumbres. Estas materias primas ofrecen oportunidades extraordinarias para la elaboración de panes innovados, equilibrados nutricionalmente, saludables y sostenibles, sin gluten o con menos gluten, de mayor calidad nutricional que los elaborados exclusivamente con harinas refinadas de trigo. La sustitución parcial de la harina de trigo por harinas de legumbres mejora el valor nutricional del pan y disminuye el índice glicémico. España es el país europeo con mayor consumo de legumbres y los garbanzos son la legumbre más popular. En este trabajo se han analizado las características nutricionales de varias harinas de garbanzo. Con el fin de poder formular cultivos iniciadores naturales capaces de fermentarlas eficazmente, hemos analizado el microbioma de 4 masas madre de fermentación espontánea elaboradas por dos panaderos profesionales con una harina de garbanzo y en sus mezclas con trigo, que se han empleado para obtener panes de obrador. Se han aislado en cultivo cepas nuevas de levaduras y bacterias lácticas autóctonas de esas matrices fermentadas y adaptadas a las mismas, de las que se están analizando las propiedades fermentativas y biotecnológicas.

Financiación

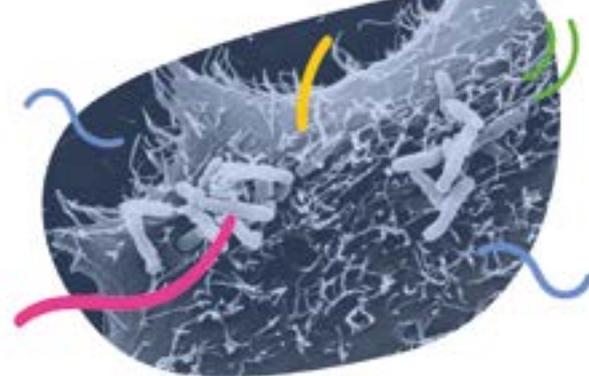
Prueba de Concepto CICER4FOOD (PC_TCUE21-23_037, 2022-2023).

Financiación

<https://ibfg.usal-csic.es/mercedes-tamame.html>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#323 EFECTO DEL MEDIO DE CULTIVO Y DE LA SALINIDAD EN LA PRODUCCIÓN DE BIOSURFACTANTES POR BACTERIAS HALÓFILAS MODERADAS

Alba Arranz San Martín, Tania Antón Rodríguez, Joaquín José Nieto Gutiérrez, Carmen Vargas Macías, Montserrat Argandoña Bertrán.

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

Resumen de la comunicación

Las propiedades del pan dependen en gran parte de los microorganismos que intervienen en la fermentación de las masas de panadería. Las levaduras y bacterias lácticas presentes en las masas madre de cultivo realizan numerosas transformaciones bioquímicas, generando compuestos y sustancias funcionales que incrementan la calidad del pan elaborado con ellas (enzimas, sustancias aromáticas, polisacáridos, vitaminas, aminoácidos, bacteriocinas), le imprimen aromas, texturas y sabores distintivos y aportan beneficios a la salud. Dadas la crisis climática y la de disponibilidad de grano de cereal, hay una necesidad urgente de incorporar en la industria panadera distintas harinas procedentes de matrices vegetales de cercanía que permitan mejorar las propiedades nutricionales y tecno-funcionales del pan, como las harinas de cereales ancestrales, pseudocereales o legumbres. Estas materias primas ofrecen oportunidades extraordinarias para la elaboración de panes innovados, equilibrados nutricionalmente, saludables y sostenibles, sin gluten o con menos gluten, de mayor calidad nutricional que los elaborados exclusivamente con harinas refinadas de trigo. La sustitución parcial de la harina de trigo por harinas de legumbres mejora el valor nutricional del pan y disminuye el índice glicémico. España es el país europeo con mayor consumo de legumbres y los garbanzos son la legumbre más popular. En este trabajo se han analizado las características nutricionales de varias harinas de garbanzo. Con el fin de poder formular cultivos iniciadores naturales capaces de fermentarlas eficazmente, hemos analizado el microbioma de 4 masas madre de fermentación espontánea elaboradas por dos panaderos profesionales con una harina de garbanzo y en sus mezclas con trigo, que se han empleado para obtener panes de obrador. Se han aislado en cultivo cepas nuevas de levaduras y bacterias lácticas autóctonas de esas matrices fermentadas y adaptadas a las mismas, de las que se están analizando las propiedades fermentativas y biotecnológicas.

Financiación

This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement Nr. 101000794.

Referencias

(1) Blin y col. (2021). *Nucleic Acids Research*, 49: W29-W35.



#336 ISOLATION OF BACILLUS SUBTILIS SPORES BY TANGENTIAL FLOW FILTRATION USING THE BIONET M1 SYSTEM

Albert Guillamon Carrasco, Fuensanta Verdú , Juan A. Moreno-Cid , Ruth Ordóñez.

¹(Bionet, Fuente Álamo, España)

Resumen de la comunicación

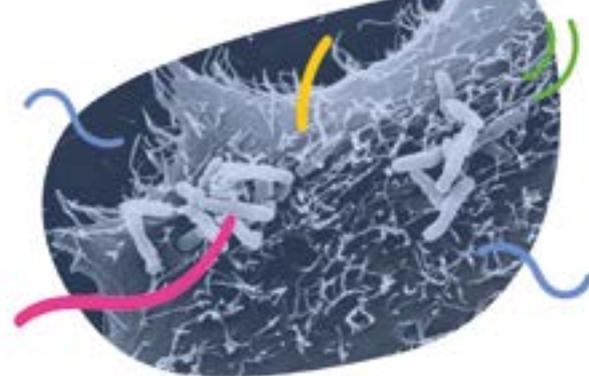
In downstream processing (DSP), Tangential Flow Filtration (TFF) is one of the best options to separate different molecules and/or biomass according to particle size. Bacillus sp and related products are one of the bacteria most produced by fermentation technology since it has several applications in the biotechnology industry. The main goal in DSP operations with Bacillus sp processes is the biomass or spores concentration or removal, depending on which is the target product. In this work, several filtrations using the Bionet M1 TFF system have been performed to concentrate or isolate spores using ceramic membranes of different pore sizes, and Bacillus broth produced by batch and fed-batch modes.

Referencias

- Michaels, S. L., Antoniou, C., Goel, V., Keating, P., Kuriyel, R., Michaels, A. S., & Siwak, M. (2020). Tangential flow filtration. In *Separations Technology* (pp. 57-194). CRC Press.
- Pieracci, J. P., Armando, J.W., Westoby, M., & Thommes, J. (2018). Industry review of cell separation and product harvesting methods. In *Biopharmaceutical processing* (pp. 165-206). Elsevier.
- Kaspar, F., Neubauer, P., & Gimpel, M. (2019). Bioactive secondary metabolites from *Bacillus subtilis*: a comprehensive review. *Journal of natural products*, 82 (7), 2038-2053.
- Kovács, Á. T. (2019). *Bacillus subtilis*. *Trends in Microbiology*, 27 (8), 724-725.
- Van Reis, R., Gadam, S., Frautschy, L. N., Orlando, S., Goodrich, E. M., Saksena, S., & Zydney, A. L. (1997). High performance tangential flow filtration. *Biotechnology and bioengineering*, 56 (1), 71-82.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#409 SELECCIÓN DE UNA CEPA SILVESTRE DE *S. CEREVISIAE* PARA LA PRODUCCIÓN INDUSTRIAL DE UNA CERVEZA DE ABADÍA

Álvaro Rodríguez Alonso¹, José Manuel López Vilariño², María José Pérez ¹, Luis Alfonso Rodríguez López¹.

¹ (Facultad de Ciencias Universidad de Vigo, Ourense, España)

² (Hijos de Rivera S.A.U., A Coruña, España)

Resumen de la comunicación

La cerveza de abadía es una de las cervezas más antiguas, valoradas y consumidas del mundo, que destaca generalmente por su elevada graduación y su sabor especiado con un carácter fenólico definido por la cepa de levadura. Hoy en día existen diferentes tipos de levaduras adaptadas a la producción de este estilo de la especie *Saccharomyces cerevisiae*. Sin embargo, esta especie presenta baja abundancia en la naturaleza y en la mayoría de los casos incapacidad para consumir los azúcares principales del mosto cervecero (mayoritariamente maltosa y en menor medida maltotriosa), lo que dificulta su uso a nivel industrial. Por el contrario, la mayoría de las especies silvestres de *S. cerevisiae* aisladas muestran un carácter fenólico propio de las cervezas de abadía. En este trabajo se ensayaron 4 cepas de *S. cerevisiae* como posibles productoras de cervezas de abadía. Las cepas fueron previamente preseleccionadas a partir de una población derivada de la cepa original Sc1.2EG, aislada en los bosques del Monasterio de Sobrado dos Monxes (A Coruña) y adaptada al consumo de maltosa mediante evolución adaptativa de laboratorio. Como criterios de selección se emplearon el consumo eficiente de maltosa, la buena cinética fermentativa, la producción de fenoles volátiles, las valoraciones de los maestros cerveceros tras el análisis sensorial y los resultados obtenidos mediante cromatografía de gases de los compuestos volátiles generados. Finalmente, se eligió la cepa M29EG para su uso industrial y la producción de 10.000 L de cerveza de abadía en las instalaciones de Hijos de Rivera S.A.U. Para la producción industrial se emplearon 500 L de levadura producidos en un biorreactor de tanque agitado con 650 L de volumen útil. La fermentación finalizó con éxito a los 7 días, realizándose un seguimiento diario de la producción de biomasa y descenso de la gravedad específica.

Financiación

Contrato de I+D (Código Co-93-19). Selección de levaduras autóctonas en el Monasterio de Sobrado dos Monxes para Hijos de Rivera S.A.U.



**#412 EVALUACIÓN DE MONOOXIGENASAS LÍTICAS DE POLISACÁRIDOS (LPMOS)
PARA LA FUNCIONZALIZACIÓN DE LA CELULOSA**

L. Verónica Cabañas Romero, Josefina Martínez , Susana Valenzuela.

¹(Universidad de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

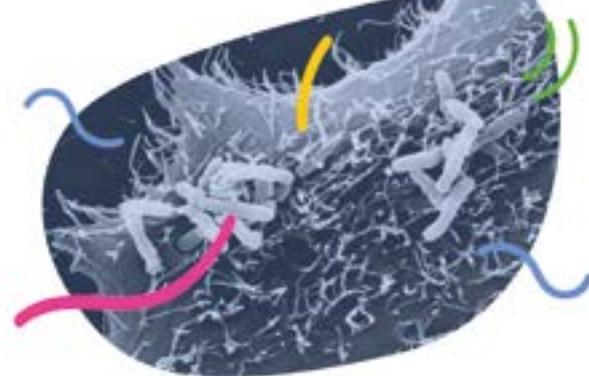
En este trabajo se funcionalizaron pastas de celulosas de eucalipto y bacteriana por oxidación enzimática mediante una monooxigenasa lítica de polisacárido, SamLPMO10C, para aumentar su contenido en grupos carboxilo en 2.4 y 2.7 veces, respectivamente. Las celulosas funcionalizadas se utilizaron para generar soportes de papel que contenían nanopartículas de plata. A las celulosas oxidadas se les adicionó una solución de nitrato de plata como fuente de Ag⁺ que permitió la interacción entre los cationes de plata y los grupos hidroxilo o carboxilo. A continuación, se produjeron soportes de papel y se indujo la formación de nanopartículas de plata por reducción de calor. La presencia de nanopartículas de plata se validó mediante microscopía electrónica de barrido y espectroscopía de rayos X de dispersión de energía. Las pruebas de espectrometría de emisión óptica de plasma acoplado inductivamente y espectrometría de masas de plasma acoplado inductivamente permitieron medir el contenido de plata en los soportes de papel, así como la migración de plata en un medio acuoso. Los soportes de papel funcionalizados con Ag mostraron propiedades antibacterianas contra Staphylococcus aureus.

Hipervínculo

<https://www.ub.edu/in2ub/es/grup-de-recerca/microbial-enzymes-for-industrial-applications-group/>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#426 DESARROLLO DE UNA METODOLOGÍA PARA EVALUAR EL IMPACTO TOXICOLÓGICO DE NUEVOS NANOMATERIALES SOBRE BIOFILMS BACTERIANOS

Dalia De La Fuente-Vivas Vivas, Sara Collado , Marta Sendra , Natalia Fernández-Pampín , Nandita Dasgupta , Laura Gómez-Cuadrado , Rocío Barros , Sonia Martel Martín, Carlos Rumbo.

¹(Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

Los biofilms son asociaciones de microorganismos embebidos en una matriz extracelular adheridos a una superficie, proporcionando protección contra diferentes factores de estrés. En los últimos años, parte de las investigaciones de ciencias ambientales se han centrado en desarrollar estudios de toxicocinética y toxicodinámica de diferentes tipos de compuestos, incluyendo los nanomateriales. En este sentido, debido a su capacidad para acumular y responder rápidamente a xenobióticos, los biofilms son unos excelentes candidatos para ser utilizados en este tipo de estudios. Sin embargo, actualmente sólo existe un trabajo en el que se abordan ambos parámetros en biofilms, y aún no existe ningún protocolo validado por la OCDE. Dado que el uso de nanopartículas se ha incrementado durante los últimos años, es necesario evaluar el riesgo que suponen para la salud y el medio ambiente. Este trabajo aborda el desarrollo de un protocolo para la ejecución de estudios de toxicocinética y toxicodinámica en biofilms. Para ello, la bacteria *Pseudomonas putida* ha sido seleccionada como modelo ambiental debido a su capacidad de formar biofilm en ecosistemas naturales. Para los estudios de toxicocinética, se definieron las condiciones de formación del biofilm, y se realizaron ensayos previos con nanopartículas de ZnO:Mn, estudiando los niveles de diferentes elementos químicos del nanomaterial en el biofilm y el medio circundante mediante ICP-MS. Para los estudios de toxicodinámica, se seleccionaron la producción de ROS y la viabilidad como parámetros de estudio. El desarrollo de este protocolo será relevante en diferentes ámbitos, incluyendo el ambiental (estudios ecotoxicológicos de nanopartículas en biofilms) y el biomédico (desarrollo de compuestos con propiedades anti-biofilm en cepas de interés clínico).

Financiación

Programa H2020 de la Unión Europea (DIAGONAL, Grant Agreement no 953152).

Referencias

Chaumet, B., Morin, S., Hourtané, O., Artigas, J., Delest, B., Eon, M., & Mazzella, N. (2019). Flow conditions influence diuron toxicokinetics and toxicodynamics in freshwater biofilms. *Science of the Total Environment*, 652, 1242–1251. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.10.265>



COMUNICACIONES PÓSTER

Microbiología Molecular

#16 UNRAVELLING THE MOLECULAR DRIVERS OF PLASMID FITNESS COSTS USING CRISPRi SCREENINGS

Cristina Herencias Rodríguez¹, Ignacio De Quinto Cáceres¹, Laura Jaraba Soto¹, David Bikard², Álvaro San Millán Cruz³, Jerónimo Rodríguez Beltrán¹.

¹ (Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Madrid, España)

² (Institut Pasteur, Paris, Francia)

³ (Centro Nacional de Biotecnología CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

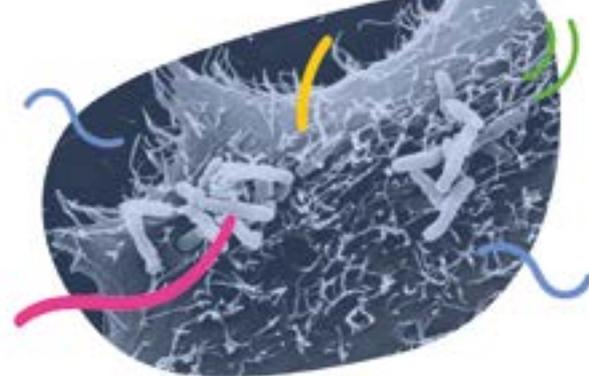
Plasmids are essential for facilitating horizontal gene transfer between bacteria, promoting their adaptation to various environmental conditions. However, under non-selective conditions, plasmid acquisition often comes with a fitness cost. This cost translates into a reduced growth rate and weakened competitiveness of plasmid-bearing strains. Despite the paramount importance of plasmids for bacterial ecology and evolution, the molecular mechanisms driving plasmid fitness costs remain poorly understood. In this study, we used CRISPR interference (CRISPRi) screenings to shed light on these mechanisms. CRISPRi screens provide information on the fitness effects produced by individually blocking the transcription of all genes within a genome one by one. By targeting all genes within the *Escherichia coli* genome, we deciphered the molecular basis of the fitness costs produced by six diverse plasmids with unprecedented throughput and precision. Our results revealed multiple plasmid-specific responses highlighting the pervasive crosstalk between plasmid and chromosomal genes. More importantly, we uncovered a source of fitness costs that is conserved across plasmids and involves the cellular periplasmic stress response. These findings have significant implications for plasmid evolution while suggesting a common mechanism for plasmid fitness costs.

Financiación

Horizon-GT project has received funding from the European Research Council (ERC) under the European Union's Horizon Europe research and innovation programme (grant agreement No 01077809). CH is supported by Sara Borrell contract (CD21/00115)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#40 IMPACTO DE LA RADIACIÓN ULTRAVIOLETA SOBRE LA SUPERVIVENCIA DE MICROORGANISMOS AEROTRANSPORTADOS

Axel A. Delgado Brito¹, Jonathan Martín Armas¹, Elena González Toril², Ángeles Aguilera Bazán², María López Pérez³, Eva Caballero Méndez⁴, Francisco J. Expósito González⁵, Juan P. Díaz González⁵, Cristina González Martín¹.

¹ (Instituto Universitario de Enfermedades Tropicales y Salud Pública de Canarias (IUETSPC). Universidad de La Laguna, La Laguna, España)

² (Centro de Astrobiología, CAB (INTA-CSIC), Madrid, España)

³ (Laboratorio de Física Médica y Radioactividad Ambiental (FIMERALL-SEGAI). Universidad de La Laguna, La Laguna, España)

⁴ (Fundación Canaria para el Control de Enfermedades Tropicales (FUNCCET), La Laguna, España)

⁵ (Departamento de Física. Universidad de La Laguna, La Laguna, España)

Resumen de la comunicación

La atmósfera terrestre no es un ambiente estéril, en ella habita gran cantidad de microorganismos, muchos de ellos capaces de resistir la radiación ultravioleta durante largos periodos de tiempo. En este trabajo se aborda la identificación de microorganismos bajo diferentes condiciones climáticas y atmosféricas a lo largo de un año. Se testó la capacidad de supervivencia de los microorganismos cultivables a un periodo de 12 horas de radiación ultravioleta empleando técnicas de microbiología y biología molecular. Tras analizar los microorganismos aislados, se identificaron 3 filos bacterianos (Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria) y 1 filo fúngico (Ascomycota). A nivel de género, las bacterias más frecuentes pertenecían a *Stenotrophomonas*, *Phyllobacterium* y *Pseudomonas*. La incidencia de la radiación ultravioleta produjo una disminución considerable en la cantidad de microorganismos recuperados a partir de los filtros en un 79% de las muestras. En relación con la diversidad microbiana, los resultados indican que los microorganismos que se identifican en el filtro pre-tratamiento parecen sobrevivir a las 12 horas de radiación, aunque sus recuentos disminuyen, en la mayoría de los casos, de forma considerable. El 31% de las muestras se recogieron durante semanas en las que hubo influencia de masa de aire procedente del Sáhara y donde se alcanzaron las 2 muestras con mayores recuentos de microorganismos viables. El análisis del resto de variables ambientales va en la misma dirección, observándose, por ejemplo, cómo las mayores concentraciones de material particulado (PM10) coinciden con eventos de calima, lo que, unido a la disminución de la radiación ultravioleta, aporta protección durante el transporte a los microorganismos. Además, el estudio molecular mediante secuenciación masiva que se está realizando permitirá analizar por completo la comunidad microbiana presente en las muestras, tanto antes como después del tratamiento, incrementando los datos de este estudio y aportando conocimiento novedoso al área de la Aeromicrobiología.

Financiación

Este estudio ha sido parcialmente financiado por PID2019-104205GB-C22, MAC/3.5b/244, y B.O.C. No. 238, noviembre 20, 2020

Referencias

Bowers y col. (2011); Jiang y col. (2015); ERA5 (2017)



#46 GENERATION OF AN EXTENSIVE LIBRARY OF MUTANTS OF THERMUS THERMOPHILUS AND PRELIMINARY TN-SEQ ANALYSIS OF GENES AFFECTING TRANSFORMATION EFFICIENCY

Cristina L Gómez ¹, Laura Alvarez ², Felipe Cava ², Manuel J Gómez ³, Mario Mencía ¹, José Berenguer ¹.

¹(Centro de Biología Molecular, Departamento e instituto de Biología Molecular, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España)

²(Umeå Centre for Microbial Research (UCMR). Umeå University., Umeå, Suecia)

³(Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares, Unidad de Bioinformática, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Thermus thermophilus HB27 (TthHB27) is a laboratory-adapted extreme thermophile that shows a very efficient natural competence allowing the constitutive internalization of any type of environmental DNA at high rates (40 kb/s). A panoply of genetic tools not available for other thermophiles have thus been developed for TthHB27. However, the absence of whole genome mutagenesis tools, like transposon mutagenesis, has precluded the blind search for genes involved in specific phenotypic traits, like transformation or defence. In this communication we develop a procedure for thermostable selection of random insertion mutants based on gene cassette encoding a thermostable resistance to kanamycin flanked by the recognition sites for Tn5 transposase [1]. In vitro generation of the library and further amplification and use of a hypertransformable mutant derivative of TthHB27 allowed the generation of a large library of 144.000 insertion mutants ("Mother"). This library was transferred to a wild type strain with lineal isogenic DNA ("Daughter", 72.000 clones). Both libraries were transformed with a plasmid conferring thermostable resistance to hygromycin in order to detect genes that affect transformation in the corresponding pMother and pDaughter libraries. The sites for the insertion of the minitransposon in the four libraries were located by adapting Tn-seq technology [2] to the high G+C genome content of TthHB27. The methods allowed the generation of high number of sequences sequences for the four libraries, most of which were aligned with the TthHB27 reference genome. The analysis of the sequences revealed that the transposon was homogenously inserted along all the genome. Most genes in the genome (97%) were identified with more than 5 reads, including essential genes, as expected from the polyploid character of TthHB27 [3]. Further comparison between transformed and parental libraries revealed a set of genes whose mutation either increased or decreased transformation efficiency with the plasmid.

Financiación

This work was supported by grant number PID2019-109073RB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation.

Referencias

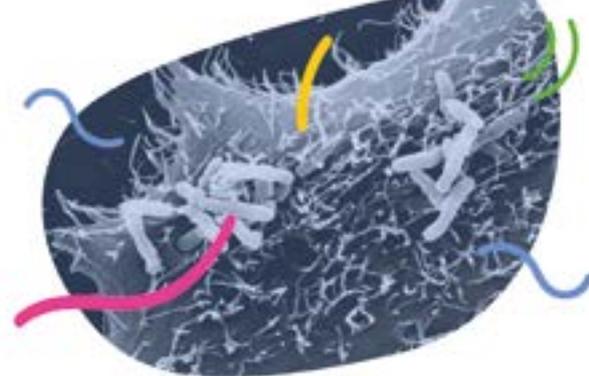
[1] Kia, Amirali et al. (2017) *BMC Biotechnology* 17: 6.

[2] van Opijnen, Tim, Kip L Bodi, and Andrew Camilli (2009) *Nature Methods* 6: 767.

[3] Ohtani, Naoto, Masaru Tomita, and Mitsuhiro Itaya (2010) *Journal of Bacteriology* 192: 5499.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#56 LOOKING FOR PLAYERS IN T. THERMOPHILUS TRANSJUGATION: ROLE OF PILINS IN THERMOPHILIC MATINGS

Alba Blesa Esteban¹, José Berenguer Carlos².

¹(Departamento de Microbiología y Parasitología. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense. Madrid., Madrid, España)

²(Centro de Biología Molecular, Departamento e instituto de Biología Molecular, Universidad Autónoma de Madrid., Madrid, España)

Resumen de la comunicación

The ancient bacterium *Thermus thermophilus* exchanges DNA by a highly efficient nonconventional and bidirectional system which involves both the donor and the recipient. This horizontal gene transfer was named transjugation as it requires cell contact between mates, involving an active DNA push through a translocase from the donor which is pulled inside the recipient by its transformation machinery¹. *T. thermophilus* harbours a naturally and constitutively expressed competence apparatus, including proteins homologous to T2SS-T4SS and type IV pili. Regarding the high yields of horizontal gene transfer by transjugation, we screened for further proteins which could be potentially participating in the initial release of the DNA from the donor cell. Several candidates impaired in transjugation appeared although some of them showed ancillary phenotypes such as defective transformation or effects in cell viability when submitted to cell stress tests. Among them, an NTPase related to T4P (pule, TTC1844) encoded in a highly conserved operon among *Thermus* spp showed an apparently specific role in DNA donation. Besides, mutants in this locus produced more biofilm and released more than 5-fold extracellular DNA and vesicles compared to the wild type. When analysed by confocal microscopy, cells showed higher permeability of the membrane and electron microscopy revealed no pili but several intracellular granules and accumulation of polar blebs. Recently, this protein has been described as part of an operon coding for a second type of pili (PilA5) which is essential for bacterial twitching motility but not for transformation². Through the analysis of a collection of mutants in this locus we hypothesize the role of PilA5 in DNA transjugation, probably participating in the initial approach of mating cells.

Financiación

This work was supported by grant number PID2019-109073RB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation.

Referencias

- 1.- Blesa et al (2016) *Plos Genetics* 13(3): e1006669.
- 2.- Neuhaus et al (2020) *Nature communications* 11:2231



#59 IDENTIFICATION OF PROMOTER ACTIVITY IN GENE-LESS CASSETTES FROM VIBRIONACEAE SUPERINTEGRONS

Paula Blanco ^{1,2}, Alberto Hipólito ^{1,2}, Filipa Trigo Da Roza ^{1,2}, Laura Toribio-Celestino ³, Ester Vergara ^{1,2}, Alba Cristina Ortega ¹, Álvaro San Millán ^{3,4}, José Antonio Escudero ^{1,2}.

¹ (Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

² (VISAVET Health Surveillance Centre, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

³ (Centro Nacional de Biotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CNB-CSIC), Madrid, España)

⁴ (Centro de Investigación Biológica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

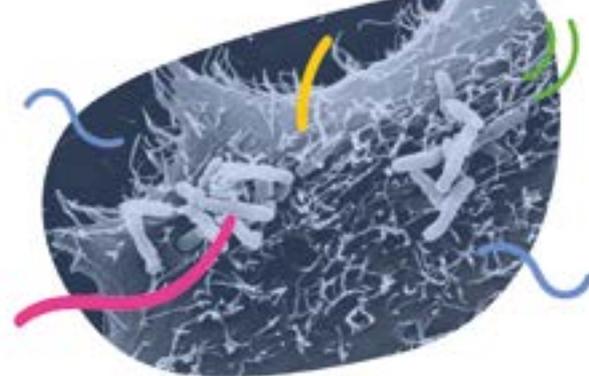
Integrans are genetic platforms that acquire new genes encoded in integron cassettes (ICs), building arrays of adaptive functions for bacteria. ICs generally encode promoterless genes, whose expression relies on the Pc promoter within the integron platform. Cassette arrays are assumed to be operon-like structures in which expression is dependent on the distance to the Pc. This is especially relevant in large sedentary chromosomal integrons (SCIs) carrying hundreds of ICs, like the ones in *Vibrio* species. We have identified 29 gene-less cassettes in four *Vibrio* SCIs, and explored whether their function could be related to the regulation of the transcription of adjacent ICs. We show that most gene-less cassettes have promoter activity on the sense strand, enhancing the expression of downstream cassettes. Accordingly, we found that most of the superintegron in *Vibrio cholerae* is not silent. These promoter cassettes can trigger the expression of a silent *dfrB9* resistance cassette downstream, increasing trimethoprim resistance >512-fold in *V. cholerae* and *Escherichia coli*. Additionally, one cassette had an antisense promoter capable of reducing trimethoprim resistance through transcriptional interference. Our findings highlight the regulatory role of gene-less cassettes in the expression of adjacent cassettes, emphasizing their significance in large SCIs and their clinical importance if captured by mobile integrons.

Financiación

The work in the MBA laboratory is supported by the European Research Council (ERC) through a Starting Grant [ERC grant no. 803375-KRYPTONINT;]; Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades [BIO2017-85056-P]; Ministerio de Ciencia e Innovación [PID2020-117499RB-100]; JAE is supported by the Atracción de Talento Program of the Comunidad de Madrid [2016-T1/BIO-1105 and 2020-5A/BIO-19726]; PB is supported by the Juan de la Cierva program [FJC 2020-043017-I]; AH is supported by the PhD program at UCM; FTR is supported by the Portuguese Fundação para Ciência e a Tecnologia [SFRH/BD/144108/2019]; LTC and ASM are supported by the European Research Council (ERC) under the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme (ERC grant no. 757440-PLASREVOLUTION).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#70 IMPLICACIONES REGULADORAS DE LA TRANSCRIPCIÓN ANTISENIDO EN CIANOBACTERIAS

Manuel Brenes Álvarez¹, Isidro Álvarez Escribano², Agustín Vioque Peña², Alicia María Muro Pastor².

¹ (Albert-Ludwigs Universität Freiburg, Freiburg, Alemania)

² (Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis (CSIC-Universidad de Sevilla), Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

El análisis de los transcriptomas bacterianos mediante metodologías globales revela abundante transcripción antisentido, de manera que es muy frecuente observar regiones del genoma que se están transcribiendo en ambas hebras. En ocasiones la transcripción convergente de genes vecinos resulta, en ausencia de terminadores transcripcionales efectivos, en extensas regiones 3' UTR (untranslated regions) solapantes. La expresión de este tipo de transcritos antisentido en respuesta a situaciones ambientales específicas podría tener consecuencias reguladoras. Al objeto de analizar la posible relevancia fisiológica de la transcripción antisentido hemos abordado la definición del transcriptoma de nuestro organismo modelo, la cianobacteria filamentosa *Nostoc* sp. PCC 7120, utilizando la herramienta ANNOgesic (1). Esta herramienta combina los datos de RNA-Seq convencional y RNA-Seq diferencial (que permite la definición de los sitios de inicio de la transcripción) para generar una predicción de todas las unidades transcripcionales presentes en *Nostoc* en las condiciones analizadas. Aproximadamente el 65% de las unidades transcripcionales definidas, tanto codificantes como no codificantes, presentan algún tipo de transcripción antisentido. De entre los transcritos antisentido nos hemos centrado en analizar aquellos que presentan expresión regulada en función de la disponibilidad de nitrógeno, un nutriente cuya carencia promueve la diferenciación de heterocistos, células especializadas en la fijación de nitrógeno atmosférico. Mostraremos datos relativos a algunos de estos transcritos antisentido, incluyendo el caso del transcrito correspondiente al gen *gifA*, que codifica la proteína IF7, el factor inactivante de la glutamina sintetasa (GS), que solapa con el transcrito convergente correspondiente al gen *glnA*, que codifica la GS. La expresión de ambos transcritos está regulada de forma inversa por NtcA (el regulador global de la asimilación de nitrógeno) y actualmente estamos analizando la posible relevancia fisiológica del solapamiento observado entre ambos transcritos.

Financiación

Financiado por PID2019-105526GB-I00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033) y PY20-00004 y US-1379643 (Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades, Junta de Andalucía/FEDER).

Referencias

(1) S. H. Yu, J. Vogel and K. U. Forstner (2018) ANNOgesic: a Swiss army knife for the RNA-seq based annotation of bacterial/archaeal genomes *Gigascience* 7: 1-11



#74 A BIOTECHNOLOGY TOOL TO DETECT INTEGRON GENE CASSETTES

Filipa Trigo Da Roza ^{1,2}, Paula Blanco ^{1,2}, Alberto Hipólito ^{1,2}, Ester Vergara ^{1,2}, Modesto Redrejo ³, Rocío López-Igual ⁴, José Antonio Escudero ^{1,2}.

¹ (*Molecular Basis of Adaptation, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España*)

² (*VISAVET, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España*)

³ (*Departamento de Bioquímica, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España*)

⁴ (*Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, CSIC y Universidad de Sevilla, Sevilla, España*)

Resumen de la comunicación

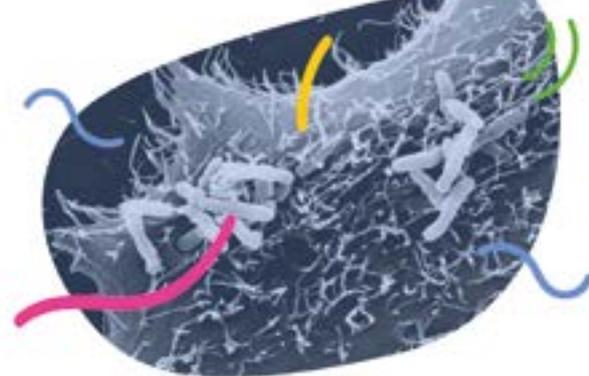
Mobile integrons are genetic elements that capture and rearrange gene cassettes, including those encoding antimicrobial resistance(1). They have played a central role in the rise and spread of multidrug-resistant bacteria, recruiting more than 170 different antibiotic resistance genes(2). However, detecting integron cassettes remains challenging, as conventional methods such as PCR are often biased, and deep sequencing is not yet practical for routine analysis. Here, we sought to develop a novel biotechnological tool to identify, for the first time, integron cassettes independently of their genetic sequence and background. We have re-designed an integron to act as a capture platform, by embedding an integration site within a toxin. The rationale is that incoming cassettes disrupt the toxin gene, allowing bacteria to survive in the absence of the antitoxin, thus providing a readout for recombinant selection. Before selection, controlled antitoxin production ensures bacterium viability. This counter-selectable marker provides a broad dynamic range – 10^6 – for detecting cassettes. We verified that their tool captured cassettes above the limit of detection through a classical conjugation/recombination assay(3). We then used the tool in a plasmid setup to capture chromosomal integron cassettes. Ectopically inducing the integrase resulted in a 10^{-3} recombination frequency, and sequencing 79 plasmids revealed 61 different cassettes. The resulting library will be used to study the unknown functions of these chromosomal cassettes. Additionally, we genetically modified a naturally competent bacterium to increase its DNA uptake potential and used a hyper-processive polymerase to make the tool directly usable on DNA samples. We have demonstrated that this tool is capable of unveiling the integron content of different samples – in a highly-specific and sequence-independent manner – and will potentially become a ground-breaking diagnostic method for these antimicrobial resistance platforms, as well as a solid method to study genes that were until now inaccessible.

Financiación

The work in the MBA laboratory is supported by the European Research Council (ERC) through a Starting Grant [ERC grant no. 803375-KRYPTONINT;]; Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades [BIO2017-85056-P]; Ministerio de Ciencia e Innovación [PID2020-117499RB-100]; FTR is supported by the Portuguese Fundação para Ciência e a Tecnologia [SFRH/BD/144108/2019];JAE is supported by the Atracción de Talento Program of the Comunidad de Madrid [2016-T1/BIO-1105 and 2020-5A/BIO-19726]; PB is supported by the Juan de la Cierva program [FJC 2020-043017-I]; AH is supported by the PhD program at UCM.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Referencias

- (1) Escudero, J. A., Loot, C., Nivina, A., & Mazel, D. (2015). *The Integron: Adaptation On Demand. Microbiology spectrum*, 3(2), MDNA3-2014.
- (2) Hipólito, A., García-Pastor, L., Blanco, P., Trigo da Roza, F., Kieffer, N., Vergara, E., Jové, T., Álvarez, J., & Escudero, J. A. (2022). *The expression of aminoglycoside resistance genes in integron cassettes is not controlled by riboswitches. Nucleic acids research*, 50(15), 8566- 8579.
- (3) Bouvier, M., Demarre, G., & Mazel, D. (2005). *Integron cassette insertion: a recombination process involving a folded single strand substrate. The EMBO journal*, 24(24), 4356-4367.

#75 CARACTERIZACIÓN DE LA CEPA CITROBACTER SP. T1.2D-1 AISLADA DEL SUBSUELO PROFUNDO DE LA FAJA PIRÍTICA IBÉRICA

Violeta Gallego Rodríguez¹, Adrián Martínez Bonilla¹, Nuria Rodríguez González^{1,2}, Ricardo Amils Pibernat^{1,2}.

¹(Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Madrid, España)

²(Centro de Astrobiología, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El Río Tinto (Huelva, España) es un ambiente extremo de gran interés debido a su acidez, elevada concentración de metales pesados y gran diversidad microbiana, así como por su relevancia en astrobiología, al ser considerado un análogo de Marte. Río Tinto nace en Peña de Hierro, en el corazón de la Faja Pirítica Ibérica (FPI), uno de los mayores depósitos de sulfuros metálicos del mundo, y desemboca en el Océano Atlántico [1]. Se hipotetizó que las condiciones extremas detectadas en la cuenca del Río Tinto eran fruto de la actividad de un biorreactor subterráneo. Con el objetivo de probar su existencia, se llevó a cabo el proyecto de perforación Iberian Pyrite Belt Subsurface Life Detection (IPBSL) [2], en el que se aislaron microorganismos en condiciones anaerobias estrictas, entre ellos *Citrobacter* sp. T1.2D-1. La cepa T1.2D-1 se obtuvo de muestras procedentes del pozo BH11 extraídas a una profundidad de 63,55 metros empleando un medio de enriquecimiento para microorganismos quimiolitotrofos desnitrificantes. Su caracterización se realizó con el fin de comprender el potencial papel que podría desempeñar este aislado en los ciclos biogeoquímicos que caracterizan el subsuelo de la FPI. Para ello, se ha realizado un análisis genómico para identificar enzimas que participan en metabolismos relevantes en este ecosistema y llevar a cabo una clasificación filogenética. Asimismo, se han estudiado distintas características fisiológicas y metabólicas del microorganismo, como su capacidad de fermentar, utilizar distintos donadores de electrones y aceptores de electrones, su tolerancia a distintas concentraciones de NaCl, metales pesados, perclorato y valores de pH. Este trabajo ha permitido constatar que el aislado exhibe la alta diversidad metabólica que caracteriza al género y que permitiría su participación en los ciclos del hidrógeno, nitrógeno, hierro, azufre y carbono que tienen lugar en el subsuelo de la FPI.

Referencias

[1] Amils y col. (2014) *Life* 825, 15-8

[2] Amils y col. (2023) *Environmental Microbiology* 25(2), 428-453.



#79 EXPERIENCIA DEL DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE MENINGITIS/ENCEFALITIS EN EL ÁREA DE SALUD DE IBIZA Y FORMENTERA: FILMARRAY VS PCR MULTIPLEX

Gemma Jiménez Guerra.

¹ (Hospital Can Misses, Ibiza, España)

Resumen de la comunicación

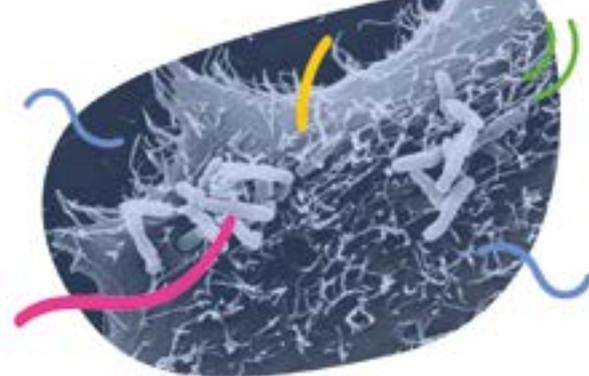
Introducción: El diagnóstico clínico de meningitis/encefalitis es una emergencia neurológica que requiere un diagnóstico etiológico rápido y la instauración de tratamiento inmediato. Los métodos de laboratorio convencionales incluyen la tinción de Gram, el cultivo, el recuento celular y la bioquímica. Actualmente no se realiza cultivo de virus debido a su baja rentabilidad y retraso en la obtención de resultados, la alternativa es la realización de PCR multiplex, que incluye enterovirus y virus herpes. **Objetivos:** Valorar la experiencia en el laboratorio de Microbiología del Hospital Can Misses acerca del diagnóstico molecular de meningitis-encefalitis en muestras de LCR bioquímicamente patológicas. **Materiales y métodos:** Se realizó una búsqueda retrospectiva a través del sistema informático del laboratorio de todas las pruebas de biología molecular (PCR multiplex en el laboratorio de referencia en H. Son Espases o FilmArray en el laboratorio de HCM) realizadas sobre muestras de LCR desde el 1 de mayo de 2020 hasta el 31 de diciembre de 2022. FilmArray sólo se realizaba sobre muestras de LCR bioquímicamente patológicas con tinción de Gram sin microorganismos visibles. Se recopiló, además, la información relativa al servicio peticionario, edad y sexo de los pacientes. **Resultados:** Durante el periodo de estudio 150 muestras de LCR se procesaron mediante PCR multiplex, sólo 2 fueron positivas (VZV y Enterovirus). Los principales servicios peticionarios fueron Neurología con 72 (48,0%) muestras, Urgencias con 32 (21,3%) y Pediatría con 16 (10,7%). Por FilmArray se procesaron 41 muestras de LCR, obteniendo 12 (29,3%) resultados positivos: 1 *Cryptococcus neoformans/gatti*, 4 enterovirus (todos de Pediatría), 2 *Escherichia coli* K1, 1 VHH6, 3 VZV y 1 VHS1. Los principales servicios peticionarios fueron Urgencias y Pediatría con 16 (39,0%) muestras cada uno. **Conclusiones:** Es necesario establecer un protocolo de adecuación para FilmArray en LCR bioquímicamente patológico pero sin microorganismos en la tinción de Gram, para obtener resultados fiables de forma rápida.

Financiación

Sin financiación

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#86 MICROARNS EN TETRAHYMENA THERMOPHILA: UN MECANISMO EPIGENÉTICO INVOLUCRADO EN LA RESPUESTA ESTRÉS FRENTE A METALES.

Francisco Amaro Torres, David González Munuera, Juan Carlos Gutiérrez Fernández.

¹(Dpto. Genética, Fisiología y Microbiología. Facultad de Biología. Universidad Complutense (UCM), 28040 Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Diferentes mecanismos epigenéticos pueden regular la respuesta estrés frente a factores ambientales bióticos o abióticos, tanto en procariotas como eucariotas. Entre los mecanismos que implican a los ARNnc (no-codificantes) están los microARNs (miRNA), que modulan la traducción de diversos ARNm bloqueando generalmente su conversión a proteínas (silenciamiento génico postranscripcional). Por primera vez, en el protozoo ciliado *T. thermophila* se han aislado, secuenciado, caracterizado y validado miARNs derivados de poblaciones control y tratadas con cadmio (tratamientos 1 o 24h). Se han aislado 40 miARNs de novo de los tres tipos de muestras. Un 27,5% de los miARNs son exclusivos de las muestras control y Cd24h, y solo un 2,5% son comunes a las tres muestras. El análisis in silico de los 40 miARNs y sus potenciales genes dianas (ARNm) ha revelado tanto características canónicas como no-canónicas con miARNs de vertebrados. Entre ellas destacamos: a)- las secuencias de los pre-miARNs (precursores) en el genoma-macronuclear del ciliado se localizan en: ORFs (31,7%), en ORF-Intrón (21,9%), Intrones (29,2%) o regiones UTRs (17%), dos de ellos (tte-miR-12 y -37) se localizan en dos regiones diferentes del mismo gen o en genes diferentes. b)- un mismo miRNA puede hibridar con diferentes genes-diana (parálogos o no) y un mismo gen-diana puede interactuar con diferentes miRNAs. c)- un mismo miRNA puede hibridar tanto en la región 3' - como 5'-UTR dependiendo del gen-diana. d)- una mayoría (22%) de los tte-miRs encuentran cierta identidad con miARNs de mamíferos. Por qRT-PCR se han analizado la expresión de 4 tte-miRs y 13 de sus genes-diana, en cultivos expuestos a Cd, Pb o Cu (1 o 24h). En la mayoría de los genes-diana existe inducción significativa de su expresión, que corresponde con una represión del tte-miR. Se analizan estas expresiones en el contexto de la respuesta-estrés celular frente a estos metales.

Financiación

CGL2016-75494-R



#110 RELEVANCE OF THE DIFFERENT HOMOLOGOUS RECOMBINATION REPAIR PATHWAYS ACTING UNDER HIGH TEMPERATURES IN THERMUS THERMOPHILUS

Verónica Pulido ¹, Cristina Gómez ¹, Ali Abdelmoteleb ², Patricia Pérez-Arnáiz ¹, José Berenguer ¹, Mario Mencía ¹.

¹(Centro de Biología Molecular, Departamento e instituto de Biología Molecular, Universidad Autónoma de Madrid., Madrid, España)

²(Department of Botany, Faculty of Agriculture, Menoufia University, Shebin El-Kom, Egipto)

Resumen de la comunicación

Homologous recombination (HR) is an essential process in all living organisms, required for DNA repair and for the maintenance of genome integrity. Additionally, this process plays a key role in horizontal gene transfer (HGT). DNA lesions, such as single and double strand breaks or gaps, can be repaired through HR. In bacteria there are two predominant HR repair pathways, the RecFOR pathway, involved in single-stranded breaks repair, and the AddAB (or RecBCD) pathway, responsible for the repair of double-stranded DNA breaks. In many bacteria there is also an additional alternative pathway to AddAB based on RecJQ (1). *Thermus thermophilus* (Tth) is a phylogenetically ancestral polyploid bacterium that grows under temperature range of 55 to 85°C. It shows fast growth in rich media under laboratory conditions, and includes strains such as Tth HB27 presents a very efficient natural competence, which allows the internalization of DNA at very high rates (2). In this work, we analyzed the effect on cell viability caused by the absence of genes involved in the RecFOR, AddAB and RecJQ pathways in Tth. We have also studied the repair enzymes NurA/HepA typical from archaea, functionally equivalents to RecJQ that are also present in Tth. Our data show that Δ recF, Δ recJ and Δ hepA are apparently essential for viability, whereas Δ addAB and Δ recO are viable in the presence of compensatory mutations, and Δ recR and Δ recQ are not necessary for the viability of the cell. The relative contribution of all these factors may have been of great relevance for the adaptation of this polyploid bacterium to withstand the stress posed by high temperatures to genome stability.

Financiación

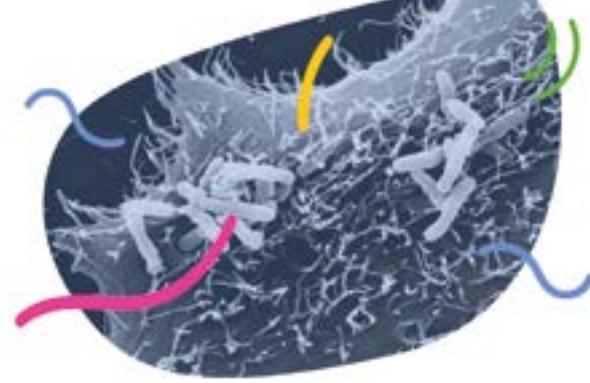
This work was supported by grant number PID2019-109073RB-I00 from the Spanish Ministry of Science and Innovation.

Referencias

- 1- Michel, B., & Leach, D. (2012). Homologous Recombination-Enzymes and Pathways. *EcoSal Plus*, 5(1), 10.1128/ecosalplus.7.2.7. <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.7.2.7>
- 2- Cava, F., Hidalgo, A., & Berenguer, J. (2009). *Thermus thermophilus* as biological model. *Extremophiles: life under extreme conditions*, 13(2), 213–231. <https://doi.org/10.1007/s00792-009-0226-6>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#111 MUTAGENESIS AND LATERAL GENE TRANSFER AS THE MOLECULAR BASIS OF REDUCED PHAGE SUSCEPTIBILITY MECHANISMS

Montserrat Llagostera Casas¹, Júlia López Pérez¹, Jennifer Otero¹, Miquel Sánchez Osuna¹, Jesus Aranda¹, Jordi Barbé García¹, Susana Campoy Sánchez¹, Ivan Erill Sagales², Pilar Cortés Garmendia¹.

¹(UAB, Cerdanyola Del Vallès, España)

²(University of Maryland, Baltimore, Estados Unidos)

Resumen de la comunicación

Bacteriophages are becoming a real alternative to antibiotics for fighting against antimicrobial-resistant bacterial strains. However, aspects such as the emergence of mechanisms involved in resistance to phages or interference with their multiplicative cycle remain unclear. This work aimed to determine the emergence of these mechanisms using *Salmonella* as a bacterial model exposed to a cocktail composed of three bacteriophages (UAB_Phi20, UAB_Phi78, and UAB_Phi87) under three scenarios: i) laboratory cultures (LAB), ii) slices of cooked ham (FOOD), and iii) oral phage therapy in broilers (PT). In the LAB scenario, 48.7 % of isolates lost their susceptibility to the three phages, however, in the FOOD scenario, only 3.2% of isolates were not susceptible to some of the phages of the cocktail. From broilers contaminated with *Salmonella* and treated with phages, 3.3% of isolates presented a reduced susceptibility to some of the phages of the cocktail. This percentage was 9.7% in the untreated group. Eleven isolates were selected and sequenced. Mutations in *rfaJ* and *rfaI* genes, involved in the synthesis of LPS (receptor of phages), were identified in bacteria insensitive to phages in both LAB and FOOD scenarios. LPS profiles agreed with the presence of these mutations. Regarding PT isolates, a significant decrease in the efficiency of plating (EOP), the efficiency of centres of infection (ECOI), and the burst size was observed. Genome sequencing analysis revealed that these isolates had acquired large conjugative plasmids by lateral gene transfer, which must encode mechanisms of interference with the phage multiplicative cycle. These data reveal a role for conjugative plasmids in spreading mechanisms of interference with phage's multiplication in environments with a high load of microbiota. The impact of both LPS mutations and these interference mechanisms does not seem to impair the success of phages in food biocontrol and oral therapy.



#112 OXIDACIÓN ANAEROBIA DE HIERRO EN EL SUBSUELO DE LA FAJA PIRÍTICA IBÉRICA

Adrián Martínez Bonilla¹, Cristina Escudero², Guillermo Mateos¹, Nuria Rodríguez^{1,3}, Ricardo Amils^{1,3}.

¹(Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM), Madrid, España)

²(Universidad de Tübingen, Tübingen, Alemania)

³(Centro de Astrobiología (CSIC-INTA), Torrejón de Ardoz, España)

Resumen de la comunicación

Río Tinto (Huelva, España) es un ambiente extremo caracterizado por su bajo pH (2.3) y su elevada concentración de metales pesados en solución. Nace en Peña de Hierro, en el corazón de la Faja Pirítica Ibérica (FPI), el mayor depósito de sulfuros metálicos del planeta, siendo la pirita (FeS_2) el mayoritario. Durante mucho tiempo se pensó que sus características extremas eran producto de la actividad minera que se lleva a cabo en la zona desde hace 5000 años, pero actualmente se hipotetiza que su origen es debido a la actividad de los microorganismos que habitan el subsuelo de la FPI [1]. Éstos podrían estar llevando a cabo la oxidación del Fe^{2+} dependiente de nitrato (NDFO por sus siglas en inglés), lo que produciría Fe^{3+} , el principal oxidante de la pirita. Como consecuencia, se liberarían Fe^{2+} y ácido sulfúrico, dando lugar a las características del río [2]. Para demostrar esta hipótesis, en primer lugar, se aislaron en condiciones anaerobias microorganismos autóctonos reductores de nitrato y microorganismos oxidadores de Fe a partir de cultivos de enriquecimiento preparados con muestras del subsuelo. En segundo lugar, se estudió la capacidad de estos microorganismos y de otros microorganismos aislados previamente en el laboratorio [2] de realizar la NDFO. Para ello, se analizó su capacidad de oxidar Fe^{2+} en condiciones anaerobias en presencia de nitrato, Fe^{2+} y una fuente de carbono mediante el método del α, α -bipiridilo modificado [3]. En este trabajo se han identificado varios microorganismos capaces de realizar la NDFO, teniendo el potencial de oxidar pirita y, por tanto, pudiendo originar las características del Río Tinto. Por ello, es necesario estudiar la capacidad de estos aislados de oxidar los sulfuros metálicos del subsuelo de la FPI así como la influencia que podría tener la presencia de otros minerales sobre este proceso.

Financiación

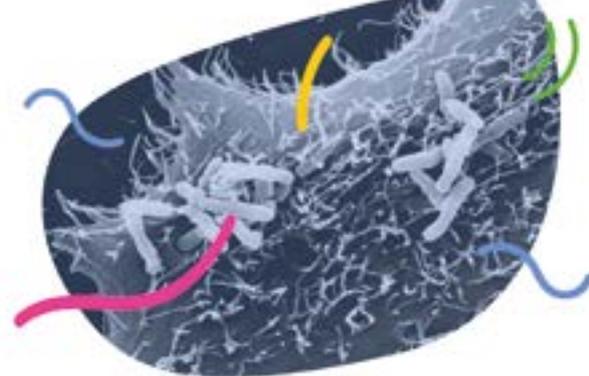
FPU019/01743 del Ministerio de Universidades y PID2019-104812GB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación.

Referencias

1. Amils y col. (2008) *Microbiology of extreme soils* (pp. 205-223).
2. Amils y col. (2023) *Environmental microbiology* 25(2), 428-453.
3. Mateos y col. (2022) *Microorganisms*, 10(8), 1585.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#118 MOLECULAR MECHANISMS OF CAMPYLOBACTER JEJUNI AGAINST HARSH ENVIRONMENTAL CONDITIONS

Irene Ortega Sanz, Beatriz Melero, Jordi Rovira.

¹(Departamento de Biotecnología y Ciencia de los Alimentos, Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

The survival of *Campylobacter* spp. to the harsh environmental conditions found along the poultry supply chain, such as aerobic environment, heating, freezing, acidity, and the usage of antimicrobials, requires efficient adaptative molecular mechanisms of the bacteria. To overcome these stressful conditions, *Campylobacter jejuni* has developed different strategies to survive in extreme environments, including aerotolerance, the formation of viable but non-culturable (VBNC) cells and biofilm formation, for which motility is known to play an important role. In this study, the occurrence of 216 genes associated with aerotolerance and oxidative stress, biofilm formation and motility was evaluated in five clinical *C. jejuni* strains with different genotypes, together with the phase state of those phase variable (PV) genes (15 in total). The genes were blasted against the draft and annotated genomes, and results were manually corrected for overlapping hits based on analyzing Bidirectional Best Hits (BBHs) using the orthologR package and gene synteny for highly similar genes. A total of 182 genes were present in all isolates, but the PV gene *cj1318* (*maf1*) was not present in any of them, and differences were observed for 33 genes with different prevalence pattern among isolates, 10 of which were PV, and 4 PV genes with different phase state. The comparative genomics analysis did not reveal any clear gene pattern associated with the phenotypes previously observed. However, various point mutations in PV genes between closely related isolates with different phenotypes were identified, suggesting that phase variation is more likely to modulate the survival strategies of *C. jejuni* under hostile conditions. Therefore, *C. jejuni* is able to coordinate the survival response through complex molecular mechanism with success.

Financiación

The project leading to these results received funding from "La Caixa" Foundation and Caja Burgos Foundation, under agreement LCF/PR/PR18/51130007. Irene Ortega Sanz received a predoctoral grant from the Junta of Castile and León, cofinanced by the Ministry of Education of the Government of Castile and León and the European Social Fund.



#119 IDENTIFICATION AND CHARACTERIZATION OF CONJUGATIVE PLASMID-DEPENDENT BACTERIOPHAGES

Yelina Ortiz Pérez¹, Maite Muniesa ², Fernando De La Cruz Calahorra¹, Raúl Fernández López¹.

¹(Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria- Universidad de Cantabria-CSIC, Santander, España)

²(Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

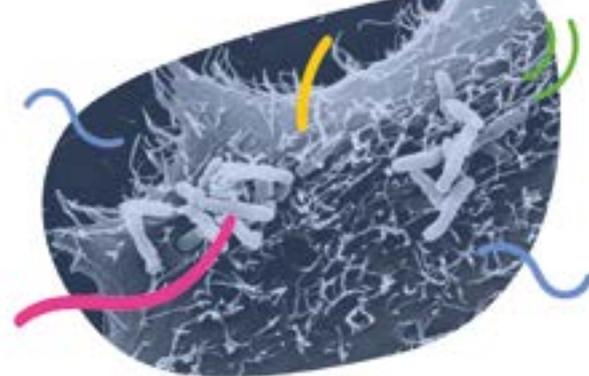
Plasmid-specific phages infect bacteria that harbor transmissible plasmids, using proteins from the conjugative pilus as their cognate receptors. Since antibiotic resistance genes are often encoded in these mobile genetic elements, plasmid-specific phages may be useful tools to curtail the propagation of antimicrobial genes. Phage therapy could thus be used as a prophylaxis against the spread of antibiotic resistances in key settings, such as the livestock industry. This endeavor is however curtailed by the low diversity of plasmid-specific phages characterized so far. In this work, four dsDNA bacteriophages belonging to the Alphatectivirus (PR8, PR9, PR14 and PR20) were isolated, sequenced and characterized. These bacteriophages showed strong lytic capacity against bacteria containing multiresistant plasmids belonging to PTU-P1 and PTU-N1, such as pRL443 and pKM101, respectively. In addition, they show less lytic activity against plasmids belonging to the PTU-W, such as R388, while they do not significantly affect strains without plasmids. The use of combinations of these and other plasmid-specific bacteriophages may be a suitable therapy to eliminate multi-resistant bacteria from the microbiota.

Financiación

This publication is part of the project PCI2021-122067-2A, funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR".

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#121 PAPEL DE LAS MICORREDOXINAS FRENTE AL ESTRÉS OXIDATIVO EN RHODOCOCCUS FASCIANS Y POSIBLES APLICACIONES

Jesús Llano Verdeja, Pablo Castañera Estrada, Blanca Lorente Torres, Álvaro López García, Helena Álvarez Ferrero, Farzaneh Javadi Marand, Álvaro Mourenza Flórez, Luis Mariano Mateos Delgado, Michal Letek Polberg.

¹ (Departamento Biología Molecular, Área Microbiología, Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

Las micorredoxinas (Mrx) son un tipo de proteínas exclusivas del filo Actinobacteria que actúan como oxidorreductasas y muestran una alta analogía con las glutarredoxinas. Utilizan la cadena de transporte de electrones compuesta por micotiol (MSH), micotiol reductasa (Mtr) y NADPH para reducir puentes disulfuro generados en proteínas en situaciones de estrés oxidativo. Por lo tanto, estas proteínas desempeñan un papel importante en la defensa frente a agentes que causan estrés oxidativo en actinobacterias. Recientemente, se ha generado un mutante de la actinobacteria fitopatogena *Rhodococcus fascians* que contiene deleciones de tres genes que codifican para micorredoxinas, identificados gracias a homologías génicas con el patógeno de animales *Rhodococcus equi*. Dado el papel de defensa frente al estrés oxidativo previamente mostrado en otras actinobacterias, el fenotipo esperado del mutante consistiría en un fenotipo más sensible en situaciones de estrés oxidativo. Sin embargo, y de forma sorprendente, el mutante muestra una mayor resistencia frente al estrés oxidativo en comparación con la cepa silvestre. A partir de este hallazgo, el mutante generado ha sido utilizado para identificar compuestos naturales cuyo mecanismo de acción se basa en la generación de estrés oxidativo. De esta manera, los compuestos identificados más eficientes, sostenibles y respetuosos con el medio ambiente, podrían reemplazar el uso de pesticidas y otras sustancias nocivas y contaminantes actualmente utilizadas para controlar actinobacterias fitopatogenas que afectan a cultivos de gran importancia económica como la patata, el tomate o el pistacho.

Financiación

Expresamos nuestra gratitud a la Junta de Castilla y León (España) por la generosa financiación de nuestro trabajo de investigación mediante la subvención LE044P20. Además nos gustaría reconocer las siguientes becas y ayudas: B.L.T. por ser beneficiaria de una beca predoctoral de la Junta de Castilla y León, J. L. V. por ser beneficiario de una Beca de Colaboración del Ministerio de Educación, A. M. por recibir apoyo a través de una ayuda postdoctoral Margarita Salas y M.L. por la concesión de la ayuda Beatriz Galindo (Ref. BEAGAL18/00068-BGP18/00033)

Hipervínculo

https://microbio.unileon.es/wordpress/?page_id=1143



#125 IMPACTO DE LA DEPREDACIÓN POR PROTISTAS EN LA RESISTENCIA A ESTRÉS Y ANTIBIÓTICOS EN EL PATÓGENO OPORTUNISTA BURKHOLDERIA CENOCEPACIA

Álvaro Morón , Iván Belinchón , Alaa Eddin Tarhouchi , Juan Manuel Valenzuela , Patricia De Francisco , Ana María Martín , Francisco Amaro.

¹(Dpto. Genética, Fisiología y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas - Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La depredación por protistas representa una importante presión selectiva para el desarrollo y mantenimiento de factores de virulencia. Las estrategias antidepredación pueden actuar también como mecanismos de virulencia cuando las bacterias infectan macrófagos. Además, aquellas bacterias que evitan la digestión en el fagosoma pueden utilizar al depredador protista como reservorio donde multiplicarse o incluso como campo de entrenamiento en el que incrementar su resistencia a condiciones de estrés similares a las que encontrará en el cuerpo humano (ej. estrés oxidativo, pH ácido, péptidos antimicrobianos) [1,2]. En este trabajo demostramos como *B. cenocepacia*, oportunista que causa infecciones crónicas en enfermos de fibrosis quística e inmunocomprometidos, sobrevive intracelularmente en amebas y ciliados aislados de suelos, lavabos domésticos y hospitalarios. Mediante microscopía electrónica y fluorescencia comprobamos que las bacterias son empaquetadas en vesículas inhalables de 5 µm de diámetro que facilitarían su transmisión aérea. Además, el paso por el protista aumenta considerablemente la resistencia de la bacteria a estrés oxidativo, desecación y altas concentraciones (40x CMI) de los antibióticos recomendados para tratar infecciones por *B. cenocepacia*. Los experimentos de qRT-PCR demostraron que el fagosoma de ciliados y amebas activa diferentes respuestas a estrés en la bacteria (sistemas antioxidantes, respuesta SOS, factores sigma alternativos, entre otros). Para caracterizar las bases moleculares de este fenómeno hemos generado mutantes en estos sistemas (*oxyR*, *soxR*, *katA*, *katB*, *sod*, *recA*, *lexA*). Mutantes deficientes en la respuesta SOS (*recA*- y *lexA*Ind-) presentan menor supervivencia intracelular y menor porcentaje de células persistentes tolerantes a antibióticos, revelando la importancia de la respuesta SOS como mecanismo implicado en la supervivencia intracelular y adaptación de la bacteria. En conjunto, este trabajo demuestra el dramático impacto de los protistas en la transmisión de patógenos oportunistas en ambientes naturales y antropogénicos, confiriendo ventajas adaptativas que pueden favorecer la persistencia bacteriana y el proceso de infección.

Financiación

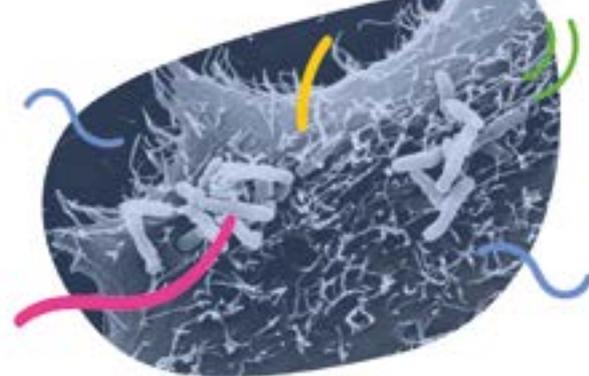
Este trabajo está financiado por el proyecto PID2020-113540GB-I00

Referencias

1. Espinoza-Vergara et al., (2019). *Nature Microbiology*. 4, 2466-2474
2. Amaro y Martín-González. (2021). *International Microbiology*. 24, 559-571

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#143 EXPRESSION OF THE HAEMOPHILUS INFLUENZAE ADHESIN HMW1A IS REGULATED BY A MULTIFACETED MECHANISM

Begoña Euba^{1,2}, Beatriz Rapún-Araiz^{1,2}, Alejandro Toledo-Arana¹, Junkal Garmendia^{1,2,3}.

¹(Instituto de Agrobiotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IdAB-CSIC)-Gobierno de Navarra, Mutilva, España)

²(Conexión Nanomedicina CSIC (NanomedSIC), Madrid, España)

³(Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Haemophilus influenzae (Hi) infects the lower airways of patients suffering COPD and contributes to disease progression. In adapting to sites of infection, Hi regulates gene expression by phase variation, a heritable but reversible form of gene regulation that results in different levels of specific proteins among individual cells of a clonal population. NTHi phase variation yields phenotypic heterogeneity as the result of slipped-strand mispairing in contingency loci. Regulation relies on the number of simple sequence repeats (SSR) in promoter regions or within genes. Depending on the allelic variant, Hi HMW adhesins may confer epithelial hyperinvasion¹. Moreover, hmwA expression is phase variable due to tandem (5'-ATCTTTC)_n repeats located between the so-called P2 and P1 regions. By looking at the P2 and P1 regions, transcripts from P2 would contain the heptameric SSR in the 5'UTR, but those from P1 will not. We previously found that HMW1 expression may be primarily driven by P2 and affected by (SSR)_n, which, in turn, controls bacterial lifestyle upon infection². Here, by using reporter fusions and sequence analyses, we show that HMW expression is affected by (SSR)_n independently of the promoter region, therefore post-transcriptional events regulate HMW expression. Moreover, 5'RACE data support (i) a single transcription site at the P2 region; (ii) a region corresponding to a mRNA processing site, and indicate that endonuclease RNaseIII (encoded by the *rnc* gene) may be implicated in such mRNA processing. Also, engineered structural changes in the mRNA, while maintaining length in terms of (SSR)_n, led to a significant reduction of HMW1A mRNA and protein levels, independently of mRNA processing. Ongoing work tackling possible connections between mRNA processing and stability of SSR-based phase variation suggests a multifaceted regulatory mechanism controlling the expression of HMW1A. Together, this work contributes to our understanding of Hi's persistence mechanisms within the human airways.

Financiación

This work has been funded by grants from MICIU RTI2018-096369-B-I00 and PID2021-125947OB-I00; PC150-151-152 and PC136-137-138 from Gobierno de Navarra. CIBER is an initiative from Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), Madrid, Spain.

Referencias

- Mell JC et al. (2016) *PLoS Pathog* 12:e1005576

- Fernández-Calvet A et al. (2021) *mBio* 12:e00789-21



**#145 NUEVOS ANTIMICROBIANOS BASADOS EN ESTRUCTURAS SUPRAMOLECULARES:
NANOFIBRAS MULTIVALENTES DE BENCENO-TRICARBOXAMIDA FRENTE A
STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE**

Marle E. J. Vleugels^{1,2}, Silvia Varela Aramburu^{1,2}, Weronika Kinga Zarychta Drabik³, Bas F.M. De Waal^{1,2}, Sandra M.C. Schoenmakers^{1,2}, Beatriz Maestro García-Donas^{3,4}, Anja R.A. Palmans^{1,2}, Bert Meijer^{1,2}, Jesús Miguel Sanz Morales^{3,5}.

¹(Laboratory of Macromolecular and Organic Chemistry, Eindhoven University of Technology, Eindhoven, Países Bajos)

²(Institute for Complex Molecular Systems, Eindhoven University of Technology, Eindhoven, Países Bajos)
(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, España)

³(Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

⁴(Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La multivalencia es un fenómeno químico que incrementa exponencialmente la afinidad de una molécula por su receptor si está dispuesta en multicopia en una misma entidad macromolecular. Una de estas estructuras supramoleculares son las formadas por monómeros de benceno-1,3,5-carboxamida (BTA) unidos entre sí de manera no covalente. Como resultado se forma una amplia variedad de micro- y nanoestructuras fibrosas en las que los monómeros se encuentran en un proceso dinámico de asociación y disociación. En este trabajo diseñamos, en primer lugar, polímeros de BTA funcionalizados con colina con el objeto de buscar una interacción eficiente con las proteínas de unión a colina (CBPs) de la pared celular del patógeno respiratorio *Streptococcus pneumoniae* (neumococo) y de esta manera inhibir su interacción con su sustrato natural por competición con la colina de la pared. La adición de polímeros de BTA-colina a cultivos de neumococo indujeron encadenamiento celular y la formación de cúmulos bacterianos debido a la inhibición de CBPs implicadas en la separación de las células hijas tras la división celular, agregados que se ha mostrado con anterioridad son más fácilmente fagocitables por macrófagos. El efecto de multivalencia se pone claramente de manifiesto puesto que, formando parte del polímero, la concentración de colina necesaria para este efecto es 1700 veces menor que la colina libre. Por otro lado, microfibras de BTA funcionalizadas con atropina (BTA-atropina) son capaces de permeabilizar la membrana de neumococo lo suficiente como para provocar la salida masiva y prematura de la autolisina LytA de la bacteria, provocando la lisis del cultivo a unas concentraciones 12000 veces menores que la atropina libre. En resumen, las microfibras multivalentes de BTA constituyen un prometedor sistema para el diseño de sistemas muy eficientes de interacción con la superficie bacteriana, dando lugar a nuevas herramientas antimicrobianas tanto líticas como no líticas.

Financiación

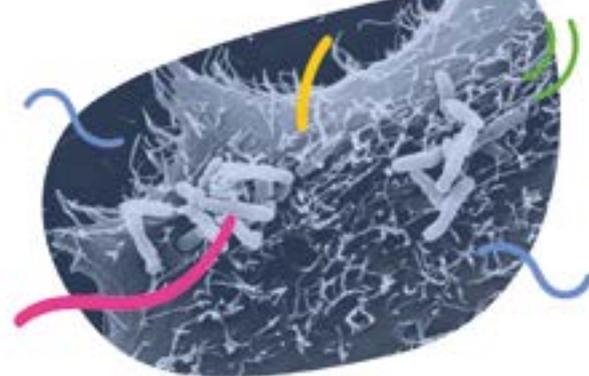
Agencia Estatal de Investigación AEI/ FEDER-EU-10.13039/501100011033- y Ministerio de Ciencia e Innovación, España (PID2019-105126RB-I00).

CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, España.

Dutch Ministry of Education, Culture and Science (Gravity program 024.001.035), Países Bajos. ERC Advanced Grant (SYNMAT 788618); Gravitation Program "Materials Driven Regeneration",

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



(Netherlands Organization for Scientific Research, 024.003.013), Países Bajos.

Hipervínculo

<http://tinyurl.com/cibpneumo>

Referencias

M. E. J. Vleugels, S. Varela-Aramburu, S. M. C. Schoenmakers, B. Maestro, A. R. A. Palmans, J. M. Sanz*, E. W. Meijer*. *Biomacromolecules* 22 (2021) 5363.

#157 ESTUDIO EX VIVO DEL EFECTO DE DIFERENTES COLUTORIOS SOBRE EL BIOFILM ORAL

Óscar Climent Soler, Alejandro Mira Obrador, Ma Desamparados Ferrer García.

¹ (Área de Genómica y Salud, Fundación FISABIO, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

El tratamiento de las enfermedades orales asociadas a cambios en la microbiota como la caries, la periodontitis y la halitosis se basa principalmente en recuperar el estado de eubiosis del ecosistema asociado a salud, aunque en determinadas situaciones como infecciones y procesos inflamatorios como los asociados a la enfermedad de las encías entre otras, se aconseja el uso de enjuagues con colutorios. En este sentido, existe una gran variedad de colutorios con diferentes principios activos, la mayoría de los cuales suele tener un efecto bactericida, lo cual puede provocar la muerte indiscriminada de gran parte de la microbiota con posibles efectos perjudiciales para la salud oral y sistémica, como la colonización de patógenos oportunistas o el aumento de la presión arterial. El objetivo del presente estudio es evaluar el efecto de 12 colutorios (nuevos y comerciales) sobre el biofilm oral crecido ex vivo, administrados de manera preventiva (antes de que se forme el biofilm) y a modo de tratamiento (sobre el biofilm maduro). Para ello, se evaluó mediante el sistema de monitorización en tiempo real, xCELLigence RTCA, el efecto de cada uno de los colutorios sobre la formación del biofilm derivado de muestras de saliva de 5 pacientes, así como sobre las características fisicoquímicas (pH y lactato producido por el biofilm) y microbiológicas (composición bacteriana analizada mediante secuenciación del gen 16S rRNA) en presencia y ausencia de cada colutorio. Además, se evaluó la penetrabilidad y la capacidad disgregante de cada uno de los colutorios sobre el biofilm oral mediante microscopía confocal. Los resultados muestran que, aunque el efecto disgregante y penetrante sobre el biofilm es paciente-dependiente, la gran mayoría de los colutorios testados produjeron una mejora significativa de las características fisicoquímicas del biofilm además de reducir la cantidad de biofilm formado sin alterar significativamente la composición bacteriana.

Financiación

Este proyecto fue financiado con la ayuda de LACER S.A.



#161 MOBILE INTEGRONS CONTAIN PHAGE DEFENCE CASSETTES.

Nicolas Kieffer ¹, Alberto Hipólito ¹, Thomas Jové ², Meritxell De Jesús García ³, Francisco Manuel Ojeda ¹, José Antonio Escudero ¹.

¹(Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria de la Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

²(INSERM, CHU Limoges, RESINFIT, University of Limoges, Limoges, France, Metropolitan)

³(Departamento de Microbiología, Instituto de Investigación Sanitaria Fundación Jiménez Díaz, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

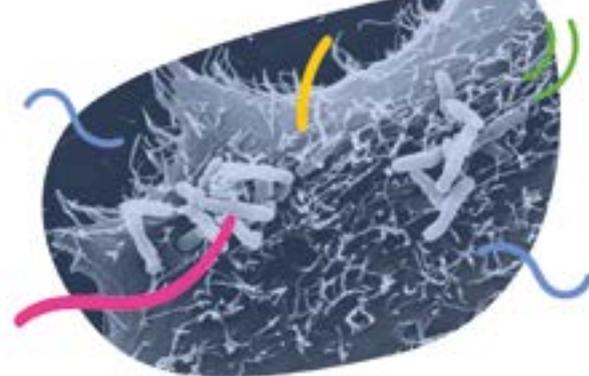
Mobile integrons are known to carry cassettes conferring resistance against many antibiotic families. There is also a group of integron gene-cassettes that contain genes of unknown function (gcus) whose importance is generally overlooked. Our goal is to elucidate the functions of gcus in mobile integrons. To achieve this, we cloned 115 gcus in pMBA, a plasmid that mimics the genetic environment of a class 1 integron. To study their potential role as phage defence systems we first used bioinformatics tools. Defence Finder and PADLOC identified four putative phage defence systems in our library of gcus. We challenged the clones carrying these cassettes with a variety of *E. coli* phages and confirmed their role as defence systems. To make sure that these genes have been correctly identified as integron cassettes we tested them in a recombination assay. Using an in vitro experiment mimicking the capture of cassettes, we calculated their recombination frequency, and observed differences in recombination between the top and the bottom strand, typical of integron cassettes. These results confirmed that these are bona fide cassettes. We suspected that algorithms could miss novel defence systems, so we screened the whole library using bacteriophage T4. We discovered five other phage-resistance genes encoded in bona fide cassettes. Using growth curves and different MOIs we could characterize cassettes defending through abortive infection. To investigate cross-species resistance, we subsequently transformed the nine cassettes in a clinical isolate of *Klebsiella pneumoniae* and challenged them with a phage against this species. All gcus conferred phage resistance in *K. pneumoniae*, indicating a broad range of action for these defence systems. Additionally, strains containing gcus had a fitness similar or better than that of spontaneous resistant mutants. Our results reveal new functions of integron cassettes with important consequences for the future of phage therapy.

Financiación

Fondos Unión Europea, UNA4CAREER, MSCA Horizon 2020-4230415

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#162 IMPACTO DE LOS GENES DE RESISTENCIA DE INTEGRONES EN EL FITNESS BACTERIANO

Alberto Hipólito Carrillo De Albornoz¹, Lucía García Pastor¹, Ester Vergara González¹, Alexandra Von Stempel², Anna S. Weiss², Thomas Jové³, Álvaro San Millán⁴, Bärbel Stecher², José Antonio Escudero García-Calderón¹.

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

²(Max von Pettenkofer Institut, Munich, Alemania)

³(Universidad de Limoges, Limoges, Francia)

⁴(Centro Nacional de Biotecnología, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a antibióticos es una de las mayores amenazas para la salud en el siglo XXI. Los integrones capturan, almacenan y reordenan alrededor de 177 cassettes que codifican genes de resistencia contra 12 familias de antibióticos. Estas plataformas genéticas tienen un gran éxito en el entorno clínico por el valor adaptativo que confieren. Sin embargo, existen marcadas diferencias en la abundancia de cada cassette. En este trabajo, nos preguntamos si el éxito de cada cassette depende de su impacto en el fitness bacteriano. Para ello, clonamos 137 cassettes de resistencia en su entorno nativo y cuantificamos su coste biológico en *E. coli* mediante ensayos de competición bacteriana. Nuestros resultados muestran gran amplitud en los efectos sobre el fitness, llegando algunos cassettes a ser beneficiosos en ausencia de selección. Nos llamó especialmente la atención el caso de *ereA2*, que aporta un gran beneficio en nuestros experimentos (31%), pero en las bases de datos aparece frecuentemente truncado. Para entender estas diferencias realizamos competiciones en ratones con una microbiota controlada, usando tres cassettes beneficiosos. Así, dos continúan siendo beneficiosos in vivo (*aacA7* y *blaOXA10*), mientras *ereA2* cambia de signo y pasa a generar un gran coste biológico. Repitiendo los ensayos in vitro en ausencia de oxígeno o en presencia de microbiota controlada, determinamos que son las condiciones de aerobiosis las que modifican el coste biológico de *ereA2*. Nuestros resultados muestran por primera vez el coste biológico de los cassettes de integrón, su variación según el ambiente y, en particular, la importancia de las condiciones de aerobiosis. Estos resultados ayudarán a comprender la diseminación de resistencias en hospitales y el medio ambiente, y a diseñar estrategias efectivas para mitigar sus consecuencias.

Financiación

European Research Council (ERC) Starting Grant [ERC grant no. 803375-KRYPTONINT;]. Contrato Investigador predoctoral UCM. EMBO Scientific Exchange Grant. Research and Training (RTG) FEMS grant.

Referencias

1. Escudero JA, Loot C, Nivina A, M. D. *The integron: Adaption on demand. Microbiol. Spectr.* 25–32 (2014). doi:10.1128/microbiolspec.
2. Partridge, S. R., Tsafnat, G., Coiera, E. & Iredell, J. R. *Gene cassettes and cassette arrays in mobile resistance integrons: Review article. FEMS Microbiol. Rev.* 33, 757–784 (2009).
3. Brugiroux, S. et al. *Genome-guided design of a defined mouse microbiota that confers colonization resistance against Salmonella enterica serovar Typhimurium. Nat. Microbiol.* 2, 16215 (2016).



#167 INFLUENCIA DEL ENTORNO GENÉTICO EN EL ESTUDIO DE LAS DINÁMICAS EVOLUTIVAS DE CASSETTES DE INTEGRÓN

Laura Ortiz Miravalles, Alberto Hipólito Carrillo De Albornoz, Ester Vergara González, José Antonio Escudero García-Calderón.

¹(Universidad Complutense de Madrid. Facultad de Veterinaria. Departamento de Sanidad Animal, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a antibióticos es una amenaza importante para la medicina moderna. Una vía de adquisición de resistencias es la transferencia horizontal de genes (1). En este fenómeno cabe destacar el papel desempeñado por los integrones, unas plataformas genéticas capaces de captar y regular la expresión de genes de resistencia. Los integrones móviles vehiculan más de 170 genes de resistencia cuya prevalencia es muy diferente (2). En el laboratorio estudiamos las fuerzas que rigen el éxito evolutivo de los cassettes: su perfil de resistencia, su coste biológico, su movilidad y los efectos polares (la influencia que un cassette tiene en la expresión del resto de la colección). Para ello usamos como modelo la cepa de *Escherichia coli* MG1655. Sin embargo, es posible que estas fuerzas varíen según el entorno genético. Por ello, en este trabajo estudiamos las fuerzas que rigen el éxito de los cassettes en aislados clínicos de *E. coli*. Hemos clonado 10 cassettes de resistencia que ejercen efectos polares variados en primera posición de un integrón que tiene un gen de GFP en segunda posición. Hemos insertado nuestras construcciones en 6 aislados hospitalarios de *E. coli* de secuencia conocida (3) y medido los efectos polares en todos los entornos. De manera general, concluimos que los efectos polares observados en la cepa laboratorial son similares a los de las cepas clínicas. Sin embargo, algunos genes, como *arr2* o *bla_{oxa9}* tienen efectos represores muy superiores en las cepas clínicas. En la actualidad estamos estudiando también el coste biológico en todos los entornos. Nuestros resultados sugieren la necesidad de estudiar los genes de integrón en una variedad de entornos genéticos, si queremos comprender sus dinámicas evolutivas y anticipar su dispersión. Solo así acercaremos nuestros resultados a la realidad de nuestros hospitales.

Financiación

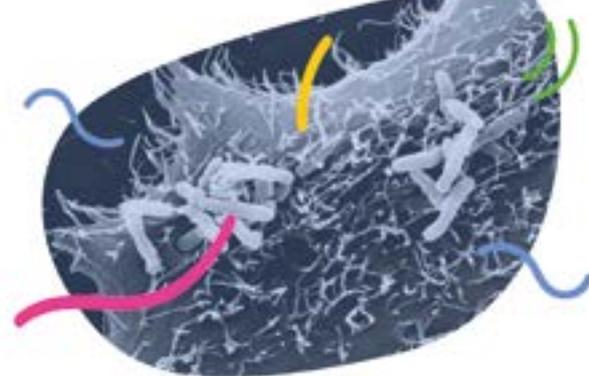
Ayuda para la Formación de Profesorado Universitario (FPU) 2021

Referencias

1. O'Neill, J. (2014) *Wellcome Collect*.
2. Escudero, J.A. et al. (2015) *Mob. DNA III*, 10.1128/microbiolspec.mdna3-0019-2014.
3. Alonso-del Valle, A et al. (2021). *Nat Commun*.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#168 HETEROGENEIDAD FENOTÍPICA EN EL SUPERINTEGRÓN DE VIBRIO CHOLERAE

Amalia Prieto Nieto, Lucía García Pastor, Filipa Trigo Da Roza, André Carvalho, Ester Vergara Gonzalez, Alberto Hipólito Carrillo De Albornoz, José Antonio Escudero García-Calderón.

¹(Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Vibrio cholerae, el agente causante del cólera, posee en su segundo cromosoma una región de 126 kb conocida como Superintegrón (SI), una plataforma genética capaz de captar, almacenar y reorganizar genes codificados en pequeños elementos móviles denominados cassettes. Como todos los integrones, el SI consta de una región variable formada por 189 cassettes, y una región estable compuesta por la integrasa (intl), el sitio de integración (attI) y los promotores de la integrasa y los cassettes (Pint y Pc respectivamente). La integrasa cataliza la integración y escisión de los cassettes en el superintegrón. Su expresión está regulada principalmente por la respuesta SOS. Así, en ausencia de estrés, LexA se une a una secuencia adyacente al Pint y bloquea la expresión de la integrasa. En este trabajo hemos estudiado la expresión de la integrasa, a nivel de células individuales, y hemos detectado heterogeneidad fenotípica, ya que existe expresión en un porcentaje de la población (3-4%) en ausencia de estrés, dando lugar a la formación de dos subpoblaciones bacterianas: PintON y PintOFF. Actualmente estamos caracterizando esta heterogeneidad y estudiando su posible relación con la transferencia horizontal de genes y el sistema de defensa a plásmidos, analizando la expresión de la integrasa en distintos mutantes. Por el momento hemos visto que en mutantes *lexA*ind, en los que la respuesta SOS está inactiva, la población PintON desaparece, sugiriendo que la heterogeneidad es dependiente del sistema SOS. También exploraremos si los resultados obtenidos para el superintegrón son extrapolables a integrones cromosómicos de otras especies del género *Vibrio*. La expresión heterogénea de la integrasa tiene importantes implicaciones en la biología de los integrones y en la adaptación bacteriana. Si bien es sabido que en presencia de estrés los integrones se activan para generar adaptación a demanda, aquí demostramos que en su ausencia, también generan variabilidad genética.

Financiación

KryptonInt (803375). European Research Council Starting Grant. 2019/2023



#175 COMBINING ANCESTRAL SEQUENCE RECONSTRUCTION WITH DIRECTED EVOLUTION TO ENHANCE POLY(ETHYLENE TEREPHTHALATE) HYDROLASES

Jesús Laborda Mansilla¹, Ivan Mateljak², Valeria A Risso³, Mikel Dolz¹, Jose M Sanchez-Ruiz³, Miguel Alcalde¹, Eva Garcia-Ruiz¹.

¹(Departamento de Biocatálisis, Instituto de Catálisis y Petroleoquímica, CSIC, Madrid, España)

²(EvoEnzyme S.L. Parque Científico de Madrid, Madrid, España)

³(Departamento de Química Física, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Polyethylene terephthalate (PET) is a versatile, and low-cost polyester with low reactivity properties that has become a key element in modern society. It is used in a wide variety of applications, such as bottles, packaging, and textile fibers. However, the lack of an effective recycling system has led to an alarming accumulation of PET and other plastics in landfills and oceans, posing a significant threat to the environment and human health (1). The main goal of this work is to develop an optimal biocatalyst for the efficient biodegradation of PET into its monomers (terephthalic acid (TPA) and ethylene glycol (EG)). The development of such a biocatalyst could offer a viable and environmentally friendly alternative to existing recycling processes that are either less specific or more contaminant. Our approach involved the combination of two engineering strategies. First, we used Ancestral Sequence Reconstruction (ARS) to infer the protein sequence of a hypothetical ancient hydrolase, using the modern sequence of PET hydrolase from *Ideonella sakaiensis* (IsPETase) as a reference (2). This strategy allowed us to generate a new set of functional enzymes that retain the spatial structure of IsPETase, yet exhibit significant amino acid sequence changes. The resulting enzymes showed increased robustness and improved stability properties (3). After a preliminary characterization, the putative ancestral enzyme with most promising features was selected as a parental template in a directed evolution campaign to improve its PET-degrading activity. This strategy required the development of a reliable High-Through Put Screening (HTPS) protocol to detect significant improvements among mutants and select the most suitable candidate for industrial applications. The combination of both strategies allowed us to identify regions that have been highly conserved across evolution, as well as regions where novel mutations could potentially enhance PET-hydrolyzing activity.

Financiación

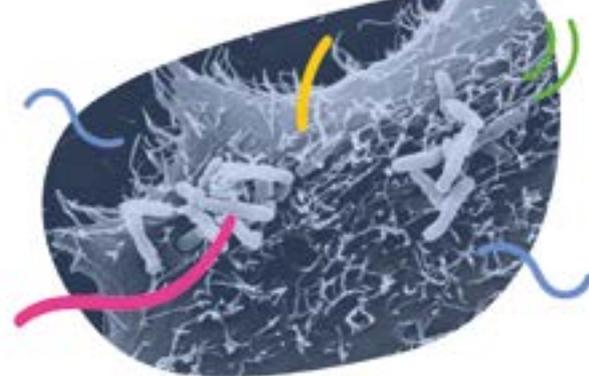
This study is funded by the Comunidad de Madrid project 2019-T1/BIO-13207.

Referencias

1. Urbanek A.K. y col. (2021) *Front Bioeng Biotechnol.* 9:771133
2. Yoshida S. y col. (2016) *Science* 1196:1199.
3. Risso V.A. y col. (2014) *Environ. Microbiol.* 1485:1489.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#190 UBICUITILACIÓN POR SALMONELLA: MANIPULANDO A LAS CÉLULAS HOSPEDADORAS

Andrea Bullones Bolaños, Joaquín Bernal Bayard, Francisco Ramos Morales.

¹ (Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Salmonella enterica es una bacteria Gram negativa causante de múltiples enfermedades en humanos y animales. Los sistemas de secreción de tipo III se encargan de translocar proteínas efectoras al citoplasma de la célula hospedadora, por lo que juegan un papel importante en la virulencia de Salmonella. Los efectores son esenciales para promover la infección y supervivencia de la bacteria ya que le permiten manipular diferentes procesos dentro de la célula. En nuestro laboratorio estudiamos una familia de efectores con actividad E3 ligasa de ubiquitina (SlrP, SspH1 y SspH2) con el objetivo de identificar el conjunto de proteínas ubiquitiladas en una célula (ubiquitinoma) en presencia de estos efectores. Utilizamos células HEK293T transfectadas con plásmidos que expresan los tres efectores o el vector vacío y tratamos dichas células con MG132 para inhibir la degradación de proteínas por el proteasoma, posteriormente, realizamos la purificación por afinidad de sustratos ubiquitilados los cuales identificamos por espectrometría de masas. Además, utilizando mutantes puntuales de la ubiquitina caracterizamos el tipo de modificación que realiza el efector en ensayos de ubiquitilación in vitro. Los sustratos potenciales identificados están involucrados en diferentes procesos celulares y están siendo validados con ensayos in vitro para analizar el nivel de especificidad y redundancia que puede existir entre los efectores de la misma familia. Nuestros resultados muestran que las ligasas de ubiquitina de Salmonella alteran el ubiquitinoma de la célula hospedadora afectando múltiples procesos celulares.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación - Agencia Estatal de Investigación/10.13039/501100011033, proyecto número PID2019-106132RB-I00, el programa de investigación e innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea bajo la beca Marie Skłodowska-Curie No 842629, y por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y la Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades de la Junta de Andalucía, dentro del Programa Operativo FEDER 2014-2020, proyecto US-1380805 y proyecto P20_00576.



#195 LA MEMBRANA DE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE COMO DIANA PARA EL REPOSICIONAMIENTO DE FÁRMACOS

Laura Ortiz-Miravalles^{1,2,3}, Manuel Sánchez-Angulo⁴, Jesús Miguel Sanz Morales^{1,5}, Beatriz Maestro García-Donas^{1,6}.

¹(Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid, España)

²(Departamento de Salud Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

³(Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET), Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

⁴(Departamento de Producción Vegetal y Microbiología, Universidad Miguel Hernández, Madrid, España)

⁵(Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

⁶(Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Antecedentes: la membrana bacteriana constituye una importante diana en la búsqueda de antimicrobianos. Resultados previos del laboratorio demostraron que ciertas moléculas, como los ésteres de aminas bicíclicas, muestran un efecto moderado sobre diferentes microorganismos, pero muy importante frente *Streptococcus pneumoniae*, ya que promueven la liberación prematura de la autolisina LytA de su reserva citoplasmática. Con esto en mente, iniciamos una búsqueda de nuevos fármacos antineumocócicos a partir de una colección de moléculas químicas y que podrían presentar un mecanismo similar. Métodos: el potencial efecto antimicrobiano de una colección de 1200 drogas de reposicionamiento (Prestwick Chemical Library) se analizó frente *S. pneumoniae*, determinando la viabilidad celular y la concentración inhibitoria mínima (CMI). Resultados: tras cuatro rondas de examen, se seleccionaron siete compuestos que inducen una disminución de la viabilidad bacteriana de entre 90,0-99,9 % a una concentración de 25 μ M, con CMI en el mismo rango. Todos los compuestos menos uno producen un aumento notable en la permeabilidad de la membrana bacteriana y comparten una estructura química común. Conclusiones: estos resultados abren nuevas posibilidades para abordar la enfermedad neumocócica mediante el reposicionamiento de fármacos y proporcionan pistas para el diseño de nuevos antimicrobianos dirigidos a la membrana con una estructura química afín

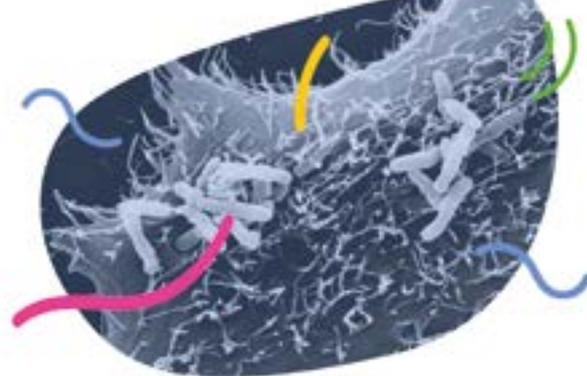
Financiación

Agencia estatal de Investigación AEI/FEDER-EU-10.13039/501100011033/- y Ministerio de Ciencia e Innovación, España (PID2019-105126RB-100).

CIBER de Enfermedades Respiratorias, Instituto de Salud Carlos III, España.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#198 ENTEROCOCCUS LACTIS EN GANADO BOVINO LECHERO: CARACTERIZACIÓN DE GENOMAS COMPLETOS Y COMPARACIÓN CON ENTEROCOCCUS FAECIUM

Medelin Ocejo ¹, Beatriz Oporto ¹, Maitane Mugica ¹, José Luis Lavín ², Ana Hurtado ¹.

¹ (NEIKER – Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Basque Research and Technology Alliance (BRTA). Departamento de Sanidad Animal, Derio, España)

² (NEIKER – Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Basque Research and Technology Alliance (BRTA). Departamento de Matemática Aplicada, Derio, España)

Resumen de la comunicación

Enterococcus faecium (Efm), patógeno oportunista y causa importante de infecciones multirresistentes, se ha dividido tradicionalmente en dos clados: A (asociado a pacientes hospitalizados) y B (aislados de individuos sanos). Como parte de un estudio longitudinal para estudiar los perfiles de resistencia de *Enterococcus* spp. en ganado bovino lechero, se obtuvieron 82 aislados identificados como Efm en base a una PCR a tiempo-real que amplifica el gen *ddlA* de Efm1. El análisis del pangenoma realizado utilizando la tecnología de secuenciación de fragmentos largos Oxford-Nanopore de una selección de 15 aislados evidenció 2 perfiles diferentes. La posterior comparación de estos 15 genomas con genomas de cepas de referencia de especies próximas en el Type (Strain) Genome Server los separó en dos grupos: uno (n=6) junto con cepas de referencia de Efm del clado A2, y otro grupo (n=9) estrechamente relacionado con *E. lactis* BT159T. El valor de hibridación digital ADN:ADN (dDDH) resultante de la comparación intergenómica de estos 9 aislados con *E. lactis* (d4=88.8 [rango: 83.9–90.3]) confirmó su pertenencia a esta especie. Estos resultados coinciden con un estudio reciente que propone reclasificar el clado B de Efm como *E. lactis* (Ela). Tras estos resultados, se diseñó una PCR a tiempo-real específica para Efm (antiguo Efm-cladeA) que no amplifica Ela (antiguo Efm-cladeB). Cuando se utilizó para analizar los 82 aislados inicialmente identificados como Efm, solo 23 se amplificaron confirmándose como Efm, de manera que los 59 restantes se corresponderían a Ela. Este estudio ha permitido identificar un amplio repertorio de genes accesorios que justifican la asignación de ambos clados a especies diferentes del género *Enterococcus*, diseñar una PCR específica para Efm y demostrar la alta prevalencia de Ela en el ganado bovino.

Financiación

Departamento de Desarrollo Económico, Sostenibilidad y Medio Ambiente del Gobierno Vasco (Proyecto URAGAN 21-00012).

Hipervínculo

mocejo@neiker.eus

Referencias

¹ Maheux y cols. (2011) *Water Research*, 45(6), 2342–2354. ² Bellosso-Daza y cols. (2021) *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 71:004948.



#199 SRFJ ES UN EFECTOR DE SALMONELLA CON ACTIVIDAD GLUCOSILCERAMIDASA QUE ALTERA EL LIPIDOMA Y EL TRANSCRIPTOMA DE LAS CÉLULAS HOSPEDADORAS

Julia Aguilera Herce, Roberto Balbontín, Joaquín Bernal Bayard, Francisco Ramos Morales.

¹(Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

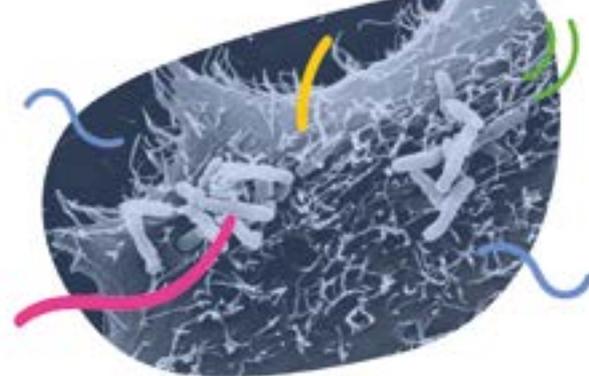
Los sistemas de secreción tipo III se encuentran en muchas bacterias Gram negativas que son patógenos o simbioses de animales y plantas. Salmonella enterica posee dos de estos sistemas relacionados con la virulencia, uno implicado en la invasión de células hospedadoras y el otro necesario para el mantenimiento de un nicho intracelular apropiado. Srfj es un efector del segundo sistema de secreción tipo III. En este trabajo hemos explorado la función bioquímica de Srfj y las consecuencias de su expresión para las células hospedadoras. Nuestros experimentos sugieren que Srfj es una glucosilceramidasa que altera el lipidoma y el transcriptoma de las células hospedadora, tanto cuando se expresa aisladamente en células epiteliales como cuando se transloca a macrófagos durante la infección con Salmonella. El análisis de los genes cuya expresión se ve alterada significativamente por la presencia de Srfj sugiere que este efector puede estar implicado en la protección de Salmonella frente a las defensas inmunitarias del hospedador.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación – Agencia Estatal de Investigación/10.13039/501100011033, proyecto número PID2019-106132RB-I00, por el programa de investigación e innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea (mediante la beca Marie Skłodowska-Curie No 842629 a J. Bernal-Bayard), por el Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia “European Union – NexGenerationEU” (mediante un contrato María Zambrano a R. Balbontín) y por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y la Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades de la Junta de Andalucía, dentro del Programa Operativo FEDER 2014-2020, proyecto US-1380805 y proyecto P20_00576.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#204 CONSTRUCCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN VECTOR LANZADERA ESCHERICHIA COLI - ARCOBACTER BUTZLERI

Adrián Salazar Sánchez¹, Rodrigo Alonso Monsalve^{1,2}, Lorena Laorden Muñoz^{1,2}, Ilargi Martínez Ballesteros^{1,2}, Aurora Fernández Astorga^{1,2}, Irati Martínez Malax-Etxebarria^{1,2}.

¹(Grupo de investigación Mikrolker, Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España)

²(Microbiología, Enfermedades Infecciosas, Antimicrobianos y Terapia Génica, Bioaraba, Vitoria-Gasteiz, España)

Resumen de la comunicación

Arcobacter butzleri es un conocido patógeno animal y humano causante de, entre otras, enfermedades gastrointestinales. Debido a su amplia distribución y reducido conocimiento acerca de su potencial patogénico [1], esta especie ha sido sujeto de numerosos estudios, entre ellos varios de secuenciación del genoma completo [2]. Sin embargo, aún hoy, sólo se ha asignado función a la mitad o menos de los genes que presenta en su genoma. De manera general, la función específica de los genes puede determinarse mediante genética inversa. Hasta la fecha se han inactivado con éxito varios genes de *A. butzleri*, pero la falta de herramientas de complementación genética sigue imposibilitando la restauración de las funciones perdidas. El objetivo de este trabajo ha sido obtener un vector lanzadera *Escherichia coli* - *Arcobacter butzleri*. Este se ha construido utilizando como base el plásmido pMW2 [3] modificado (sustituyendo el marcador de resistencia a la kanamicina *aphA-3* por uno de resistencia a la tetraciclina *tetO* originario de *Campylobacter jejuni*), con la inserción de una región de un plásmido críptico de *A. butzleri* que contiene el origen de replicación. El vector lanzadera construido (pIMM1) se caracterizó mediante ensayos de eficiencia de transformación, estabilidad y número de copias del vector, entre otros. El vector lanzadera pIMM1 tiene aproximadamente 7500 pb, confiere resistencia a la tetraciclina ($\geq 15 \mu\text{g/mL}$) y a la ampicilina ($\geq 100 \mu\text{g/mL}$), muestra una eficiencia de transformación de 4570,0 y 55,00 UFC/ μL de plásmido en *E. coli* y *A. butzleri*, respectivamente, y continúa estable tras 7 días de inoculaciones seriadas sin presión antibiótica. Los resultados sugieren que pIMM1 es una herramienta útil para el análisis genético de *A. butzleri*, permitiendo la caracterización genómica completa de sus genes.

Financiación

Ministerio de Economía y competitividad, Secretaría de estado de Investigación, Desarrollo e Innovación (AGL2014-56179-P) y Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (GIU21/021).

Referencias

[1] Martínez-Malaxetxebarria et. al. (2022) *Int. J. Food Microbiol.* 373:109712;

[2] Müller et. al. (2020) *Genes* 11:1104;

[3] Wörsten et. al. (1998) *J. Bacteriol* 180:3:594-599.



#208 UN NUEVA MINI-PROTEÍNA INDUCE LA FORMACIÓN DE AGREGADOS PROTEICOS QUE INSOLUBILIZAN LAS LIPASAS EXTRACELULARES DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS

Ane Muruzabal Galarza, Arancha Catalán Moreno, Melba Cruz Moral, Pedro Dorado Morales, Jaione Valle Turrillas, Alejandro Toledo-Arana.

¹(Instituto de Agrobiotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IdAB-CSIC), Mutilva, España)

Resumen de la comunicación

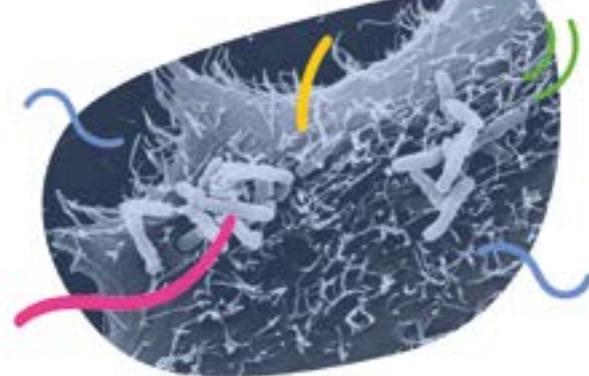
Recientemente, se han descubierto experimentalmente numerosas mini-proteínas (<50 aminoácidos) implicadas en procesos esenciales para las bacterias. Sin embargo, la existencia de estas mini-proteínas se encuentra sesgada por la deficiente anotación de los genomas, que normalmente se basa en algoritmos arbitrarios que las excluyen. Mediante la combinación de diversas tecnologías de última generación, nuestro grupo está estudiando las mini-proteínas que constituyen el proteoma oculto de *Staphylococcus aureus*, una de las bacterias patógenas de mayor relevancia clínica. En este estudio presentamos la caracterización funcional de una mini-proteína de 21 aminoácidos (5'Lip), altamente conservada en el género *Staphylococcus*, que no se encuentra anotada en las bases de datos públicas. 5'Lip está codificada en la región 5' del mRNA que produce SAL1, una de las dos lipasas extracelulares importantes para la virulencia de este patógeno. Descubrimos que la expresión constitutiva de 5'Lip disminuía la actividad lipasa de los sobrenadantes de cultivo debido a una reducción en la cantidad de lipasas extracelulares, mayoritariamente de SAL2. Mutaciones puntuales en 5'Lip demostraron que la fenilalanina 20 es esencial para su función. Los análisis de expresión y localización subcelular revelaron que la disminución de la actividad lipasa es debida a la inducción por parte de 5'Lip de la formación de agregados proteicos asociados a la superficie celular que capturan e insolubilizan a las lipasas. Interesantemente, los estudios proteómicos indicaron que las PSMs (phenol-soluble modulins), otras mini-proteínas de *S. aureus* que pueden formar amiloides estructurados, posiblemente también estén involucradas en este proceso. Además, demostramos que SAL2, marcada con la proteína fluorescente MARS, co-localiza con el colorante Tioflavina-T, indicando el posible carácter amiloide de estos complejos proteicos. Los próximos estudios están dirigidos a demostrar la relación entre 5'Lip, las PSMs y las lipasas en la formación de los agregados amiloides para así definir su función biológica.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por la Agencia Estatal de Investigación del Ministerio de Ciencia e Innovación en el marco del Programa Estatal de Generación de Conocimiento y Fortalecimiento Científico y Tecnológico del Sistema de I+D+i (Ref. PID2019-105216GB-I00).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#214 DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE CEPAS ESCHERICHIA COLI ENTEROPATÓGENA (EPEC) AISLADAS DE LA CAVIDAD NASAL DE CERDOS POTENCIALMENTE SANOS

Sandra Martínez Álvarez¹, Carmen Simón ², Idris Nasir Abdullahi ¹, Myriam Zarazaga ¹, Carmen Torres ¹.

¹(Área de Bioquímica y Biología Molecular, Grupo OneHealth-UR, Universidad de La Rioja, Logroño, España)

²(Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

Introducción: Escherichia coli enteropatógena (EPEC) es un importante patógeno, implicado en procesos diarreicos asociados a infecciones extraintestinales tanto en clínica humana como en veterinaria. Las cepas EPEC poseen el gen eae (codificante de intimina) y carecen de stx (toxina shiga), y pueden ser EPEC típicas/atípicas en función de la presencia/ausencia del gen bfp. El objetivo de este estudio fue analizar la frecuencia de E. coli y EPEC en muestras nasales de cerdos potencialmente sanos, así como la relación genética y los perfiles de sensibilidad a antibióticos de los aislados EPEC. Materiales y métodos: Se analizaron muestras nasales de 40 cerdos de cuatro granjas de Aragón (10 cerdos/granja) y fueron procesadas para el estudio de la microbiota nasal mediante el cultivo de bacterias Gram positivas y negativas. Se aislaron cepas de E. coli en agar sangre y se determinó a) la sensibilidad a antibióticos (CLSI, 2022); b) presencia del gen eae y bfp por PCR y el genotipo de resistencia a antibióticos de los aislados EPEC. Resultados: Se detectó la presencia de E. coli en 17/40 cerdos analizados (42.5%) y 25 aislados fueron recuperados. La presencia de EPEC se reflejó en 7/40 cerdos (17.5%) de 2/4 granjas, con 10 aislados EPEC. Los 10 aislados eae-positivos fueron atípicos y presentaron un fenotipo de multi-resistencia (incluyendo resistencia a ampicilina, cloranfenicol, gentamicina, tetraciclina, y trimetoprim/sulfametoxazol) con los genes blaTEM/tet(B)/floR/cmlA/sul1/sul2/sul3. Diversos linajes genéticos fueron detectados entre los aislados eae-positivos. Conclusión: En la cavidad nasal de los cerdos se detecta con frecuencia E. coli portador de genes de resistencia y virulencia de alto impacto clínico, las cuales pueden ser transferidas al hombre por la cadena alimentaria o por contacto con los animales. Aunque E. coli es una bacteria comensal del tracto gastrointestinal, el estilo de vida de los animales favorece la transferencia al entono nasal.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado en parte por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 de España.



#256 ANÁLISIS DE ELEMENTOS GENÉTICOS MÓVILES EN CEPAS CLÍNICAS DE STAPHYLOCOCCUS SPP PROCEDENTES DE INFECCIONES ASOCIADAS A DISPOSITIVOS MÉDICOS

Marina Costa Lacuesta¹, Patricia Bernabé Quispe¹, Mercedes Cervera Alamar^{1,2}, María Ángeles Tormo Mas³.

¹(Grupo de Infección Grave, Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, Valencia, España)

²(Instituto Valenciano de Patología, Universidad Católica de Valencia, Valencia, España)

³(Grupo de Infección Grave, Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, Hospital Universitari i Politècnic La Fe, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Las infecciones asociadas a dispositivos médicos (IAD) ocupan un lugar relevante entre aquellas relacionadas con la asistencia sanitaria y representan una seria amenaza para la salud pública, especialmente cuando están producidas por microorganismos multirresistentes a antibióticos. *Staphylococcus spp.* se encuentra entre los principales patógenos causantes de IAD debido a su habilidad para persistir y multiplicarse en diversos entornos junto a su capacidad para producir una gran variedad de factores de virulencia. Muchos de estos factores, como son los genes de resistencia a antibióticos, de formación de biopelículas, toxinas o superantígenos, se encuentran codificados en elementos genéticos móviles (EGMs) pudiendo ser diseminados por transferencia horizontal.

Para el presente trabajo se realizó una secuenciación masiva del genoma de 41 cepas de *Staphylococcus coagulasa* negativos aislados de pacientes con infecciones de catéter o de prótesis articulares. El análisis *in silico* de sus secuencias nos permitió estudiar la presencia y estructura de islas de patogenicidad (IP) y bacteriófagos, obteniéndose el mapa genético de estos EGMs.

Mediante estos análisis se observaron genes relacionados con resistencia a antibióticos y a metales pesados que previamente no habían sido descritos en EGMs de *coagulasa* negativas. Además, se encontraron diferentes estructuras del módulo de empaquetamiento presente en IP, permitiendo su clasificación en base a este.

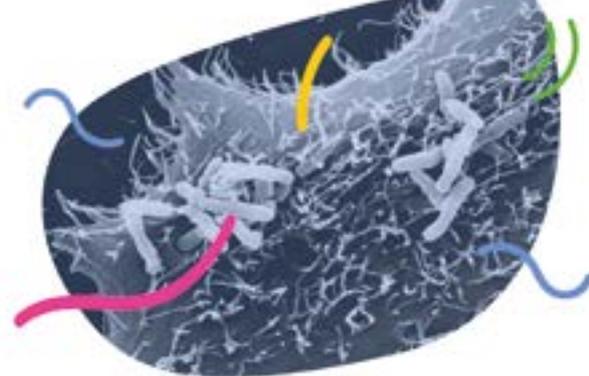
Por último, se comprobó que los bacteriófagos endógenos de cepas de *Staphylococcus epidermidis* eran capaces de movilizar sus IP. Demostramos así que continuamente se están adquiriendo nuevos factores de virulencia en EGMs mediante transferencia horizontal, lo que contribuye a su diseminación y dificulta enormemente el tratamiento de IAD.

Financiación

Proyecto PID2021-122875OB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación FPU21/06274 del Ministerio de Universidades

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#257 AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIÓFAGOS PARA EL TRATAMIENTO DE INFECCIONES POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS MULTIRRESISTENTES

Samara Sabsabi Soriano¹, Patricia Bernabé Quispe¹, Ma Ángeles Tormo Mas², Ma Del Pilar Marín Muelas¹.

¹(Instituto de Investigación Sanitaria LaFe, Valencia, España)

²(Hospital Universitario y Politécnico La Fe, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Staphylococcus aureus es una bacteria considerada un patógeno oportunista por ser capaz de producir desde infecciones leves en la piel, como el impétigo, hasta infecciones severas como neumonía, endocarditis y sepsis. La adquisición de genes relacionados con la resistencia a los antibióticos por parte de esta bacteria es una de las mayores inquietudes y preocupaciones actuales de la sanidad y exige del desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas para tratar sus infecciones.

En este proyecto, se estudia el aislamiento y la caracterización de 10 fagos para su posible uso en el tratamiento de infecciones producidas por cepas multirresistentes de *S. aureus*. Los fagos se obtuvieron de muestras ambientales de diferentes zonas de Valencia. Su aislamiento se llevó a cabo utilizando tanto el método de superposición en agar doble como el método de enriquecimiento, obteniéndose finalmente calvas de lisis en un tapiz de bacterias, indicativas de la presencia de fagos.

De los fagos aislados, se evaluó su rango de hospedador frente a 100 cepas clínicas de *S. aureus*, su eficacia de infección mediante curvas de crecimiento a diferentes MOI, su morfología obtenida mediante microscopía electrónica y tras la secuenciación de sus genomas, se realizó un análisis *in silico* para asegurar la ausencia de genes relacionados con la lisogenia, así como de genes de virulencia o toxinas que pudieran incrementar la virulencia de las bacterias hospedadoras.

Finalmente se seleccionaron los fagos con las características más apropiadas para su posible uso en terapia fágica, que podrían ser administrados tanto de manera individual como en coctel, como vía alternativa al uso de antibióticos o bien en combinación con los mismos, pudiendo ser un tratamiento efectivo frente a las bacterias multirresistentes y una solución a uno de los mayores problemas sanitarios actuales.

Financiación

Proyecto PID2021-122875OB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación

Proyecto AICO/2021/306 de la Conselleria d'Innovació, Universitats, Ciència i Societat Digital de la Generalitat Valenciana



#260 INVESTIGACIÓN GENÓMICA SOBRE EL SURGIMIENTO Y DISPERSIÓN DE UN BROTE HOSPITALARIO DE CANDIDA AURIS EN LA COMUNIDAD VALENCIANA

Irving Cancino Muñoz^{1,2}, Juan Vicente Mulet³, Nuria Tormo³, Carme Salvador³, María Del Remedio Guna^{3,4}, Carolina Ferrer⁵, Mercedes Melero⁵, Concepción Gimeno^{3,6}, Fernando González-Candelas^{1,2,7}.

¹ (Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), Universidad de Valencia-CSIC, Valencia, España)

² (Unidad Mixta Infección y Salud Pública, FISABIO-Univ. Valencia, Valencia, España)

³ (Servicio de Microbiología, Consorcio Hospital General Universitario de Valencia, Valencia, España)

⁴ (Universidad de Valencia. Facultad de Medicina. Dept Microbiología i Ecología., Valencia, España)

⁵ (Servicio de Medicina Preventiva, Unidad de Cuidados Críticos, Consorcio Hospital General Universitario de Valencia, Valencia, España)

⁶ (Universidad de Valencia. Facultad de Medicina. Dept Microbiología i Ecología, Valencia, España)

⁷ (CIBER en Epidemiología y Salud Pública, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

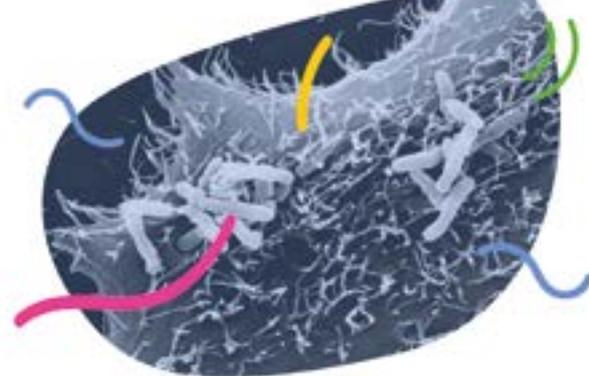
En Europa, las infecciones por *Candida auris* se han triplicado en los últimos años, siendo España responsable del 76% del total y considerándose en situación endémica. Desde 2016, se han documentado brotes intrahospitalarios; sin embargo, no hay publicaciones que analicen la dispersión del patógeno según su variación genética. Este estudio consta de dos análisis según su origen geográfico; uno local y otro global. En el primero, se analizaron 35 genomas de *C. auris* en un hospital de la Comunidad Valenciana (CV) durante 2017-2021, obteniendo árboles filogenéticos y estimaciones de la fecha del ancestro común más próximo a todos ellos. Todos los aislados pertenecían al clado III y presentaban resistencia fenotípica a fluconazol y uno de ellos a equinocandinas. Todos los aislados pertenecían a un brote con un mismo origen que afecta principalmente a la Unidad de Cuidados Críticos y cuyo ancestro más próximo se remonta a mayo de 2015. Al comparar estas secuencias con una base de genomas globales (n=334), se detectaron 4 aislados relacionados genéticamente y epidemiológicamente con este brote en la CV. Se realizó un análisis filogeográfico del clado III y se encontraron dos grupos sensibles (G1 y G2) y uno resistente a fluconazol (G3). El ancestro común resistente del G3 se pudo originar entre 2000-2010 en África, coincidiendo con los primeros casos reportados en dicho continente. A nivel local, nuestros resultados concuerdan temporalmente con los primeros casos reportados en España y demuestran que el patógeno se introdujo en 2015-2016, y se ha mantenido y expandido por diferentes hospitales de la CV. Aunque se han implementado medidas de control y limpieza en el hospital, el patógeno sigue en transmisión. Basándose en estos resultados, se recomienda hacer cultivos de vigilancia en pacientes con estancias prolongadas y cultivos ambientales periódicos para detectar *C. auris* y posibles reservorios.

Financiación

Irving Cancino-Muñoz es beneficiario del concurso para la concesión de ayudas para la recualificación del sistema universitario español del Ministerio de Universidades del Gobierno de España, financiadas por la Unión Europea, NextGenerationUE (código UP2021-044). Proyecto financiado por MICIN (PID2021-127010OB-I00) y Generalitat Valenciana (CIPROM2021-053). La secuenciación se financió mediante el premio de promoción de la investigación Dr. López Trigo, otorgado a Juan Vicente Mulet por la Fundación de Investigación del Hospital General Universitario de Valencia en 2019.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#272 DETERMINATION OF THE ROLE OF A LYSR REGULATOR IN BLAOXA-48 EXPRESSION IN THE CLINICALLY RELEVANT PLASMID POXA-48

Aida Alonso Del Valle, Laura Toribio Celestino, Álvaro San Millán Cruz.

¹(Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, España)

Resumen de la comunicación

The acquisition of antimicrobial resistance (AMR) mechanisms in pathogenic bacteria is one of the most concerning public health problems currently. Plasmids are circular DNA molecules able to replicate independently and to mobilize to another cells by conjugation, often carrying one or more AMR genes and playing a key role in their dissemination in bacteria. Certain association between AMR plasmids and bacteria become particularly successful creating “superbugs” that disseminate uncontrollably in clinical settings. An example of these associations is *Klebsiella pneumoniae* and the AMR plasmid pOXA-48. pOXA-48-like plasmids are enterobacterial, broad-host-range, conjugative plasmids, from the IncL plasmid taxonomic unit, that encode the carbapenemase OXA-48. blaOXA-48 is embedded inside the transposon Tn1999 that also encodes a transcriptional regulator from the LysR family. Although multiple variants of this transposon have been reported, most of them maintain both the carbapenemase blaOXA-48 gene and the lysR gene. Little is known about the regulation of the expression of this carbapenemase and about the potential role that the LysR regulator could play in it. We deleted lysR from pOXA-48 and observed a reduction in both the level of carbapenem resistance and blaOXA-48 expression. Interestingly, the levels of antibiotic resistance and carbapenemase expression are restored when lysR is supplemented in trans. Our study contributes to understand the regulation of blaOXA-48 carbapenemase expression.



#282 GREAT POTENTIAL OF METABOLOMICS IN THE IDENTIFICATION OF NON-INVASIVE BIOMARKERS IN LYNCH SYNDROME

Susana Ruiz-Ruiz ^{1,2}, Vicente Pérez-Brocal ^{1,2}, Fernanda Rey-Stolle ³, María Bajo ³, Coral Barbas ³, Adela Castillejo ⁴, Amparo Latorre ^{1,2,5}, José Luís Soto ⁴, Andrés Moya ^{1,2,5}.

¹ (Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (FISABIO), Valencia, España)

² (Consortio de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Madrid, España)

³ (Centro de Metabolómica y Bioanálisis (CEMBIO), Madrid, España)

⁴ (Hospital General Universitario de Elche, Elche, Valencia, España)

⁵ (Instituto de Biología Integrativa y de Sistemas (I2Sysbio), Universidad de València y Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Paterna, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

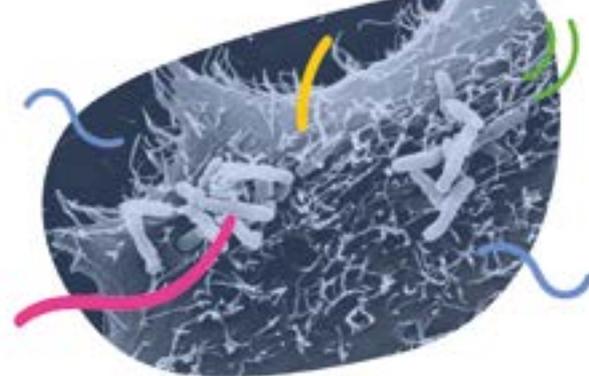
People with Lynch syndrome (LS) have up to an 82% chance of developing colorectal cancer before the age of 70, compared to 2% in the general population. Pathogenic variants in any one of the mismatch repair genes, MSH2, MLH1, MSH6, PMS2 or EPCAM (MMR genes) result in an increased risk of developing colorectal and endometrial cancers as well as a number of other epithelial malignancies. Growing evidence suggests the role of the gut microbiota in cancer. For that, targeted metabolomic analysis of fecal samples from 14 LS and 15 healthy controls individuals were performed to explore the regulation of gut microbiota metabolites by individuals with mutated MMR genes. Of the 14 individuals with LS, 5 of them had mutations in the MLH1 gene, 5 in MSH2, and 4 in MSH6. We determined quantitatively the concentration of 16 metabolites (carboxylic acids, including fatty acids and organic acids, and amino acids) in the faecal fluid of each individual. The metabolic profiling of the LS group was different from that of the healthy control group. The results showed statistically significant differences in 12 of the 16 measured metabolites. The levels of butyric acid, valeric acid, isovaleric acid, levulinic acid, 2-aminobutyric acid, beta-alanine, leucine, ornithine, tyrosine, lysine and benzoic acid were significantly lower in LS individuals than the healthy controls whereas the level of citric acid was significantly higher in LS. The most significant difference was observed in beta-alanine, a direct precursor of L-carnosine, an amino acid known for its action against glycation in organic tissues. To explore the regulation of gut metabolites by mutated MMR genes we compare also the metabolic profiling of the healthy control group with the MLH1, MSH2 or MSH6 LS individuals. The results showed that metabolomics has great potential in the identification of non-invasive biomarkers of LS.

Financiación

Project funded by Asociación Española contra el Cáncer (project AECC 2017-1485)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#299 SISTEMAS DE SEÑALIZACIÓN IMPLICADOS EN LA DETECCIÓN DE ESTRÉS OXIDATIVO Y HIERRO EN LA BACTERIA HALÓFILA CHROMOHALOBACTER SALEXIGENS

Montserrat Argandoña , María Calderón-Sánchez , Joaquín J Nieto , Carmen Vargas.

¹(Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Chromohalobacter salexigens, es una bacteria extremófila adaptada a vivir en un amplio rango de salinidades (0,5-4 M) gracias, principalmente, a la acumulación de solutos compatibles como las ectoínas, compuestos de gran interés biotecnológico¹. La acumulación intracelular de ectoínas es un proceso altamente regulado y controlado por una compleja red de regulación en la que participan sistemas de señalización. Así, el sistema de dos componentes EupK/EupR regula el metabolismo de ectoínas y, a su vez, forma parte de una red de señalización más compleja de tipo “many to one”, donde otras histidinas quinasas (HK) interactúan con el regulador de respuesta (RR) EupR, dependiendo de las condiciones de salinidad y/o fuente de carbono y/o presencia de ectoínas. Entre ellas se encuentra la histidina quinasa HK1450, que podría detectar otros estímulos como el estrés oxidativo o los niveles de metales, estímulos que también influyen en la regulación de los niveles de ectoínas, por lo que podría ser clave en la red de señalización. Además, esta HK podría interactuar con otro RR, cuyo gen codificante se sitúa en la región adyacente.

Así, mediante ensayos de interacción proteína-proteína in vivo (BATCH) en medios indicadores y selectivos, estos últimos modificados con diferentes concentraciones de NaCl, ClFe₃, y metilviológeno, como inductor de estrés oxidativo, se ha analizado si el estrés oxidativo y/o el exceso de Fe, pudieran influir en la interacción entre HK1450 y EupR en función de la salinidad. Por otra parte, se ha determinado si existe una interacción entre HK1450 y el otro posible RR asociado, RR1451, así como los posibles estímulos condicionantes. Los resultados indican que la interacción entre HK1450 y EupR depende del estrés oxidativo pero no de la concentración de hierro. Además, RR1451 estaría asociado a HK1450, siendo esta interacción dependiente de salinidad y Fe, e independiente del estrés oxidativo.

Financiación

Proyecto (PID2019-111273RB) financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación-Agencia Estatal de Investigación I00/AEI/10.13039/501100011033

Referencias

(1) Pastor y col., (2010). *Biotechnology advances* 28:782-801



#308 ENTEROCOCCUS RESISTENTES EN GRANJAS DE GANADO BOVINO DE LECHE DEL PAÍS VASCO: CONCENTRACIONES MÍNIMAS INHIBITORIAS Y CARACTERIZACIÓN DE GENOMAS COMPLETOS

Ana Hurtado ¹, Maitane Mugica ¹, Beatriz Oporto ¹, José Luis Lavín ², Medelin Ocejo ¹.

¹(NEIKER - Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Departamento de Sanidad Animal, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Derio, Bizkaia, España)

²(NEIKER - Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Departamento de Matemática Aplicada, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Derio, Bizkaia, España)

Resumen de la comunicación

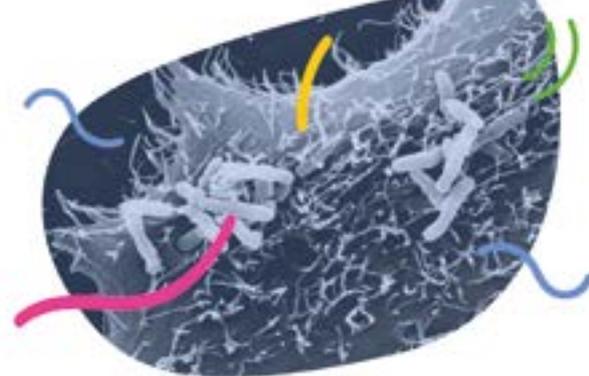
Los enterococos son patógenos oportunistas presentes en la microbiota intestinal de los animales que pueden transmitirse por vía alimentaria a las personas o actuar como reservorio de genes de resistencia (ARG) que pueden diseminarse a otras bacterias. Para estudiar la dinámica de infección y los perfiles de resistencia de los enterococci del ganado bovino lechero, se investigó la presencia de *E. faecalis* (Efs), *E. faecium* (Efm) y *E. lactis* (Ela) en heces de terneras, novillas y vacas en lactación de 5 granjas durante varios muestreos, se determinó la concentración mínima inhibitoria frente a 12 antibióticos de 126 aislados y se secuenciaron 32 genomas usando la tecnología Oxford-Nanopore-ONT. Todos los aislados (44 Efs, 23 Efm, 59 Ela) fueron sensibles a ampicilina, daptomicina, teicoplanina, tigeciclina y vancomicina. Efs mostró diferentes niveles de resistencia a 6 antimicrobianos (tetraciclina, cloranfenicol, eritromicina, linezolid, gentamicina, ciprofloxacino) siendo el 38.6% multirresistentes; Efm y Ela mostraron resistencia únicamente a eritromicina y tetraciclina. ONT permitió la secuenciación completa y circularización de 29/32 cromosomas y 37 plásmidos. Se observó gran diversidad cromosómica (MLST: 10 en Efs, 4 en Efm, 4 en Ela), aunque ocasionalmente se obtuvieron aislados similares en diferentes grupos de edad de una misma granja. Se identificaron 21 ARGs y 2 SNPs asociados a resistencia a 10 clases antimicrobianas, mostrando alta concordancia con la resistencia fenotípica. Veintiún plásmidos (14 Efm, 6 Efs, 1 Ela) de 17 aislados contenían ARGs (2-10 ARGs/plásmido), 12 de ellos multirreplíción. Los ARG adquiridos se localizaron fundamentalmente en plásmidos, siendo tet(M) en Efs la principal excepción. Únicamente 1 Efs presentó todos sus ARGs (n=12) en el cromosoma. La amplia distribución de ARGs plasmídicos incrementa el riesgo de diseminación como demuestra que la única cepa de Ela con varios ARGs los portara en un plásmido muy similar al también detectado en Efm.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Departamento de Desarrollo Económico, Sostenibilidad y Medio Ambiente del Gobierno Vasco (Proyecto URAGAN 21-00012).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#313 PERFILES DE RESISTENCIA EN ENTEROCOCCUS DE ORIGEN ANIMAL DEL PAÍS VASCO

Beatriz Oporto ¹, Maitane Mugica ¹, Medelin Ocejo ¹, José Luis Lavín ², Ana Hurtado ¹.

¹ (NEIKER - Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Departamento de Sanidad Animal, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Derio, Bizkaia, España)

² (NEIKER - Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario, Departamento de Matemática Aplicada, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Derio, Bizkaia, España)

Resumen de la comunicación

Los enterococos resistentes de la microbiota intestinal de los animales pueden ser fuente de infección para la población a través del consumo de alimentos contaminados. Para estudiar su presencia en los distintos sistemas productivos del País Vasco se tomaron muestras de heces/ciego en 3 mataderos que se analizaron en 89 pooles de 5 animales (51 bovino, 8 ovino, 15 porcino, 15 pollos). Tras su siembra en medio selectivo (m-Enterococcus Agar) con y sin vancomicina, se identificaron las especies *E. faecalis* (Efs), *E. faecium* (Efm) y *E. lactis* (Ela) mediante 2 PCRs a tiempo-real^{1,2}. Se determinó la concentración mínima inhibitoria frente a 12 antimicrobianos³ que se interpretó según los puntos de corte epidemiológicos. En el 68.5% de pooles se aisló alguna de las 3 especies de enterococi. En rumiantes y porcino, la especie aislada con mayor frecuencia fue Efm, mientras que en aves Efs fue la más común. No se aisló ninguna de las 3 especies en medio con vancomicina. Los 84 aislados (28 Efs, 37 Efm y 19 Ela) fueron sensibles a ampicilina, daptomicina, gentamicina, linezolid, teicoplanina, tigeciclina y vancomicina. Los aislados de Ela fueron en general pan-susceptibles (84.2%), siendo los valores inferiores en Efs (57.1%) y Efm (59.5%). El 35,7% de los aislados fueron resistentes a algún antibiótico, siendo el porcentaje mayor en aves, seguido de porcino, bovino y ovino. Se observó una baja tasa de resistencia a cloranfenicol (1 Efs de bovino) y ciprofloxacino (1 Efs bovino, 1 Efm ovino), moderada a eritromicina (9,5%) y más alta a tetraciclina (33,3%) fundamentalmente asociada a Efs y Efm aislados de todas las especies animales. Solo 1 Efs de origen bovino fue multirresistente (CHL-CIP-ERY-TET). Aunque no se detectaron resistencias a antibióticos críticos es necesario mantener la vigilancia dada la gran capacidad de transferencia horizontal de genes.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Departamento de Desarrollo Económico, Sostenibilidad y Medio Ambiente del Gobierno Vasco (Proyecto URAGAN 21-00012) y el Departamento de Salud del Gobierno Vasco (Proyecto 2019111038).

Referencias

[1] Maheux y cols. 2011. *Water Research*, 45(6), 2342–2354.

[2] Este estudio.

[3] Decisión de Ejecución (UE) 2020/1729/EU de 17 de noviembre de 2020 relativa a la vigilancia y la notificación de la resistencia a los antimicrobianos de las bacterias zoonóticas y comensales y por la que se deroga la Decisión de Ejecución 2013/652/UE de la Comisión.



#320 PRODUCCIÓN DE CELULOSA POR STARKEYA SP.: CARACTERIZACIÓN DEL POLÍMERO Y ANÁLISIS DE MUTANTES SOBREPDUCTORES

Inés Castillo Rodríguez, Daniel Pacheco Sánchez, Patricia Marín Quero, Rocío Fernández González, Sophie Marie Martirani Von Abercron, Silvia Marqués Martín.

¹ (Estación Experimental del Zaidín - CSIC, Granada, España)

Resumen de la comunicación

En nuestro laboratorio se aisló la cepa *Starkeya* sp. STN1B productora de celulosa (1), que presenta, además, una gran diversidad metabólica. A partir de STN1B se identificó un mutante espontáneo, STN1A, con una capacidad muy aumentada de producir celulosa. Hemos comparado las propiedades de la celulosa producida por ambas cepas; análisis de ATR-FTIR, TGA, AFM, XRD y SEM confirman que se trata de celulosa de tipo I, con un diámetro de fibra de 47 ± 4 nm, un índice de cristalinidad del 40% y una T_{max} de 364 °C para ambas cepas. La comparación del genoma de las cepas muestra que

STN1A presenta una delección de 62 kb, que incluye un clúster rpf modificado compuesto por los genes rpfC, rpfF y un homólogo funcional de rpfG que denominamos rpfL. Este clúster codifica para un sistema de quorum sensing (QS) dependiente de factores de señalización difusibles (autoinductores), con similitudes con el sistema bien caracterizado de *Xanthomonas*. El mutante rpfC de STN1B presenta un fenotipo de sobreproducción de celulosa similar al de STN1A, lo que confirma que la ausencia del clúster rpf es la responsable del fenotipo sobreproductor de la cepa STN1A. Mediante análisis transcriptómico con RNAseq se observa un efecto pleiotrópico del mutante en rpf, ya que el número de genes afectado por la mutación rpfC en STN1B (genes diferencialmente expresados) es muy alto (69.9% de genes). Entre las rutas afectadas se encuentran la síntesis de ribosomas, la biosíntesis de folato, el metabolismo de alanina, aspartato y glutamato, el metabolismo de aminoazúcares y nucleótidos, el metabolismo del nitrógeno y el metabolismo del glutatión. En cambio, entre STN1B rpfC y STN1A solo hay un 15,6% de genes expresados diferencialmente.

Financiación

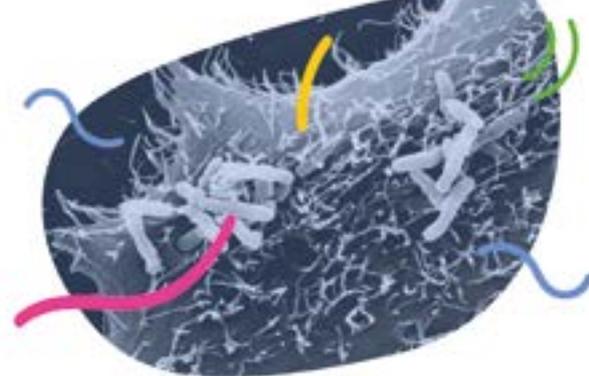
Este trabajo es parte de los proyectos de I+D+i PID2020-113144RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, y PLEC2021-008210 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la "Unión Europea NextGenerationEU/PRTR".

Referencias

(1) Marín P, Martirani-Von Abercron SM, Urbina L, Pacheco-Sánchez D, Castañeda-Cataña MA, Retegi A, Eceiza A, Marqués S. Bacterial nanocellulose production from naphthalene. *Microb Biotechnol*. 2019. 12:662-676. doi: 10.1111/1751-7915.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#328 EXPLORANDO LA DIVERSIDAD DE SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO VI EN PLÁSMIDOS: GENERACIÓN DE UN CATÁLOGO GENÓMICO

María Del Mar Quiñonero Coronel, Sheila González Gutierrez, Fernando De La Cruz, M. Pilar Garcillán Barcia.

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria (UC-CSIC-SODERCAN), Santander, España)

Resumen de la comunicación

Las bacterias disponen de una gran variedad de mecanismos para adaptarse a los diferentes nichos y ambientes. Una de las estrategias de las bacterias Gram-negativas es el Sistema de Secreción Tipo VI (T6SS), que permite inyectar efectores de una manera dependiente de contacto a otras células, tanto procariontas como eucariotas; destacando su relevancia en comunidades microbianas y procesos de patogenicidad y virulencia. Hemos analizado la base de datos NCBI RefSeq para detectar componentes del T6SS tanto en cromosomas bacterianos como plásmidos, evaluando su abundancia y distribución; así como las dinámicas de este sistema entre ambas plataformas genómicas. La diversidad de los T6SSs se estudió mediante la reconstrucción filogenética de uno de los componentes identificados, TssC, siendo el subtipo i el más abundante. Los plásmidos con T6SS fueron asignados a su correspondiente Unidad Taxonómica Plasmídica (PTU), estudiando su potencial de movilización y posibles rutas de diseminación a través de los diferentes grupos bacterianos. La caracterización funcional de cada una de estas PTUs apunta a una posible especialización para los T6SS+ plásmidos dentro de su PTU. De este modo, este análisis genómico permite generar un catálogo de T6SSs codificados en plásmidos, proporcionando información sobre la diversidad y abundancia de los diferentes grupos filogenéticos detectados, su ecología en plásmidos y especies bacterianas, así como los mecanismos implicados en la incorporación de estos sistemas en plásmidos.

Financiación

Ministerio de Universidades (FPU20/04579); Ministerio de Ciencia e Innovación (Proyecto PID2020-117923GB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033)



#332 SI SÍ NO Y SI NO SÍ: USO DE LA MOVILIDAD PLASMÍDICA PARA IMPLEMENTAR LA NEGACIÓN LÓGICA EN BIOLOGÍA SINTÉTICA

Daniel Garcia Lopez, Sheila Gonzalez Gutierrez, Arancha Peñil Celis, Fernando De La Cruz , M. Pilar Garcillan Barcia.

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria (UC-CSIC-SODERCAN), Santander, España)

Resumen de la comunicación

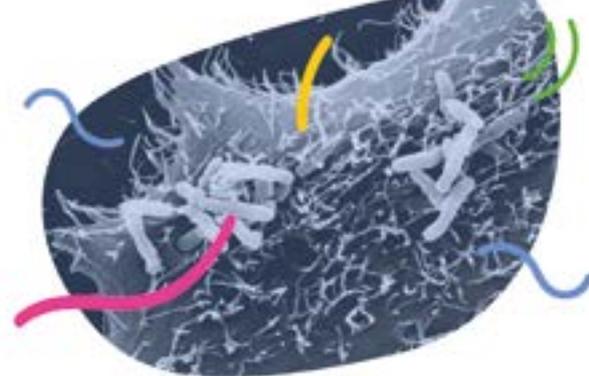
Uno de los principales objetivos de la Biología Sintética es la obtención de organismos con comportamientos altamente programables, racionales y robustos. Con este fin, se han desarrollado numerosos circuitos genéticos que se componen, a su vez, por puertas lógicas. Estas últimas se definen por la propiedad de recibir señales -inputs- y solo producir efectos -outputs- cuando se dan unas determinadas condiciones previamente establecidas. Sin embargo, los elementos hasta ahora publicados no están exentos de inconvenientes, tales como inespecificidad, retroactividad, escasa ortogonalidad o carga metabólica excesiva. Como alternativa a los circuitos convencionales y con el objetivo de evitar estos problemas, proponemos el uso de plásmidos para la construcción de puertas lógicas útiles en biocomputación distribuida. En este trabajo diseñamos la arquitectura de puertas lógicas NOT, aquellas que permiten implementar la negación lógica, basándonos en la estrategia plasmídica "inhibición de la fertilidad". Hemos evaluado diferentes promotores inducibles, replicones y genes de inhibición de la fertilidad. Asimismo, hemos estudiado el efecto de diferentes parámetros del protocolo sobre su rendimiento y proponemos varias estrategias que permiten modular el rango dinámico para poder adaptar el sistema a cualquier promotor que se quiera emplear. Pese a la dificultad de construir puertas lógicas NOT por su naturaleza no-monotónica, hemos conseguido el mayor rango dinámico reportado, superior a 3-log. Se confirma así el potencial de las puertas lógicas basadas en plásmidos, las cuales podrían formar parte de circuitos más complejos con aplicaciones en biodetección, ingeniería metabólica o ingeniería del microbioma, entre otros.

Financiación

Ministerio de Universidades (FPU21/05415); Ministerio de Ciencia e Innovación (proyecto PID2020-117923GB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#334 EL MOVILOMA DE CIANOBACTERIAS

Antonio Mesa Galán.

¹ (IBBTEC (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria), Santander, España)

Resumen de la comunicación

Las cianobacterias son microorganismos fotosintéticos capaces de fijar nitrógeno y CO₂ atmosféricos. Estas características confieren a este phylum un amplio potencial, no solo a nivel industrial en la producción de numerosos compuestos de interés, sino también en la lucha contra el cambio climático. No obstante, aún se requiere del desarrollo de nuevas herramientas genéticas para mejorar a estos organismos como chasis para aplicaciones biotecnológicas. Los elementos móviles, especialmente los plásmidos, juegan un papel destacable en la evolución bacteriana y suponen una de las principales fuentes de herramientas biotecnológicas. Este trabajo explora el moviloma del phylum Cyanobacteria, evaluando las relaciones entre genomas, caracterizando su pangenoma y los elementos distintivos entre plásmidos y cromosomas. Utilizando herramientas bioinformáticas identificamos funcionalidades compartidas entre elementos móviles plasmídicos y cromosómicos, prestando especial importancia a los elementos involucrados en la transferencia de material genético. Este trabajo revela una enorme diversidad de elementos móviles en cianobacterias y una considerable especialización en función del huésped, manteniendo, a su vez, una amplia y dispersa distribución de características y funciones.

Financiación

Financiado por el proyecto PID2020-117923GB-I00 (Ministerio de Ciencia e Innovación MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y el FSE+) y por el proyecto Novel Bacterial Polymers: Exploiting the Green Commons (BACTOPOL). Proyecto de Transición Ecológica y Transición Digital del Plan Estatal de Investigación Científica, referencia: TED2021-129640B-I00.



#342 LA RESPUESTA TRANSCRIPTÓMICA DE LA CIANOBACTERIA SYNECHOCOCCUS ELONGATUS PCC7942 REVELA MECANISMOS CONVERGENTES DE ADAPTACIÓN A AMBIENTES DE LUZ INTENSA

Alfonso Mendaña ¹, María Santos-Merino ^{1,2}, Raquel Gutiérrez-Lanza ¹, Ana González-Guerra ¹, Marina Domínguez-Quintero ¹, Juan Manuel Medina ¹, Victor Campa ¹, Didier Mazel ³, Fernando De La Cruz ¹, Raúl Fernández-López ¹.

¹ (IBBTEC-Universidad de Cantabria, Santander, España)

² (Michigan State University, East Lansing, Estados Unidos)

³ (Institut Pasteur, Paris, Francia)

Resumen de la comunicación

La cianobacteria modelo para el estudio del ciclo circadiano *Synechococcus elongatus* PCC7942 (Synel PCC7942) es un organismo fotoautótrofo estricto con una velocidad de crecimiento muy variable y dependiente de las condiciones ambientales. Un aumento de la intensidad de la luz mejora el rendimiento fotosintético, pero tiene como contrapartida la generación de daño fotooxidativo, que resulta perjudicial para el crecimiento de la bacteria. Como en otras cianobacterias, Synel PCC7942 responde a incrementos transitorios en la intensidad de luz activando la expresión de una serie de genes de respuesta a luz alta (HLR, High Light Response genes). Analizando el transcriptoma de la cianobacteria a distintas intensidades de luz, en este trabajo mostramos que, además de la activación de los genes HLR, el crecimiento en condiciones de alta intensidad lumínica produce un cambio en la expresión de los factores sigma vinculados al ciclo circadiano.

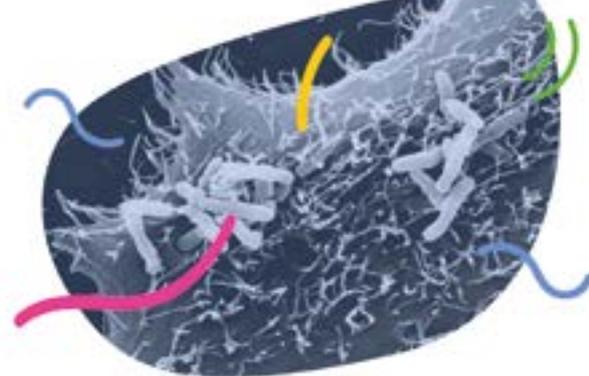
Esta respuesta transcripcional se encontró constitutivamente inducida en C11 y Synel UTEX2973, dos cepas de alta velocidad de crecimiento y tolerancia a luz intensa, a pesar de que ambas cepas no presentan mutaciones en común. Nuestros resultados demuestran un mecanismo convergente para la adaptación de la cianobacteria al crecimiento en condiciones de alto estrés lumínico. Este mecanismo permite por tanto la generación de cepas de alta productividad, claves para convertir a esta cianobacteria en un chasis fotoautotrófico adecuado para el desarrollo de una biotecnología verde.

Financiación

ENGINEERING SYNECHOCOCCUS FOR CO₂ AND LIGHT-DRIVEN BIOECONOMY Proyecto TED2021-130689B-C31 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033 y por la Unión Europea BIOLOGÍA DE SISTEMAS DE LA SEÑALIZACIÓN EN MICROORGANISMOS. Proyecto PID2019-110216GB-I00 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#358 EFECTO DE VARIACIONES EN LA INTENSIDAD LUMÍNICA EN EL CICLO CIRCADIANO DE SYNECHOCOCCUS ELONGATUS PCC7942

Marina Domínguez-Quintero , Alfonso Mendaña , Raquel Gutiérrez-Lanza , Ana González-Guerra , Juan Manuel Medina , Víctor Campa , Fernando De La Cruz , Raúl Fernández-López.

¹ (IBBTEC (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria), Santander, España)

Resumen de la comunicación

Sometidos a las continuas oscilaciones ambientales causadas por la sucesión día y noche, los organismos vivos han desarrollado mecanismos de anticipación basados en ciclos circadianos. Se trata de un mecanismo rítmico de regulación endógena que es capaz de sincronizarse con la hora solar. Así, los organismos adaptan su fisiología a los ciclos de luz y oscuridad. La cianobacteria *Synechococcus elongatus* (Synel PCC7942) es un modelo clásico de regulación circadiana. En *Synechococcus*, el 70% del genoma está regulado por el ritmo circadiano, que controla todos los aspectos fundamentales de la fisiología, desde el metabolismo hasta la división celular. Una parte de los genes de la bacteria, denominados genes de clase I, aumentan sus niveles de expresión durante el día, alcanzando un pico al anochecer. Un segundo grupo de genes, denominados de clase II, incrementan sus niveles de expresión durante la noche, alcanzando un máximo al amanecer. La función fisiológica de esta división en la expresión del genoma no es del todo conocida, pero se supone que está relacionada con la regulación de las necesidades metabólicas y el estrés oxidativo en las fases de luz y oscuridad. En este trabajo mostramos, sin embargo, que esta división en la expresión de los genes es contingente a la intensidad lumínica experimentada durante el día. Análisis transcriptómicos y de microscopía de fluorescencia revelaron que días con alta intensidad lumínica producen una profunda reorganización del ciclo. Altas intensidades de luz causaron un cambio de fase en la práctica totalidad de los genes de clase II, y modificaron la amplitud de una gran proporción de los genes de clase I. Nuestros resultados demuestran que la función del ciclo va más allá de las necesidades metabólicas durante las fases de luz y oscuridad, y podría estar relacionada con la modulación de la sensibilidad celular a la intensidad luminosa.

Financiación

ENGINEERING SYNECHOCOCCUS FOR AND CO2 AND LIGHT-DRIVEN BIOECONOMY Proyecto TED2021-130689B-C31 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033 y por la Unión Europea BIOLOGÍA DE SISTEMAS DE LA SEÑALIZACIÓN EN MICROORGANISMOS. Proyecto PID2019-110216GB-I00 financiado por MCIN/ AEI /10.13039/501100011033



#360 INTRODUCCIÓN IN VIVO DE PROTEÍNAS DE EDICIÓN GENÉTICA MEDIANTE FUSIÓN A RELAXASAS CONJUGATIVAS

Andrea Fernández Gómez, Dolores Lucía Guzmán Herrador, Matxalen Llosa Blas.

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria - Universidad de Cantabria, Santander, España)

Resumen de la comunicación

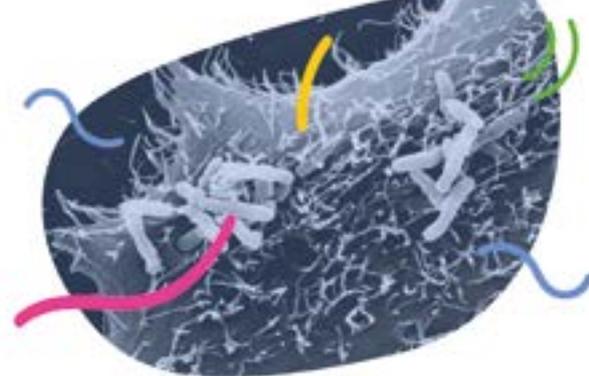
Las herramientas CRISPR-Cas han revolucionado la edición genética debido a su simplicidad y eficiencia, ya que permiten realizar cortes precisos, guiados por un ARN guía, en una secuencia de ADN. Desde su descubrimiento se han desarrollado variantes del sistema que han ampliado sus posibilidades de uso, como los editores de bases, que permiten llevar a cabo sustituciones específicas de bases sin un corte previo del ADN, ya que están formados por la fusión de una proteína Cas catalíticamente inactiva con una citidina o adenina desaminasa.

Aunque los sistemas CRISPR ya han sido utilizados en bacterias, la introducción in vivo de sus componentes (proteína Cas y ARN guía) sigue suponiendo una limitación. El envío de la proteína en lugar de su correspondiente gen evita la necesidad de transcripción en el organismo receptor, problemas de actividad off-target y toxicidad. Por tanto, nosotros proponemos el uso de la conjugación bacteriana como alternativa, ya que permite el envío de complejos nucleoproteicos (relaxasa-ADN) a un amplio rango de organismos.

Previamente en nuestro laboratorio se generó una proteína de fusión Cas12a-relaxasa TrwC. Se demostró que la fusión es activa, y puede ser traslocada a una bacteria receptora a través del canal conjugativo, donde recupera su actividad nucleasa. Actualmente estamos probando un diseño homólogo sustituyendo TrwC por MobA, que tiene capacidad de ser traslocada a un mayor rango de especies. Paralelamente, hemos generado fusiones entre TrwC o MobA y un editor de bases citidina desaminasa-dCas12a. Hemos comprobado que pueden ser traslocadas a una bacteria receptora, manteniendo su capacidad de edición cuando se expresan ARN guías contra el gen lacZ, codificado en el cromosoma, o contra un gen de resistencia a eritromicina codificado en un plásmido. Esperamos que estos sistemas nos permitan modificar bacterias de interés y difícil manipulación, como estirpes silvestres de bacterias del ácido láctico.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#364 CARACTERIZACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE CLONES PROCEDENTES DE METAGENOTECAS DE ADN AMBIENTAL

Luis Andreo Andreu^{1,2}, Cynthia Alías Villegas^{1,2}, Sebastián Acosta Jurado^{1,2}, Alejandro Díaz Moscoso¹, Amando Flores Díaz^{1,2}, Eva María Camacho Fernández^{1,2}.

¹(Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, Sevilla, España)

²(Universidad Pablo de Olavide, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

La expansión de los mecanismos de resistencia a antibióticos entre las bacterias patógenas está dando lugar a bacterias multirresistentes que, sumado al bajo número de nuevos antimicrobianos (AM) desarrollados cada año, supone un grave problema de salud pública.

La mayoría de los antibióticos actuales derivan de antimicrobianos naturales producidos por bacterias, pero sólo una minoría de éstas son cultivables. La metagenómica funcional, es decir, la expresión heteróloga del ADN ambiental en una bacteria hospedadora y la posterior detección de un determinado fenotipo, nos permite acceder al ADN ambiental directamente sin necesidad de cultivar el microorganismo del que procede. En nuestro laboratorio disponemos de estirpes especializadas que aumentan las posibilidades de expresar el ADN metagenómico y de varias metagenotecas procedentes de distintos ambientes^{1,2}. En los escrutinios realizados se aislaron varios clones con actividad antimicrobiana frente a *Micrococcus luteus* y frente a *Staphylococcus aureus* resistente a metilicina (MRSA), uno de los patógenos prioritarios para las instituciones sanitarias. Tres de los clones, dos procedentes de una metagenoteca de un parque natural y otro de una refinería, codifican proteínas con alta similitud a los componentes de una fenol hidroxilasa. Se han puesto a punto las condiciones de producción del antimicrobiano en los 3 clones tanto en cultivos en medio mínimo como en medio rico. Los análisis por cromatografía líquida y espectrometría de masas de los extractos de cultivos y la comparación de los resultados con bases de datos de antimicrobianos indica que debe tratarse de un nuevo antimicrobiano y que los 3 clones parecen producir el mismo compuesto. Además, se han caracterizado otras propiedades del compuesto antimicrobiano como su termoestabilidad o sus concentraciones mínimas inhibitorias y bactericidas. Actualmente, se están fraccionando los extractos por cromatografía para purificar e identificar la molécula que presenta la actividad antimicrobiana.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER) y por la Consejería de Economía, Conocimiento, Empresas y Universidad, de la Junta de Andalucía, en marco del programa operativo FEDER Andalucía 2014-2020. UPO-1380700

Referencias

1. Terrón-González L, Martín-Cabello G, Ferrer M, Santero E. Functional Metagenomics of a Biostimulated Petroleum-Contaminated Soil Reveals an Extraordinary Diversity of Extradiol Dioxygenases. *Parasites RE, ed. Applied and Environmental Microbiology*. 2016;82(8):2467-2478. doi:10.1128/AEM.03811-15
2. Terrón-González L, Medina C, Limón-Mortés MC, Santero E. Heterologous viral expression systems in fosmid vectors increase the functional analysis potential of metagenomic libraries. *Scientific Reports*. 2013;3(1):1107. doi:10.1038/srep01107



#367 RESPUESTA HUMORAL Y CELULAR CONTRA EL SARS-COV-2 EN PACIENTES INMUNOCOMPROMETIDOS DE ALTO RIESGO

Inés Del Ramo Torreblanca¹, Juan Juaneda ², Carmen Lloret Sos², Héctor Martínez Morel², Sergio Fernández Martínez², María Del Carmen Meyer García², Beatriz Jávega Martínez³, Alba Ruiz Gaitán².

¹(Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, Valencia, España)

²(Hospital Universitario y Politécnico La Fe, Valencia, España)

³(Universitat de València, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Introducción:

La inmunosupresión se ha identificado como factor de riesgo importante para el desarrollo de COVID-19 grave. Se considera que el desarrollo de anticuerpos IgG contra SARS-CoV-2 y una respuesta positiva de células T proporciona inmunidad protectora contra la enfermedad grave. La determinación de parámetros relacionados con la respuesta humoral y celular es útil para caracterizar los resultados de la vacunación en poblaciones específicas. El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta inmunitaria humoral y celular después de la vacunación en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo a través de la cuantificación de anticuerpos séricos y la medición de la liberación de interferón (IFN)-gamma después de la estimulación de los linfocitos T in vitro.

Métodos:

Se realizó un estudio observacional con 51 pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo, que habían completado la primovacunación frente a SARS-CoV-2 con vacunas basadas en ARNm, y adicionalmente habían recibido al menos una dosis de refuerzo. Se determinó la respuesta celular específica mediante QuantiFERON, QiagenR y se evaluó la producción de anticuerpos anti-Spike para determinar la capacidad de generar una respuesta humoral. Las muestras de sangre periférica se obtuvieron 12 meses después de la vacunación.

Resultados:

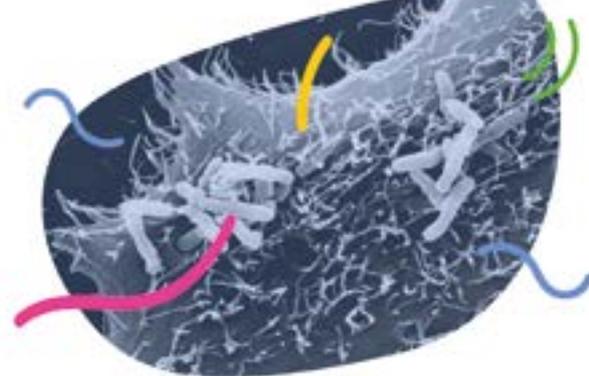
Después de 12 meses de vacunación, solo el 14,81% (8/51) de los pacientes presentaron una baja respuesta de IgG (<260 BAU/mL). Se detectó la liberación de interferón gamma (IFN-γ) por parte de las células T en el 50% (4/8) de los sujetos seronegativos. El AUC ROC fue de 0,63, lo que indica una capacidad moderada de la prueba para discriminar entre pacientes con y sin inmunidad inducida por la vacuna.

Conclusiones:

Los resultados demuestran la importancia de determinar la liberación de interferón gamma (IFN-γ) por parte de las células T para monitorizar la respuesta inmunitaria en el contexto de la vacunación contra COVID-19 en poblaciones especiales.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#375 INVESTIGANDO EL PAPEL DE TAGK, UNA PROTEÍNA DEL T6SS DE SALMONELLA DE FUNCIÓN DESCONOCIDA &NBSP;

Joaquín Bernal Bayard, Laura Martín Jiménez, Adrián Ruiz Camas, Patricia Bernal Guzmán.

¹(Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Los sistemas de secreción de tipo 6 (T6SS) son unas nanomáquinas bacterianas utilizadas para inyectar efectores (toxinas) en huéspedes eucariotas y/u otras bacterias, considerándose una potente arma antimicrobiana. Desde el punto de vista estructural, el T6SS es una máquina multiproteica ensamblada en la envoltura celular que incluye un complejo de membrana (TssJLM), una placa base (TssKEFG) y una cola cuyo ensamblaje esta orquestado por TssA. La cola contiene un tubo interno (Hcp) que termina en una punta formada por las proteínas VgrG y PAAR y está rodeada por una vaina contráctil (TssBC). La contracción de la vaina permite la eyección del tubo interno y con ello la secreción de los efectores acoplados a las proteínas Hcp, VgrG y PAAR. Los componentes de la vaina son reciclados por la ATPasa ClpV. A pesar de que la estructura de los T6SS está muy conservada, algunos clústeres presentan proteínas accesorias involucradas, entre otras actividades, en la regulación o la dinámica de estos sistemas. *Salmonella Typhimurium* contiene un clúster T6SS que incluye los 13 genes necesarios para ensamblar un T6SS funcional además de algunos componentes accesorios, entre ellos TagK, una proteína de función desconocida. Para dilucidar qué papel juega esta proteína, hemos determinado la red de interacciones que se da entre TagK y el resto de componentes del complejo, mediante el sistema del doble híbrido bacteriano. Nuestros resultados muestran que TagK, además de interactuar consigo mismo, se une a varios elementos estructurales del T6SS, como TssL, TssC, Hcp1 y TssA. Por otro lado, hemos observado interacciones con ClpV, así como con TagF, un represor que actúa a nivel postraduccional. Nuestros resultados indican que TagK interactúa con elementos tanto estructurales como reguladores del complejo y, por tanto, podría tener un papel clave tanto en el ensamblaje, como en la regulación del mismo.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación – Agencia Estatal de Investigación/10.13039/501100011033 (ref. PID2019-106132RB-I00), un contrato Marie Skłodowska-Curie (ref No 842629) del programa de la Unión Europea para la investigación y la innovación Horizonte 2020. Además de por un Proyecto Generación de Conocimiento 2021, PID2021-123000OB-I002020 y un contrato RYC2019-026551-I de PB.



#376 ENSAYOS DE INHIBICIÓN IN SITU DE BETA-LACTAMASAS RECOMBINANTES

Paloma Pilar Osset Trénor, María Desamparados Pascual-Ahuir Giner.

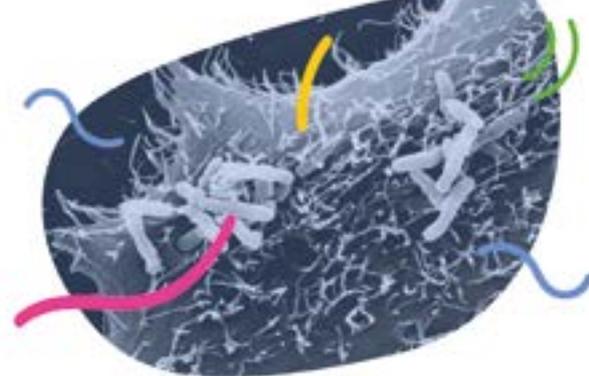
¹ (Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (UPV-CSIC), Valencia, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a los antibióticos y la escasez de tratamientos disponibles es uno de los mayores desafíos de salud pública a nivel mundial. Según la Organización Mundial de la Salud, 700.000 personas mueren cada año por este motivo y se estima que, en 2050, esta cifra podría crecer hasta 10 millones, número similar al de muertes por cáncer en 2020 en el mundo. Las β -lactamasas son responsables de la mayoría de las resistencias hospitalarias, y desde hace décadas la investigación se ha centrado en la inhibición de estas enzimas que son capaces de destruir antibióticos con una gran eficiencia. Disponer de ensayos cuantitativos de inhibición de β -lactamasas "in situ", es necesario para el descubrimiento y desarrollo de nuevos fármacos. En nuestro grupo hemos desarrollado una nueva metodología basada en la construcción sintética de versiones no transmisibles de β -lactamasas. Estas versiones mantienen la actividad enzimática original, y su expresión está dirigida al espacio periplásmico de *E. coli* de forma controlada, pero no contienen ninguna homología reconocible con la secuencia patogénica. El ensayo permite comparar la inhibición de diferentes versiones de β -lactamasas frente a distintos fármacos en un escenario similar al natural, pero en condiciones más controladas, lo que facilita la cuantificación y análisis enzimático.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#393 LAS REDES DE PANGENOMAS COMO HERRAMIENTA CLAVE PARA MEJORAR LA RESOLUCIÓN EN EL ANÁLISIS DE BROTES DE SALMONELLA TYPHI

Arancha Peñil Celis¹, Kaitlin A Tagg², Hattie E Webb², Santiago Redondo Salvo³, Luis Vielva⁴, Chelsey Griffin², Justin Y Kim², Jason P Folster², M Pilar Garcillan Barcia¹, Fernando De La Cruz¹.

¹(Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, Santander, España)

²(Division of Foodborne, Waterborne, and Environmental Diseases, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Estados Unidos)

³(Biomar Microbial Technologies, León, España)

⁴(Departamento de Ingeniería de las Comunicaciones, Universidad de Cantabria, Santander, España)

Resumen de la comunicación

Los sistemas de salud pública de vigilancia genómica de brotes producidos por bacterias infecciosas tradicionalmente se han enfocado en medir la relación entre genomas utilizando solo loci cromosómicos, es decir, utilizan una aproximación de evolución vertical u homología por descendencia. Sin embargo, el genoma accesorio de las bacterias es muy relevante para explicar los fenómenos evolutivos recientes. Por tanto, la medición de la homología en el genoma accesorio (homología por mezcla) podría ofrecer información epidemiológica molecular relevante. En este estudio aplicamos el Índice Jaccard (JI) y su visualización en una red para analizar la relación del pangenoma de *Salmonella enterica* serotipo Typhi (Typhi). El análisis de red JI representa gráficamente tanto la homología por descendencia como la homología por mezcla y complementa los métodos filogenéticos existentes al ofrecer una dimensión molecular adicional para serotipos clonales como Typhi. Estos hallazgos tienen implicaciones importantes para la salud pública, ya que permiten una mejor resolución de las diferencias genómicas que resultan aplicables a la detección e investigación de brotes y el rastreo de cepas emergentes resistentes a los antibióticos. Este enfoque multidimensional nos proporciona una visión más amplia y compleja para entender la evolución de los patógenos.

Financiación

Spanish Ministry of Science and Innovation (Project PID2020-117923GB-I00 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033)



#401 ANÁLISIS GENÉTICOS DE LA RESISTENCIA FRENTE A B-LACTÁMICOS EN AISLADOS INVASIVOS DE STREPTOCOCCUS SUIS

Cristina Uruén García¹, Clara Marín Alcalá², Jesús Arenas Busto¹.

¹(Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza, España)

²(Departamento de Ciencia Animal, CITA, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

Streptococcus suis es una bacteria Gram positiva comensal en el tracto respiratorio superior de los cerdos, pero es también un microorganismo patógeno, el cual causa endocarditis, artritis, y meningitis (enfermedad estreptocócica porcina). Se le considera una de las principales causas de mortalidad en la producción porcina, generando importantes pérdidas económicas a nivel global. Su principal tratamiento es mediante antibióticos β -lactámicos.

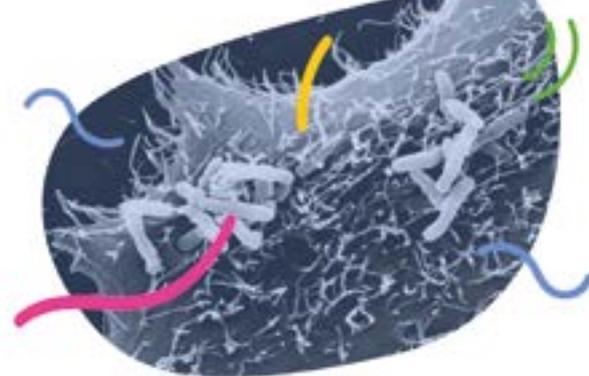
Previamente analizamos la resistencia a 6 β -lactámicos (Amoxicilina, Amoxicilina / Ácido Clavulánico, Ampicilina, Cefquinoma, Ceftiofur y Penicilina G) de 116 aislados invasivos de *S. suis* aislados en España. Los antibióticos testados mostraron tasas de resistencia inferiores al 3%, excepto la Penicilina G, en la que se obtuvieron resistencias en un 33% de los aislados. En este estudio, se analizó el origen genético de la resistencia a la Penicilina G en 19 aislados de diferentes linajes genéticos. Para ello, se secuenciaron los genes *pbp1a*, *pbp2b*, *pbp2x* y *mraY* de estos aislados, y se compararon con los de la cepa de referencia P1/7, sensible a β -lactámicos. Las cepas resistentes mostraron una mayor variabilidad en la secuencia aminoacídica de PBP2X, PBP2b y *MraY* (2,6 – 6,6%) respecto a las sensibles (0,1 – 1%) ($p < 0,05$). Aunque en la PBP1a también se observó una variabilidad aminoacídica de 0,7% y 0,9% en aislados sensibles y resistentes, respectivamente, la diferencia no fue significativa. La relación entre sustituciones no sinónimas y sinónimas del gen *pbp1a* fue 0,13, superior al resto de genes (0,04 – 0,08), indicando que este gen es el menos conservado. Análisis bioinformáticos mostraron evidencias de recombinación en varios genes, tales como *pbp1a* y *pbp2b*. Estos resultados confirman la importancia de las proteínas de unión a las penicilinas y *MraY* en la generación de antibiorresistencias a β -lactámicos en *S. suis*, y sugiere que su origen puede ser causado por transferencia genética horizontal.

Financiación

Este estudio fue financiado por el proyecto TRANSIT (Ref. LMP58_21) de I+D+i de la Dirección General de Aragón.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#404 CARACTERIZACION DEL SISTEMA DE REGULACION PETR/P EN CIANOBACTERIAS

Luis G Heredia Martínez, Encarnación Díaz Santos, Carmen Pérez Nieto, Mercedes Roncel Gil, Manuel Hervas Moron, José María Ortega Rodríguez, José A Navarro Carruesco, Luis López Maury.

¹ (IBVF- Universidad de Sevilla-CSIC, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

Tras el Gran Evento de Oxidación (GOE), la disponibilidad de hierro se redujo considerablemente y los organismos fotosintéticos desarrollaron varias proteínas alternativas. Una de estas proteínas es la plastocianina, una proteína azul-cobre de tipo I capaz de reemplazar al citocromo C6 como transportador de electrones soluble entre el citocromob6f y el PSI. En la mayoría de las cianobacterias, la expresión de estas dos proteínas alternativas está regulada por la disponibilidad de cobre, pero se desconoce el sistema regulador. Aquí proporcionamos evidencia de que el sistema regulador está compuesto por un factor de transcripción de la familia Blal/CopY (llamado PetR) y una proteasa de membrana BlaR (llamada PetP). PetR reprime la expresión de *petE* (plastocianina) y activa *petJ* (citocromo C6), mientras que PetP controla los niveles de PetR in vivo. Utilizando extractos de células enteras demostramos que la degradación de PetR requiere la presencia tanto de PetP como de cobre. El análisis transcriptómico ha revelado que el sistema PetRP regula solo 4 genes (*petE*, *petJ*, *slr0601* y *slr0602*) destacando su especificidad. Además, la presencia de *petE* y *petRP* en cianobacterias de ramificación temprana indica que la adquisición de estos genes podría haber sido una adaptación temprana a la reducción de la biodisponibilidad de hierro después de GOE. Se presentarán nuevos datos sobre cómo se detecta el cobre y cómo el sistema PetRP transduce la señal. Además, también presentaremos evidencia de la función de este sistema en *Anabaena* sp. PCC 7120.

Financiación

PID2020-112645GB-I00

Hipervínculo

<https://www.ibvf.us-csic.es/en/response-metals-stress-photosynthetic-microorganisms>



#408 NUEVAS HERRAMIENTAS GENÉTICAS EN CIANOBACTERIAS

Carmen Pérez Nieto, Encarnación Díaz Santos, Luis G Heredia Martínez, Mercedes Roncel Gil, José María Ortega Rodríguez, Manuel Hervas Morón, José A Navarro Carruesco, Luis López Maury.

¹ (IBVF- Universidad de Sevilla-CSIC, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

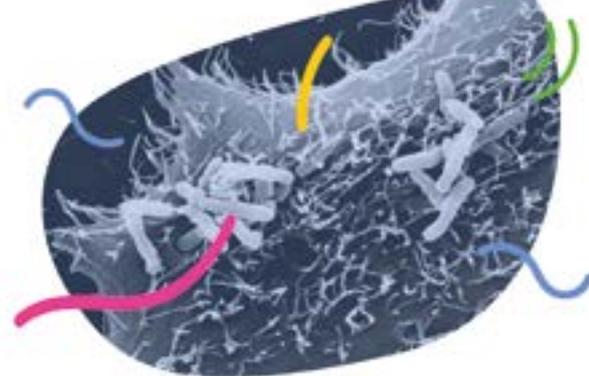
El uso de cianobacterias como biofactorías para la producción de numerosos compuestos de interés (biocombustibles, bioplásticos ya que estas aúnan la captura y eliminación de CO₂ con la bioproducción de una forma respetuosa con el medio ambiente. Sin embargo, aunque las cianobacterias se manipulan genéticamente con facilidad, existen pocas herramientas genéticas desarrolladas y, en algunos casos, las modificaciones necesarias para la ingeniería metabólica se ven limitadas por este motivo. Estamos desarrollando y optimizando nuevas herramientas de manipulación genética en cianobacterias utilizando librerías de transposones con códigos de barras, plásmidos replicativos, sistemas de edición basados en CRISPR y nuevos sistemas de selección positiva y negativa específicos para estos organismos. Presentaremos los resultados mas prometedores, así como los problemas encontrados en la aplicación de sistemas que se utilizan en otras bacterias.

Financiación

TED2021-129165B-I00

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#417 LA DISPONIBILIDAD DE GLUTAMINA REGULA DIFERENTEMENTE LA FORMACIÓN DE BIOFILMS EN STREPTOCOCCUS SUIS

Carla García López^{1,2}, Paula Jurado Romero^{1,2}, Luis Saralegui Remón^{1,2}, Cristina Uruén García^{1,2}, Camila Bosch Díaz^{1,2}, Clara Marín Alcalá^{3,2}, Jesús Arenas Busto^{1,2}.

¹(Unidad de Microbiología e Inmunología, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España)

²(Instituto Universitario de Investigación Mixto Agroalimentario de Aragón, Zaragoza, España)

³(Departamento de Ciencia Animal, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

Streptococcus suis es un importante patógeno porcino y agente zoonótico que impacta seriamente en la industria porcina y la salud humana a nivel mundial. Su capacidad de asociarse formando biofilms contribuye a su virulencia y le confiere tolerancia y resistencia a antibióticos. Una mejor comprensión del proceso de formación de biofilm y de su regulación puede ser de interés para la prevención y el tratamiento de las infecciones causadas por este microorganismo.

S. suis es auxotrófico para arginina, glutamina, histidina, leucina y triptófano, y por tanto su biodisponibilidad es esencial para el crecimiento de la bacteria. En este trabajo se evaluó si la disponibilidad de glutamina interfiere en la formación de biofilms. Para ello, la cepa de referencia de *S. suis* P1/7 y cuatro cepas invasivas (Ss_45, Ss_53, Ss_72 y Ss_106) aisladas de cerdos enfermos y pertenecientes a los serogrupos 2, 4, 2 y 9 respectivamente, fueron crecidas en medio comercial TSB o en medio definido con diferentes concentraciones de glutamina. Posteriormente, se analizó la formación de biofilm sobre sustratos abióticos a las 4, 24 y 48 horas. Las cepas mostraron diferente capacidad de formar biofilm en medio TSB. La reducción en la concentración de glutamina en el medio de cultivo definido alteró significativamente la producción de biomasa del biofilm en las cepas. Para valorarlo, se generaron mutantes, mediante mutagénesis dirigida, en dos genes que codifican para posibles transportadores de glutamina. Análisis mediante Western blotting mostraron que ambos transportadores son producidos por todas las cepas de estudio y no en los mutantes. Los mutantes produjeron una biomasa del biofilm significativamente alterada respecto a la correspondiente cepa salvaje, acorde a los datos obtenidos en medio definido. En su conjunto, estos resultados muestran que la disponibilidad de glutamina regula la formación de biofilms en *S. suis* de forma dependiente de cepa.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por el proyecto ABC-VACCINES de AEI PID2020-114617RB-100, enmarcado en el programa Retos de Investigación 2020.



#427 ESPECIFICIDADES DEL PLASMIDOMA DE LA FAMILIA ERWINIACEAE

Santiago Redondo-Salvo ^{1,2}, Irene Sanz Puente¹, Marta Robledo Garrido^{1,2}, M. Pilar Gracillán-Barcia ¹, Fernando De La Cruz ¹.

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria (CSIC-UC), Santander, España)

² (Biomar Microbial Technologies, León, España)

Resumen de la comunicación

El concepto de Unidad Taxonómica Plasmídica (PTU) permite la comparación del plasmidoma de diferentes grupos bacterianos para obtener información acerca de su contribución al hospedador. En este trabajo se describe el contenido plasmídico de la familia taxonómica Erwiniaceae, compuesta por bacterias altamente especializadas en su interacción con plantas, ya sean fitopatógenos o endosimbiontes de insectos asociados a plantas. El plasmidoma de Erwiniaceae contiene 258 plásmidos (datos de RefSeq v200), de los cuales un 53% pertenecen a una de las 22 PTU existentes en esta familia. Las capacidades conjugativas, el rango mínimo de hospedador, y el proteoma de las PTUs más relevantes se comparan con el plasmidoma de la familia Enterobacteriaceae, presente principalmente en el microbioma intestinal de los mamíferos, revelando especificidades relevantes del genoma accesorio de Erwiniaceae.

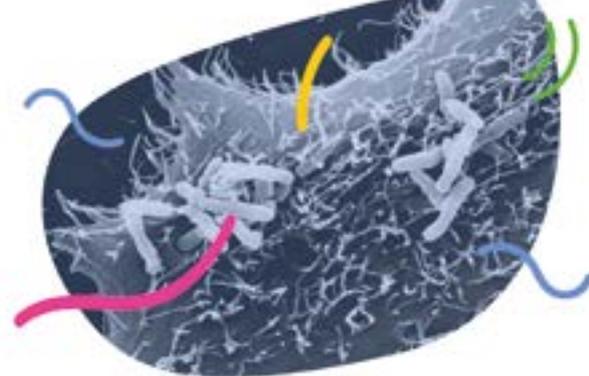
Financiación

Doctorado Industrial (DI-17-09164) financiado por MINECO

Ayuda de la Universidad de Cantabria para el Doctorado Industrial 2018, financiado por el Departamento de Innovación, Industria, Turismo y Comercio de Cantabria y el Banco Santander
Proyecto PID2020- 605117923GB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#428 CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE CEPAS DE ESCHERICHIA COLI MG1655 Y SALMONELLA TYPHIMURIUM LT2 RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS

Natalia Merino Almalé, Daniel Berdejo Martínez, Elisa Pagán Albertos, Rafael Pagán Tomás, Diego García Gonzalo.

¹ (Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

En producción animal, el uso de antibióticos es crucial para mantener la salud y el bienestar animal y garantizar la seguridad alimentaria. Sin embargo, la presión selectiva generada por el uso excesivo de antibióticos ha provocado la aparición de bacterias resistentes a los mismos, ocasionando un grave problema de salud pública. El estudio genómico de estas cepas resistentes permitiría conocer los mecanismos de resistencia frente a los antibióticos. Así, el objetivo de este estudio fue identificar los genes involucrados en la resistencia a amoxicilina y colistina en cepas resistentes de *Escherichia coli* y *Salmonella Typhimurium* obtenidas tras exposiciones prolongadas a concentraciones subinhibitorias de ambos antibióticos.

Se seleccionaron cepas resistentes tras exposición cíclica (20 días) a concentraciones subinhibitorias de amoxicilina y colistina (0.5 x concentración mínima inhibitoria). Concretamente, una cepa de *E. coli* MG1655 resistente a amoxicilina (EcAmox); una cepa de *S. Typhimurium* LT2 resistente a amoxicilina (SeAmox) y otra a colistina (SeCol). Para identificar los genes involucrados en la resistencia a estos antibióticos, se realizó la secuenciación masiva del DNA y se compararon las secuencias de las cepas resistentes con las parentales.

Los resultados permitieron asociar la resistencia a la amoxicilina de EcAmox con una delección en el sitio de unión de una proteína clave en la respuesta SOS frente a los betalactámicos. En cambio, en SeAmox se asoció a una mutación en un gen codificante de una estructura diana de los betalactámicos. En SeCol, la resistencia a la colistina se asoció a mutaciones en genes involucrados en la neutralización de la carga negativa de los lipopolisacáridos de membrana, reduciendo la unión de polimixinas.

En conclusión, este estudio proporciona información sobre los mecanismos genéticos que utilizan las bacterias para desarrollar resistencia a los antibióticos, pudiendo utilizarse esta información para diseñar estrategias de prevención y control de antibiorresistencias en producción animal.

Financiación

Agencia Estatal de Investigación (PID2021-123404NB-I00)



COMUNICACIONES PÓSTER

Docencia y Difusión de la Microbiología

#237 APRENDIZAJE-SERVICIO EN MICROBIOLOGÍA Y SALUD PÚBLICA: CINE EN COMPAÑÍA PARA PREVENIR ENFERMEDADES

Natalia Hernando^{1,2}, Salma El Hsissen³, Jorge Fernández Villalba³, Marta Picos³, Carmen Herrera³, Rosa Del Campo⁴, María José Valderrama⁵.

¹(Departamento de Química Física, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

²(Biofísica Traslacional, Instituto de Investigación Hospital 12 de Octubre (imas12), Madrid, España)

³(Universidad Complutense de Madrid., Madrid, España)

⁴(Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Ramón y Cajal, e Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRYCIS), Madrid, España)

⁵(Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Biología, Universidad Complutense de Madrid., Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Introducción: La metodología Aprendizaje-Servicio (ApS) combina la adquisición de conocimiento, con la atención a necesidades sociales. Los participantes del proyecto detectan necesidades de la comunidad y establecen estrategias docentes acordes con la temática del problema [1]. El presente proyecto está orientado a difundir la Microbiología para prevenir enfermedades infecciosas a personas desfavorecidas o en riesgo de exclusión social. Métodos: En primer lugar, se identifican centros sociales que se pueden beneficiar de la acción, y en nuestro caso fue el Centro Concertado de Atención a las Adicciones (CCAD), de Cáritas Madrid. Después se conformó el equipo con estudiantes de Ciencias y/o Ciencias de la Salud (n=4), doctorando (n=1) y e investigadores (n=1). Se realizaron 4 visitas al centro: 1 para conocer las instalaciones y a la dirección, 2) para conocer las enfermedades infecciosas de interés para los participantes, 3) proyección de una película sobre el tema elegido, y 4) para reforzar los conocimientos adquiridos durante la proyección. Resultados: En la actividad participaron 15 adultos de diferentes edades y antecedentes sanitarios. Tras plantear la actividad, los participantes expresaron la curiosidad en las enfermedades de transmisión sexual, principalmente VIH, y también en las hepatitis. Teniendo en cuenta esta temática, decidimos proyectar la película Bohemian Rhapsody que trata de la historia de Queen, y de cómo Freddie Mercury se contagió de VIH. Tras la proyección, se explicó en términos coloquiales los mecanismos de transmisión de la enfermedad y las formas de prevenir el contagio. Conclusión: Esta actividad contribuye a la formación de los estudiantes de grado a la vez que transfiere el conocimiento a la sociedad. El proyecto ApS "Cine en compañía para prevenir enfermedades" es una estrategia que contribuye a la Salud Pública desde el conocimiento de la Microbiología.

Financiación

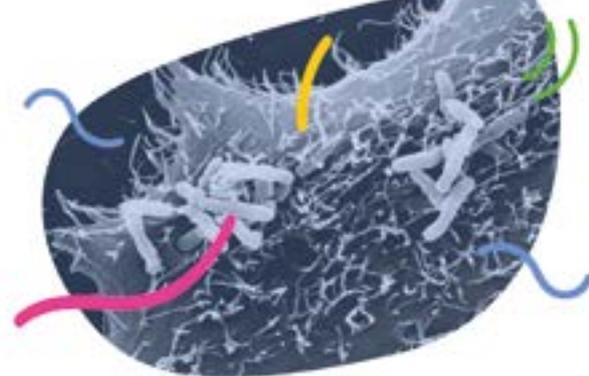
ApS-UCM 1/2022.

Referencias

[1] Linares Gómez, et al. Service-Learning, Movies, and Infectious Diseases: Implementation of an Active Educational Program in Microbiology as a Tool for Engagement in Social Justice. *Front Microbiol*, June 2021.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#295 USO DE NUEVAS TECNOLOGÍAS EN EL APRENDIZAJE DE MICROBIOLOGÍA EN CIENCIAS DE LA SALUD: EXPERIENCIA EN LOS ÚLTIMOS 5 AÑOS

Felipe Aguilera¹, Marta Jorba¹, Josep M Sierra¹, Guadalupe Jimenez¹, Paula Espinal¹, Ester Fusté^{1,2}, Teresa Vinuesa¹.

¹(Unidad de Microbiología, Dep. Patología y Terapéutica Experimental, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad de Barcelona, Barcelona, España)

²(Dept. Enfermería de Salud Pública, Salud Mental y Materno-infantil, Universidad de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

En 2018, iniciamos un proyecto de innovación docente con la utilización de Portfolio en las prácticas de la asignatura de Microbiología en Odontología. Después de un período inicial de gran aceptación por el alumnado, se abandonó por problemas técnicos. Se incorporaron estrategias de juego competitivo (Socrative Pro) que fueron bien recibidas por parte de los estudiantes. Como resumen y dado que en las prácticas no es necesario aumentar la motivación de los estudiantes, por ser una de las asignaturas más aceptadas, continuamos con resolución de casos clínicos en clase y entrega de un pdf como tarea Moodle.

En 2020 se instauró desde el inicio del confinamiento, la docencia con Collaborate con videos grabados que se mantenían en el Campus 48 h. Se introdujeron cuestionarios de respuesta múltiple (QMT) en los últimos 10 minutos de cada clase, permitiendo a los estudiantes reflexionar sobre lo aprendido.

En 2022 iniciamos un proyecto de innovación docente 2022PID-UB/017: "Estrategias de aprendizaje de la Parasitología en el ámbito de la Salud en la era post-pandemia". La fuente de información fue el Instituto Suizo Tropical (curso de Parasitología Médica Diagnóstica) con un software de microscopía virtual, que permite adquirir habilidades para distinguir los parásitos más importantes. A los estudiantes se les explica la forma de uso con una demostración en el aula. Hemos utilizado el recurso H5P guardando PowerPoint introductorios como vídeos .mp4, añadiendo preguntas y forzando el avance hasta dar con la respuesta correcta. Posteriormente, se puede trabajar de forma independiente en la resolución de problemas orientados al diagnóstico, auto corrigiendo sus errores. En la última sesión se responden dudas o consultas pertinentes.

Financiación

Fundación Josep Finestres.



#335 NUEVO RECURSO PARA DIVULGAR MICROMUNDO™, LA RESISTENCIA A LOS ANTIBIÓTICOS Y LA MICROBIOLOGÍA

Carmina Rodríguez Fernández, Paula Ruiz Muñoz, Isabel Sanz Riomoros, Alba Pérez García, Gonzalo Torresano Lominchar.¹

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

En el marco de las actividades del proyecto de Aprendizaje-Servicio MicroMundo™, nuestro grupo ha diseñado un “calendario científico” como recurso alternativo e innovador con el fin de acercar la cultura científica y el problema de las resistencias a los antibióticos, a la sociedad en general. La iniciativa MicroMundo™, es un proyecto de concienciación ciudadana sobre las multirresistencias y el problema socio-sanitario que representan, con la perspectiva OneHealth de salud global. En nuestro país se implantó como proyecto ApS y su innovación radica en la integración de dos niveles educativos, superior y bachillerato. Implica a estudiantes de secundaria que así trabajan en un laboratorio de Microbiología analizando la posible actividad antibiótica frente a bacterias multirresistentes, a partir de muestras de suelo recogidas por ellos mismos; y concienciándoles del uso racional de los antibióticos.

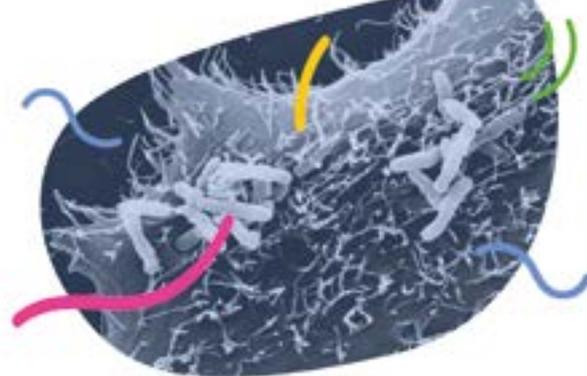
En colaboración con los alumnos del IES Renacimiento (Madrid), además del aislamiento de bacterias con antibiosis, nuestro grupo ha reelaborado un novedoso calendario que permite relacionar eventos singulares de la historia de la Microbiología con las actividades de MicroMundo. De esta forma se pretende acercar el mundo de los microorganismos al público mediante un formato a la vez didáctico y atractivo.

En cada mes del calendario aparecen hechos destacables datados en ese mes, relacionados con la Microbiología y MicroMundo. Se incluyen códigos BIDI para acceder a una información más amplia sobre cada evento, así como a los microorganismos ESKAPE, las resistencias antimicrobianas, nuevos antibióticos, novedades en vacunación, hitos en la historia de la Microbiología y actividades de diversas organizaciones internacionales y nacionales de la salud (como el PRAN).

El calendario está disponible en fichero descargable desde la red y puede ser impreso, facilitando la mayor accesibilidad y visibilidad del proyecto.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#370 CIENCIA EN EL COLE: VIENDO LO INVISIBLE

María José Pérez , Julia Carballo.¹

¹(Facultade de Ciencias. Universidade de Vigo, Ourense, España)

Resumen de la comunicación

Cada vez es más evidente que cuanto más temprano se familiarice el alumnado con la ciencia más posibilidades hay de que se involucren en estudios científicos.

Desde el año 2008, en el área de Microbiología del Campus de Ourense estamos involucradas en la realización de talleres de iniciación a la Microbiología dirigidos a estudiantes de diferentes etapas educativas y otros colectivos sociales. El profesorado interesado contacta con nosotras y ajustamos la impartición del taller a las edades y conocimientos previos del alumnado. Especialmente estamos implicadas en atender las demandas de los centros de entornos rurales que tienen, en principio, un acceso más limitado a nuestro Campus y, por lo tanto, menos oportunidades de realizar las actividades aquí propuestas.

En este curso 2022/2023 hemos realizado por primera vez un taller dirigido a alumnado de Educación Primaria (6-11 años) del CEIP San Marcos de Cartelle (Ourense). La actividad se llevó a cabo en dos sesiones de tres hora cada una.

En la primera sesión, celebrada en su colegio, les explicamos que los microbios se encuentran en todas partes relacionándolos con actividades, enfermedades o alimentos que puedan conocer previamente.

Cultivan microorganismos de las manos, del suelo, de la vegetación, del agua y aire de su entorno y se hacen fotos con un microbio de peluche.

En la segunda sesión, ya en nuestra Facultad, visitan el laboratorio docente de Microbiología, ven el resultado de los cultivos y dibujan su experiencia.

Hemos comprobado que recuerdan la actividad e incluso algún nombre de bacterias tres meses más tarde. Esto nos reafirma en la necesidad de realizar actividades científicas a edades tempranas con el fin de estimular su curiosidad e interés por la ciencia en general y la microbiología en particular.

Financiación

Ayuda económica para la realización de actividades formativas y de divulgación 2022 (Universidad de Vigo).



#500 ¿QUIÉN VIVE EN MI YOGUR? ECHEMOS UN MICROVISTAZO

Alicia García-Roldán*, Dáša Straková, María José León, Rafael R. de la Haba, Cristina Sánchez-Porro, Antonio Ventosa y Cristina Galisteo.¹

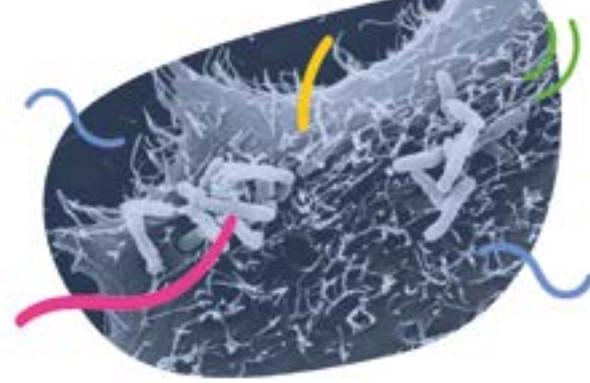
¹ (Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla agroldan@us.es)

Resumen de la comunicación

A lo largo de los años, nuestro grupo de investigación ha estado implicado en actividades de docencia y divulgación de la Microbiología. Creemos en la importancia de transmitir a la sociedad que los microorganismos son los seres vivos más abundantes del planeta, estando implicados en nuestra vida a todos los niveles. Además, queremos erradicar la creencia popular de que todos son perjudiciales para la salud, ya que la mayoría son esenciales en nuestra vida cotidiana. Hemos participado en diversas actividades como Radius (programa de radio de la Universidad de Sevilla), Ciencia en Bulebar (charlas científicas en el ambiente distendido de una cafetería), talleres en Centros Educativos, Jornadas de Iniciación a la Investigación, Salón del Estudiante y en el proyecto MicroMundo entre otras. Cabe destacar nuestra implicación en La Noche Europea de los Investigadores, proyecto de divulgación científica promovido desde 2005 por la Comisión Europea, que tiene lugar simultáneamente en casi 400 ciudades europeas de más de 30 países. La actividad realizada en esta última edición tenía el objetivo de acercar a los más pequeños (y no tan pequeños) las prácticas simples de laboratorio y mostrar el papel esencial que juegan los microorganismos en algunos alimentos, concretamente, en el yogur. Esta iniciativa consistió en un taller interactivo en el cual los participantes realizaron una tinción simple de una muestra de yogur. Para ello, se facilitó todo el material necesario: asa de siembra, portaobjetos, cristalizador, colorante cristal violeta y frasco lavador. Posteriormente, pudieron observar sus tinciones con un microscopio óptico y comprobar la presencia de las bacterias lácticas *Lactobacillus bulgaricus* y *Streptococcus thermophilus*, sintiéndose microbiólogos por un día y comprendiendo que la ciencia está más presente de lo que pensamos en nuestra vida diaria. El taller tuvo una gran aceptación y esperamos repetir esta y otras experiencias en la próxima edición.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#501 PODCASTING ON BALANCING LIFE AND SCIENCE IN THE WORLD OF BACTERIOPHAGE RESEARCH

David Sáez Moreno^{1,2*}, Maria Sequeira Lopes^{1,2*} and Alexandre Lima^{1,2*}.

¹(Universidade do Minho, Centre of Biological Engineering, Braga, Portugal)

²(2. LABBELS associate laboratory, Braga / Guimaraes, Portugal* These authors contributed equally.)

Resumen de la comunicación

Bacteriophages, or phages, are viruses that infect and replicate within bacterial hosts, and are an important area of research due to their potential for use in various applications, such as phage therapy and biotechnology. Hosted by PhD students in Portugal, PhageCast is a Podcast aimed at communicating phage research. The podcast features interviews with experts in the field of phage science who share their research, insights, and discoveries. It also delves into the personal experiences and career advice of the guests, making it a valuable resource for early-stage researchers and seasoned scientists alike. The podcast has covered a wide range of phage-related topics, including phage-antibiotic combinations, endolysin resistances, setting up the Appleman's protocol, and uncovering functions of hypothetical genes. The interviews provide listeners with a deep understanding of the science behind the research, as well as valuable insights into navigating a successful career in science.

By providing a platform for scientists to communicate their work in an accessible and engaging manner, PhageCast aims to increase phage knowledge and work-life balance awareness. Overall, PhageCast offers a unique blend of scientific insight and personal advice, making it a valuable resource for anyone interested in the exciting and rapidly-evolving field of phage research and offering science experts to engage with the public on a range of scientific topics.

Hipervínculo

<https://podcasters.spotify.com/pod/show/phagecast/episodes/Episode-0---Our-why-e2209ar>



#502 ACERCANDO LA MICROBIOLOGÍA A LOS MÁS PEQUEÑOS

María José León, Cristina Galisteo, Alicia García-Roldán, Dáša Straková, Blanca Vera-Gargallo, Ana Durán-Viseras, Rafael R. de la Haba, Antonio Ventosa y Cristina Sánchez-Porro.¹

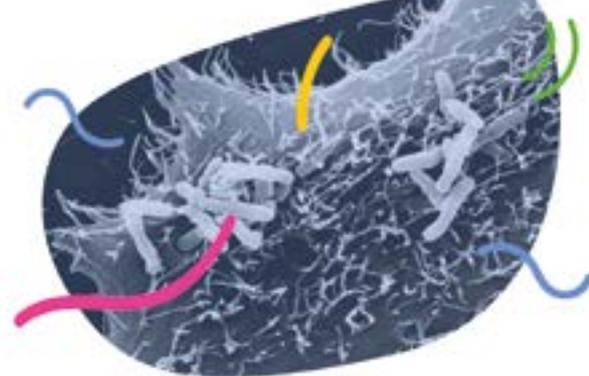
¹ (Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla mjl@us.es)

Resumen de la comunicación

Consideramos de vital importancia acercar la Microbiología a la sociedad. Así, hemos mostrado el mundo microbiano a público de distintos perfiles. Nos hemos dirigido a (i) adultos curiosos, participando en charlas divulgativas (Ciencia en Boulebar), programas de radio (RadiUS) o grabación de podcast (@sosfarmapodcast), (ii) jóvenes en formación con MicroMundo@Sevilla2023, con nuestra participación en las Jornadas de Iniciación a la Investigación, en el Salón del Estudiante o en La Noche Europea de los Investigadores y, por último, a (iii) los más pequeños, realizando talleres en los que le enseñamos a los niños y niñas en nuestros laboratorios el mundo microbiano. También somos muy activos en Twitter (@Crissanpor). Con respecto a la microbiología enseñada a los más pequeños hacemos hincapié en que los microorganismos son los seres vivos más numerosos y más diversos que existen, y sin embargo son a su vez los más desconocidos. Tradicionalmente se asocian a enfermedades y problemas para los seres humanos, pero tan solo un pequeño porcentaje de los mismos causa enfermedades infecciosas. El resto, o bien se desconocen aún, o bien están implicados en procesos tan importantes para el ser humano como el desarrollo de la microbiota del organismo, la producción de antibióticos o la elaboración de bebidas y comidas tan populares como el vino, la cerveza, el pan, los yogures, el queso... Es este último aspecto tan positivo de los microorganismos lo que queremos dar a conocer a los niños. Concretamente, hemos realizado esta actividad con 50 niños de cuarto de Primaria de un colegio de Sevilla. Los niños han visitado nuestras instalaciones y tras una explicación adaptada a su edad, hemos realizado con ellos diversas prácticas de laboratorio como inflar un globo con levaduras, tinción y observación al microscopio de microorganismos y siembra de placas de Petri a partir de muestras diversas. Ha resultado todo un éxito que repetiremos el curso que viene ya que no sabemos si han disfrutado más ellos o nosotros.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#503 PROYECTO CIENTÍFICO "UP: MICROBIOS AL VUELO" II: ESTUDIO Y CARACTERIZACIÓN DE *PHYSARUM POLYCEPHALUM* ANTES Y DESPUÉS DE SU VIAJE ESTRATOSFÉRICO

Bárbara de Aymerich Vadillo¹, Gonzalo Sacristán-Pérez-Minayo².

¹(Escuela de Pequeñ@s Científic@s, Espiciencia, Espinosa de los Monteros, Burgos, España bdaymerich@ubu.es)

²(Área de Microbiología, Departamento de Biotecnología y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Ciencias, Universidad de Burgos, Burgos, España gsacristan@ubu.es)

Resumen de la comunicación

EL PROYECTO SERVET (#SERVETVIII) quiere democratizar el acceso al espacio a centros educativos y consiste en el lanzamiento de varias cápsulas al espacio en diferentes globos sonda. Durante el curso pasado (21/22) y dentro del programa DISEÑA TU PROYECTO CIENTÍFICO EN EL AULA - Pon tu proyecto rumbo a la estratosfera, los pequeños científicos de 'Espiciencia', de Espinosa de los Monteros, fueron seleccionados con su proyecto 'UP: Microbios al vuelo'. Gracias al lanzamiento de una cápsula, diseñada por ellos mismos, pudieron muestrear las condiciones de la estratosfera, midiendo diferentes parámetros físico-químicos así como el crecimiento de diferentes microorganismos que existen en las diferentes alturas de muestreo. El área de Microbiología de la Universidad de Burgos colaboró en el citado proyecto 'UP: Microbios al vuelo' tanto en el diseño de toma de muestras como en su posterior estudio. En el presente curso (22/23) se ha realizado nuevamente el lanzamiento, estudiando la concentración de fenoles y la supervivencia de *Physarum polycephalum*, un mixomiceto de elevada movilidad celular que presenta una sorprendente capacidad adaptativa frente al reconocimiento de sustancias nutritivas. En el estudio se evaluó su supervivencia en condiciones de hidratación/deshidratación dentro de la estratosfera. La mencionada sonda soportó temperaturas por debajo de - 50 °C, presiones cercanas al vacío, sometiéndose a la implacable radiación solar. De ahí que las condiciones deshidratadas favorecieran el crecimiento de *P. polycephalum*. El estudio de este tipo de agentes fúngicos despierta gran interés ya que muchos de ellos poseen una elevada capacidad degradadora de contaminantes del medio ambiente, así como la gran variedad de mohos productores de compuestos antimicrobianos. El espíritu #STEM y la Ciencia Ciudadana se unen en este proyecto educativo que organiza la Fundación Ibercivis junto a la FECYT- Fundación para la Ciencia y la Tecnología del Ministerio de Ciencia e Innovación.



#504 MICROBIÓLOGAS

Ignacio López-Goñi^{1,2}, Iñigo Izal³.

¹ (Departamento de Microbiología y Parasitología, Universidad de Navarra, Pamplona, España)

² (Departamento de Bioquímica y Genética, Universidad de Navarra, Pamplona, España)

³ (Museo de Ciencias, Universidad de Navarra, Pamplona, España)

Resumen de la comunicación

Son numerosas las mujeres que a lo largo de la historia han hecho aportaciones fundamentales a la microbiología. Desgraciadamente, en muchas ocasiones han pasado desapercibidas o incluso intencionadamente ocultas “en un mundo de hombres”. En un reciente estudio realizado por la Fundación Española para la Ciencia y Tecnología (FECYT) sobre la presencia de mujeres en la producción científica española en revistas internacionales entre 2014 y 2018, se comprobó que solo el 20% tiene como investigadora principal a una mujer. Quizá una de las limitaciones para que más niñas y jóvenes opten por una carrera científica es la falta de referentes femeninos. El proyecto del Museo de Ciencias Universidad de Navarra “La mujer en la ciencia” pretende visibilizar de forma amena y accesible la biografía de mujeres científicas relevantes que son desconocidas para el público general. Este proyecto incluye, entre otras, la historia de varias científicas y microbiólogas. A través de breves vídeos tipo cómic, se narran de forma sencilla, amena y rigurosa la biografía de científicas relevantes en la investigación. Son referentes femeninos que han marcado la historia de la microbiología con sus descubrimientos y aportaciones: June Almeida, la técnica de laboratorio que descubrió los coronavirus; Alice Evans, la primera mujer en graduarse como especialista en bacteriología; Margarita Salas, los secretos del fago phi29; Lynn Margulis, el origen de los eucariotas; Isabel Morgan, la lucha contra la polio; y Ada Yonath, ribosomas y antibióticos. Además de los vídeos, se acaba de publicar un libro, de acceso gratuito, en el que se proponen diferentes retos y actividades para que los más jóvenes encuentren en estas investigadoras la motivación y la pasión para ser las mejores científicas y científicos.

Financiación

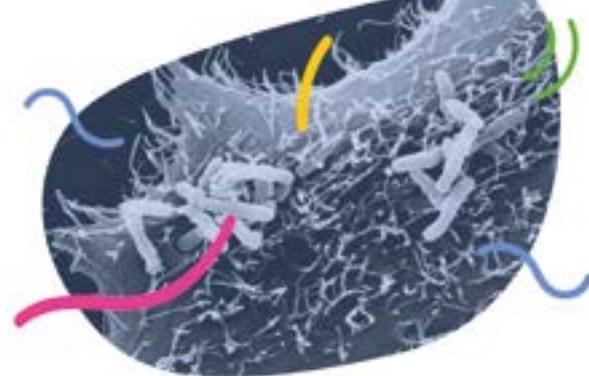
Con la colaboración del grupo Women for Science & Technology de la Universidad de Navarra y Fundación Española para la Ciencia y Tecnología (FECYT).

Hipervínculo

La mujer en la ciencia. Museo de Ciencias universidad de Navarra. 2923. Eunsa. Pamplona.
<https://museodeciencias.unav.edu/documents/11140003/32632603/la-mujer-enla-ciencia.pdf/>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#508 EXPERIENCIA DOCENTE ORIENTADA A ALUMNOS REPETIDORES DE MICROBIOLOGÍA II PARA PROMOVER EL APRENDIZAJE ACTIVO Y MEJORAR SU RENDIMIENTO ACADÉMICO

Maribel Farfán, Mercè Berlanga, Ana M. Marqués.¹

¹(Secció de Microbiologia, Departament de Biologia, Sanitat i Medi Ambient, Facultat de Farmàcia i Ciències de l'Alimentació, Universitat de Barcelona Av. Joan XXIII 27-31, 08028 Barcelona, España mfarfan@ub.edu)

Resumen de la comunicación

La asignatura troncal de Microbiología II se imparte en tercero del grado de Farmacia, tiene >300 alumnos matriculados, y estudia los principales virus y bacterias patógenos humanos y algunos de interés industrial. Al ser una asignatura con mucho contenido teórico, antes del plan Bolonia tenía un elevado porcentaje de repetidores (30-50%/curso), que además de cursarla ≥ 2 veces, se "abandonaba" hasta el final de la carrera. La introducción de la evaluación continua mejoró el rendimiento académico (>80%). Sin embargo, todavía hay un número significativo de repetidores que les cuesta superar la asignatura (15-20%/curso).

Durante el curso académico 2022-23, se imparte por primera vez la docencia de un grupo único de alumnos repetidores de Microbiología II, para promover el aprendizaje activo y mejorar su rendimiento. La docencia es compartida por dos profesoras con experiencia en la asignatura, que tienen el reto de integrar y consolidar los conocimientos previamente adquiridos. Inicialmente se optó por la metodología innovadora de clase invertida. El modelo no funcionó, y después de unas semanas se volvió a una clase magistral más dinámica, para centrarse en los conceptos básicos e importantes de cada tema y fomentar la participación activa en el aula, sin trabajo autónomo previo. La nota final se podía completar con dos bonificaciones extras: por asistencia presencial a clase ($\geq 70\%$) y por ganadores de juegos de preguntas Kahoot!.

Este grupo de 52 repetidores ha permitido realizar una evaluación continua más orientada por el profesor. La valoración global es muy positiva porque se ha conseguido una tasa de éxito del 70% y se ha reducido el número de repetidores. La asistencia a clase ha sido fundamental para mejorar los resultados académicos. Las bonificaciones extras han motivado a los estudiantes a venir de forma más regular a clase y a llevar al día los contenidos de la asignatura.



#509 APRENDIZAJE-SERVICIO UNIVERSITARIO PARA LA PROMOCIÓN DE LA SALUD EN COLECTIVOS VULNERABLES EN MADRID: COLABORANDO CON MUJERES DEL CENTRO DIACONÍA MADRID

Alejandro Sanz Rodríguez¹, Patricia Rodríguez-Solana², Cristina Herrero Igartua³, Teresa Loreto Rodríguez Yeste⁴, Verónica Prieto Gonzalez⁴, Tania Ayllón Santiago⁵.

¹(Secció de Microbiologia, Departament de Biologia, Sanitat i Medi Ambient, Facultat de Farmàcia i Ciències de l'Alimentació, Universitat de Barcelona Av. Joan XXIII 27-31, 08028 Barcelona, España mfarfan@ub.edu)

²(1Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, España)

³(3Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, España)

⁴(Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, España)

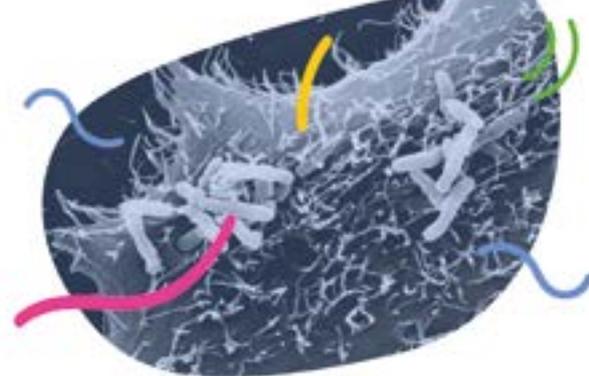
⁵(5Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las personas en situación de pobreza o exclusión social en Madrid presentan tasas más altas de mortalidad y padecimiento de diversas enfermedades que el resto de la población. La falta de educación, barreras lingüísticas, discriminación y acceso limitado a la atención social y sanitaria contribuye a limitar su conocimiento y acceso a medidas preventivas y tratamientos. Además, la soledad, el aislamiento y en el caso de las mujeres, la responsabilidad familiar, agravan su situación. Este proyecto de aprendizaje y servicio pretende atender a mujeres desfavorecidas y excluidas de diversos grupos culturales y sociales, mediante la realización de distintas actividades formativas con un denominador común en la microbiología. El objetivo fue el enseñar conocimientos básicos sobre determinadas enfermedades infecciosas, a la vez que se les proporcionó compañía, mediante la realización de actividades lúdicas como películas y juegos. Al mismo tiempo, se acercó a los estudiantes universitarios a la realidad social de los colectivos más desfavorecidos y enfermos, se incentivó la labor de divulgación científica, y se aprendió sobre la prevención y el tratamiento de determinadas enfermedades. Para ello se realizaron varias visitas al Centro de Día Diaconía, en Madrid. Tras conocer las necesidades del centro, se realizaron juegos interactivos con las mujeres participantes y se detectaron sus necesidades e inquietudes en el ámbito microbiológico, realizando un cuestionario interactivo. Teniendo en cuenta estos intereses, se proyectó un cortometraje sobre enfermedades de transmisión sexual, realizándose una discusión posterior para solventar dudas y la valoración de la actividad desarrollada. Mediante el proyecto ha sido posible acercar conocimientos expertos sobre microbiología de una forma sencilla, accesible y lúdica a mujeres en riesgo de exclusión.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#510 MOTIVACIÓN DE LAS VOCACIONES CIENTÍFICAS EN MICROBIOLOGÍA EN ALUMNOS DE EDUCACIÓN INFANTIL Y PRIMARIA

Antonio Serrano^{1,2}, Tatiana Robledo-Mahón^{1,2}, Gabriela Ángeles-De Paz², Bárbara Muñoz-Palazón², Aurora Rosa-Masegosa^{1,2}, Lorna Can-Ubando^{2,3}, Michael Natera^{2,4}, María Del Mar López-Rodríguez², María García-Toledo², Miguel Ángel Díaz-Moreno², Ángeles Trujillo-Reyes^{2,5}, Elena Jiménez-Páez^{2,5}, Sonia Dávila-Ramos^{2,4}, Luca Mattei⁶, Rafael Hueso⁷, Andrea Silva-Castro⁸, María Isabel Tamayo-Navarrete⁸, Concepción Calvo^{1,2}, Elena Requena⁹ y Elisabet Aranda^{1,2}.

¹ (Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada, Granada, España)

² (Instituto Universitario de Investigación del Agua. Universidad de Granada, Granada, España)

³ (Facultad de Medicina, Universidad Autónoma del Estado de México, Ciudad de México, México)

⁴ (Centro de investigación en dinámica celular – UAEM: Universidad Autónoma del estado de Morelos, Cuernavaca, México)

⁵ (Instituto de la Grasa. CSIC, Sevilla, España)

⁶ (Departamento de Historia Medieval y Ciencias y Técnicas Historiográficas, Facultad de Letras, Universidad de Granada, Granada, España)

⁷ (Estación Experimental del Zaidín. Sede Armilla, CSIC, Granada, España)

⁸ (Estación Experimental del Zaidín. CSIC, Granada, España)

⁹ (Departamento de Pediatría. Facultad de Medicina. Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El aprendizaje experimental o “hands-on learning” se basa en una formación activa donde el conocimiento se adquiere a través de la experiencia, de un modo más duradero frente al tradicional “aprendizaje pasivo”. Según Timmis y col. (2020), los niños son transmisores efectivos de conocimiento dentro de las familias y sus círculos, donde existe una asimetría de información (tecnología digital y redes). Del 27 al 31/03/23 el CEIP José Hurtado de Granada, celebró su Semana de la Ciencia en la que se organizaron diversos talleres centrados en microbiología. Para los alumnos de infantil, se preparó un guiñol sobre valorización de residuos vegetales y el taller “Diseña tu propia bacteria” donde con cartulinas y plastilina, cada niñ@ realizó un microorganismo al tiempo que se iban comentando aspectos como su tamaño y morfología, entre otros. El alumnado de primaria fue dividido en 10 grupos de 15 estudiantes y un docente. Los estudiantes de cada grupo pertenecían a distintos cursos, para favorecer una experiencia colaborativa entre distintas edades. Cada 10 minutos los grupos iban pasando por cada uno de los 9 puestos científicos, donde se llevaban a cabo distintos experimentos: (1) cultivo de microbiota de las manos, (2) inmovilización de microorganismos en geles de alginato, (3) filtración de agua, (4) digestión de las cabras, (5) microplásticos, (6) microorganismos extremófilos, (7) microscopio, (8) bases químicas del pH, y (9) difusión de un video divulgativo sobre microplásticos. Durante la semana anterior, los docentes trabajaron en clase los conceptos necesarios para asegurar la comprensión de las actividades a desarrollar. Tras la realización de cada taller, se evaluó la comprensión de conceptos básicos explicados por medio de preguntas, tras las cuales los alumnos adquirirían una pegatina que colocaban en un carnet a modo de evidencia de adquisición de conocimientos. Los resultados de esta experiencia fueron altamente satisfactorios.



Financiación

Proyectos PID2021-123164OB-I00, EMERGIA20_00114, TED2021-129599B-I00. Agradecemos a Vanesa Rodríguez Valero, Daniel Sánchez Hernández y Rocío Quero García, docentes del C.E.I.P. José Hurtado, Granada.

Referencias

Timmis, K., Timmis, J., & Jebok, F. (2020). *The urgent need for microbiology literacy in society: children as educators. Microbial Biotechnology*, 13(5), 1300-1303.

#511 TRABAJANDO CON INFOGRAFÍAS CIENTÍFICAS PARA DESARROLLAR COMPETENCIAS EN LOS ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS

Juan Carlos García Mauricio¹, Inés María Santos-Dueñas², Teresa García-Martínez¹.

¹(Departamento Química Agrícola, Edafología y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, España)

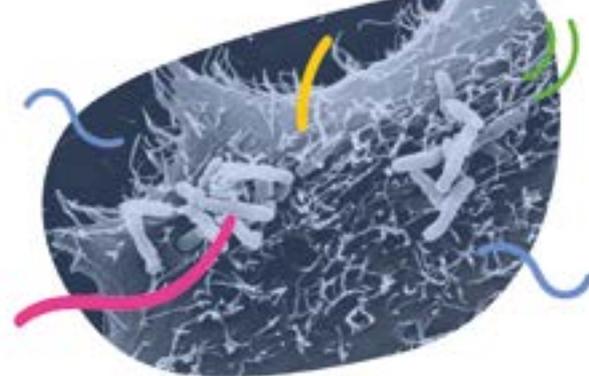
²(Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, España mi1gamaj@uco.es)

Resumen de la comunicación

El aprendizaje basado en competencias es una condición que deben cumplir las actuales titulaciones universitarias. Los estudiantes de Grados de Ciencias Experimentales deben desarrollar ciertas competencias como expresión oral, trabajo en equipo, desarrollo de la capacidad de creatividad, capacidad de análisis y síntesis, y el razonamiento crítico en la línea del método científico que permitan una formación para el futuro profesional. Se ha propuesto como actividad evaluable la presentación oral mediante el empleo de "póster científico" de prácticas de laboratorio de asignaturas de Microbiología de los Grados de Biología y de Bioquímica. El uso de pósteres científicos no es nuevo, la originalidad de este trabajo se basa en dar un nuevo enfoque evaluando la competencia de comunicación, además de rigor científico, calidad y composición gráfica, capacidad de síntesis y el enfoque de sello personal. Tras la presentación de esta actividad en el aula los propios estudiantes han extraído sus propias recomendaciones sobre el tipo de fuente, tamaño y color para el título y demás apartados de la infografía. También, han apuntado los errores que se deben evitar como demasiado texto, sin gráficas, ni imágenes, o bien muy densos de información. Los resultados fueron la exposición de todos los pósteres elaborados por grupos de 2 a 3 estudiantes al gran grupo en el aula haciendo una reflexión sobre la importancia tanto de las clases prácticas en el laboratorio, como de las clases teóricas de los docentes que se ocupan de ellas, y poniendo en valor estos conocimientos que serán necesarios a los egresados en el desarrollo de su ámbito laboral. El alumnado ha sido muy participativo y se propició un ambiente agradable para la correcta consecución de la actividad.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#512 LIFEHUB: FOSTERING COLLABORATIONS AND SCIENTIFIC LITERACY IN MICROBIOLOGY EDUCATION AND OUTREACH

Eva García Ruiz¹, Encarnación Carrillo², Fernando Casares².

¹(Instituto de Catálisis y Petroleoquímica, CSIC, Madrid, España eva.garcia.ruiz@csic.es)

²(Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, CSIC-UPO-JA, Sevilla, España e.carrillo@csic.es, fcasfer@upo.es)

Resumen de la comunicación

LifeHUB.CSIC, also known as Conexión-Vida, is a dynamic network of researchers from diverse disciplines within the CSIC, dedicated to facilitating collaborations that would otherwise be unlikely to occur. With a versatile approach, LifeHUB focuses on the theme of Life, exploring its origin, evolution, diversity, and synthesis in the laboratory. Microbiology plays a key role in this theme encompassing the study of microbial life and its interactions with other organisms and the environment, from the very beginning of life to its current state at the forefront of biotechnology. To engage the community and attract talent to the field of microbiology, LIFEHUB has developed a comprehensive range of creative outreach activities, including workshops, summer schools, public lectures, videos, and an official master's degree program which offers a rigorous academic curriculum that covers diverse topics related to microbiology. These initiatives offer hands-on experience with cutting-edge techniques, while promoting interest in microbiology among students and the general public. Through our diverse outreach activities, LIFEHUB has successfully increased public awareness and interest in microbiology, inspiring a new generation of learners to pursue careers in this exciting field. Our ultimate goal is to inspire a new generation of scientists and innovators who can contribute to the advancement of microbiology and related fields, promoting scientific literacy, diversity, and excellence. By leveraging the power of microbiology education and outreach, LIFEHUB aims to create a better future for all.

Financiación

PIE-202120E047- Conexiones-Life

Hipervínculo

<https://lifehub.csic.es/>



#513 ENSEÑANZA ACTIVA Y BÚSQUEDA COLABORATIVA DE BACTERIÓFAGOS FRENTE A LAS SUPERBACTERIAS EN LA COMUNIDAD VALENCIANA (FAGO@VAL)

Elena G Biosca¹, Sergi Maicas¹, Belén Fouz¹, Hortensia Rico¹, Jesús Zueco¹, Ana Pérez-Solsona¹, Juan Jesús González¹, Rosa Vázquez², Marcos Chinchetru², Alba Toledo², Margarita Ortigosa³, Juan Frasquet-Artes⁴, Luis Martínez-Dolz⁵ y Paula Ramírez-Gallego⁶.

¹(Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia)

²(Estudiantes de Facultad de Biológicas, Universitat de València, Valencia)

³(Instituto de Educación Secundaria Vicent Andrés Estellés, Burjassot, Valencia)

⁴(Servicio de Microbiología, Hospital Universitario y Politécnico la Fe, Valencia)

⁵(Servicio de Cardiología, Hospital Universitario y Politécnico la Fe, Valencia)

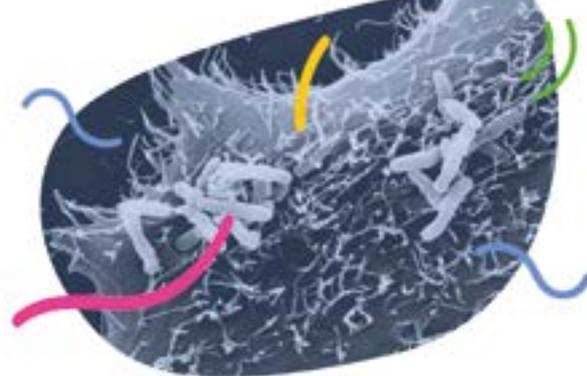
⁶(Servicio de Medicina Intensiva, Hospital Universitario y Politécnico la Fe. elena.biosca@uv.es)

Resumen de la comunicación

La creciente incidencia de las infecciones causadas por las bacterias multirresistentes a los antibióticos (superbacterias) y la escasez de nuevas moléculas antibacterianas ha renovado el interés por la investigación en terapias alternativas como el uso de virus bacteriófagos (fagos) o fagoterapia. Este tratamiento, desconocido por la mayoría de la sociedad, precisa de acciones divulgativas y de búsqueda colaborativa de nuevos fagos activos frente a las superbacterias, lo que implica la participación ciudadana. El proyecto de innovación docente FAGO@VAL surge para sensibilizar a la sociedad valenciana sobre la gran amenaza para la salud de la resistencia a los antibióticos, divulgar el uso potencial de los fagos para curar infecciones causadas por bacterias multirresistentes e incentivar al alumnado preuniversitario a cursar carreras científicas. Se ha implementado durante el curso 2022/23, por profesorado de Microbiología y alumnado de la Universitat de València, como proyecto piloto, con un grupo de estudiantes de bachiller del instituto Vicent Andrés Estellés (Burjassot, Valencia). Se ha enseñado a aislar fagos de muestras ambientales frente a una bacteria testigo segura, *Escherichia coli*, mediante el cultivo de enriquecimiento y posterior siembra de diluciones seriadas, bajo condiciones adecuadas de bioseguridad. Además, se han usado distintas bacterias testigo para evidenciar la especificidad de los fagos aislados para facilitar la comprensión de su potencial aplicación en terapia fágica. Posteriormente, se ha purificado una selección de los fagos aislados para evaluar su potencial actividad frente a cepas clínicas de *E. coli* resistentes a antibióticos del Hospital Universitario y Politécnico La Fe (Valencia) con el fin de buscar nuevas herramientas terapéuticas frente a estos patógenos multirresistentes. Financiación: Proyectos SFPIE PID-2079790 (Universitat de València) y AICO/2021/261 (Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital, Generalitat Valenciana). Palabras clave: innovación docente, resistencia antimicrobiana, fagos, fagoterapia.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#514 APRENDER MICROBIOLOGÍA EN CONEXIÓN CON ENTORNOS SOCIALES DESFAVORECIDOS

Pablo Calvete del Olmo¹, Leo Pérez Peña², Juan Antonio Megía López², Pilar Jofre Albendea², Patricia Rodríguez Solana³, Daniel Bravo Vázquez⁴, Álvaro Crespo Quevedo⁵, M^a José Valderrama Conde⁴.

¹(Facultad de Ciencias Biológicas, UCM)

²(Facultad de Ciencias Químicas, UCM)

³(Hospital La Paz, Madrid)

⁴(Dep. Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, UCM)

⁵(Solidarios para el Desarrollo mjv1@ucm.es)

Resumen de la comunicación

El aprendizaje mediante la implicación activa de los estudiantes de microbiología en la atención a las necesidades del entorno es la base del proyecto de Aprendizaje-Servicio (ApS) "Cine en compañía para prevenir enfermedades" que se desarrolla en la UCM desde 2017. El trabajo que se presenta se dirigió un grupo de presidiarios, colectivo afectado en general por tasas de ciertas enfermedades infecciosas significativamente más altas que el resto de la población y muchas veces con escasas posibilidades de acceso a información sobre las mismas y su prevención.

Participantes: equipo de la universidad (4 estudiantes de grado, un alumni, dos profesores), ONG Solidarios, grupo de presidiarios de Centro de Inserción Social en régimen de salidas (CIS).

Actividades académicas: investigación sobre enfermedades que afectan al colectivo, diseño de materiales lúdicos y divulgativos, análisis crítico de películas, preparación de práctica de laboratorio.

Actividades: primer encuentro con presidiario y responsables de ONG, tres visitas del grupo de presidiarios a la universidad (actividad de salida del CIS): juegos sobre enfermedades infecciosas, selección de tema de interés (infecciones gastrointestinales), proyección de la película "El húsar en el tejado", coloquio sobre las enfermedades y su prevención, práctica de laboratorio sobre microbiota de la piel o superficies, celebración y merienda. Todos los participantes trabajan en colaboración, en equipo; los universitarios atienden las necesidades de compañía y conversación del grupo de presidiarios, al igual que de aporte de información sobre las enfermedades infecciosas.

Resultados: Usuarios y coordinadores, alta satisfacción sobre atención, cercanía y enseñanza sobre enfermedades. Estudiantes y profesores: implicación en el aprendizaje, refuerzo de conocimientos, adquisición de competencias transversales y sociales (colaboración en equipo, adaptación, comunicación a público no especializado, análisis y selección de materiales docentes y divulgativos, trabajo en contextos reales, conexión con necesidades de la comunidad fuera del ámbito universitario).

Financiación

Financiación: Proyecto ApS-UCM 1/2022



#515 IDENTIFICACIÓN MICROBIANA MEDIANTE ESPECTROMETRÍA DE MASAS TIPO MALDI-BIOTYPER LLEVADA A LA PRÁCTICA EN ASIGNATURAS DE GRADO EN BIOTECNOLOGÍA

Sonia Garrido-Chamorro, Roberto Martínez-Santos, Ángela Fernández-Blanco, Ana M. Ibáñez, Alejandro Chamizo-Ampudia, Luis Getino-Alonso, Elías R. Olivera, Carlos Barreiro*.¹

¹(Área de Bioquímica y Biología Molecular. Departamento de Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, León, España *c.barreiro@unileon.es)

Resumen de la comunicación

La espectrometría de masas se basa en la obtención de iones gaseosos a partir de moléculas orgánicas como proteínas, los cuales, posteriormente, se separan y seleccionan de acuerdo con su masa para, finalmente, ser detectados. La introducción de la espectrometría de masas en los años 90 dentro del mundo de la Biología dio origen a una andadura metodológica que, actualmente, está alcanzando cotas inimaginables. Una de sus aplicaciones más recientes es la identificación de microorganismos, el screening de muestras clínicas (humanas y animales) y ambientales, así como la detección de resistencias a antibióticos mediante el sistema MALDI-Biotyper. Así, a través del análisis de la huella proteómica de cada microorganismo generada por sus proteínas más abundantes (p. ej.: ribosomales) y la comparación frente a una biblioteca de espectros de referencia, este sistema obtiene una identificación microbiana de manera rápida, fiable y precisa por espectrometría de masas.

El sistema MALDI-Biotyper se está transformando en un componente de amplio uso a nivel clínico y veterinario, pero necesita un equipamiento específico y costoso, además de un alto nivel técnico del operario. En esta última parte es donde presenta un papel relevante la docencia de grado en asignaturas como "Proteómica e Ingeniería de Proteínas" (cuarto curso, Grado en Biotecnología, Universidad de León). Así, se planteó introducir a nivel práctico la taxonomía microbiana mediante espectrometría de masas para estudiantes universitarios llevando a cabo la identificación de diferentes microorganismos de interés industrial [*Corynebacterium glutamicum* (aminoácidos), *Mycobacterium neoaurum* (esteroides), *Pseudomonas putida* (biodegradación), ...].

Como análisis de la conveniencia y aceptación de su enseñanza se realizó una sencilla encuesta multirrespuesta tras la docencia teórica, pero antes de la docencia práctica, sobre diferentes aspectos de la espectrometría de masas tipo MALDI-Biotyper, para repetirla posteriormente y así poder monitorizar la evolución de los alumnos.

Financiación

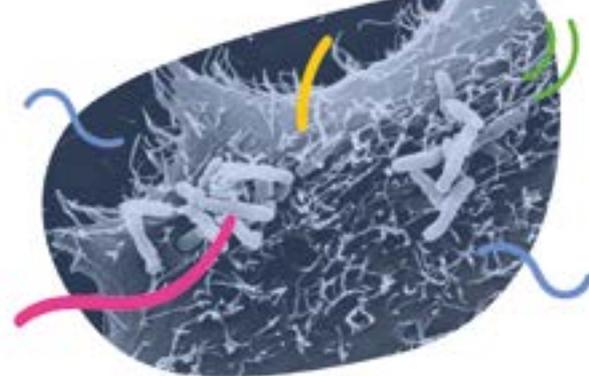
Estacomunicaciónespartedelosproyectos:i)BioPac(Developmentofbioactiveandlifespan-controlled bioplastics) (Ref. TED2021-131864B-C21) financiado por MCIN / AEI / 10.13039/501100011033 (Digital Object Identifier) y por la Unión Europea "NextGenerationEU" / PRTR; y ii) ESTELLA (DESIGN of bio-based Thermoset polymer with rEcyCLing capabLiTy by dynAmic bonds for bio-composite manufacturing) (Ref.101058371) financiado por la Unión Europea a través del Programa Horizon Europe

Hipervínculo

<https://estellaproject.eu/>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#516 INNOVACIÓN DOCENTE EN MICROBIOLOGÍA EN LA UNIVERSITAT DE VALÈNCIA

Sergi Maicas¹, Elena G. Biosca¹, Eva Sanjuan¹, Jesús Rodríguez¹, Roberto Gozalbo¹, Hortensia Rico¹, Jesús Zueco¹, Alfonso Navarro¹, Ester Carbó², Jaume Segura-García³, Belén Fouz^{1,*}.

¹(Departament de Microbiologia i Ecologia (Universitat de València))

²(Departament de Biologia Vegetal U.D. Edafologia (Universitat de València))

³(Departament d'Informàtica (Universitat de València) * Red de centros asociados a Micromón@Universitat de València)

Resumen de la comunicación

Durante los últimos seis cursos académicos, el Grupo Consolidado de Innovación Docente en Microbiología ha estado desarrollando diferentes actividades relacionadas con la docencia y la difusión de la Microbiología, centradas en la implementación de los programas internacionales Small World Initiative, Tiny Earth y Micromundo en diferentes centros educativos de educación secundaria ubicados en la Comunitat Valenciana. El programa pretende acercar la cultura científica y la investigación biomédica a preuniversitarios mediante una estrategia colaborativa dirigida al descubrimiento de nuevos microorganismos productores de antibióticos frente a enfermedades infecciosas. Fue creado por Jo Handelsman y posteriormente se implementó en la Universidad Complutense de Madrid. Rápidamente se expandió a diferentes universidades de la Península Ibérica a través de la Red Micromundo. Durante el presente curso 2022/23, la iniciativa Micromón@Universitat de València se ha desarrollado en 26 institutos y colegios de la red pública. La cifra de participantes ronda las 800 personas, entre secundaria y universidad. Asimismo, algunos miembros del Grupo Consolidado de Innovación Docente en Microbiología han realizado actividades complementarias, como la impartición de 1 curso de formación de profesorado de secundaria (32 participantes), 3 cursos de formación de monitores (MITAS), 2 cursos de formación en edafología, 5 conferencias coordinadas por la Unidad de Cultura Científica, 6 Talleres de Microbiología para primaria, 2 Talleres en Expociencia, proyecto Phago@val, proyecto Divulsuperbac, proyecto Superbugs-Forthem y otras actividades colaterales. Algunas de estas actividades cuentan con paneles propios en este congreso donde se detallan de manera específica.

Financiación

El proyecto Micromón 2022/23 recibe subvenciones para proyectos de Innovación (UV-SFPIE_PID22-CON-2075782), Igualdad y Política Lingüística (Universitat de València) y donaciones a través de la oficina de mecenazgo de la Generalitat Valenciana.

Hipervínculo

<http://swi.blogs.uv.es> Twitter. Instagram. Youtube. TikTok. #SWIValencia.

Referencias

Maicas, S. et al. (2020a) Implementation of Antibiotic Discovery by Student Crowdsourcing in the Valencian Community Through a Service Learning Strategy. *Frontiers in Microbiology*, 11, 564030 DOI: 10.3389/fmicb.2020.564030 - Maicas, S. et al. (2020b) Micromón València (Universitat de València) SEMáforo (Sociedad Española de Microbiología) 69: 26-27. https://www.semicrobiologia.org/wp-content/uploads/2021/04/13-SM_UV.pdf



#517 ADAPTACIÓN DE LAS COMPETENCIAS TRANSVERSALES A LAS NUEVAS DIRECTRICES DE LA UPV/EHU. PERSPECTIVA DESDE LA MICROBIOLOGÍA.

Maite Orruño, Iñigo Azua, Ainhoa Iglesias, Mikel Iriondo, Aitor Laza, Idoia Martín, Pamela Ruiz, I. Salcedo, I. Urrutxurtu, Inés Arana.¹

¹(BioGaIT, Equipo Docente Estructurado IKD 2018 (ikdIT/EDikd), Facultad de Ciencia y Tecnología (ZTF/FCT), Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Leioa. maite.orruno@ehu.eus)

Resumen de la comunicación

La Facultad de Ciencia y Tecnología, entre 2011 y 2013, consensuó 6 Competencias Transversales (CT) comunes a todos los Grados, que fueron detalladas en 20 elementos y 3 niveles de dominio (ND) para cada uno. En 2019, la Universidad del País Vasco (UPV/EHU) estableció, para todo el alumnado, el Catálogo Común de Competencias Transversales que recoge 8 CTs que deben ser adaptadas y contextualizadas para cada Grado. El equipo docente BioGaIT, formado por profesorado de diferentes áreas de conocimiento del Grado en Biología, ha analizado, comparado y establecido las correspondencias entre ambos catálogos de CTs, elaborando una nueva propuesta para el Grado en Biología con 15 nuevos elementos y sus NDs.

Con el fin de verificar la adecuación de los nuevos enunciados de elementos y niveles, desde BioGaIT se han formulado una serie de preguntas sencillas que el profesorado fácilmente pueda relacionar con NDs y le pueda servir para analizar la implicación de la asignatura que imparte en la adquisición de CTs por parte del alumnado y, en un futuro, permita establecer un mapa sobre la progresión y desarrollo en la consecución de las CTs a lo largo del Grado.

El equipo BioGaIT, como prueba piloto, está testando estas preguntas en las asignaturas que sus miembros imparten en el Grado. Este equipo está constituido por profesorado de diferentes áreas de conocimiento y que imparte docencia en distintos cursos del Grado. En el área de Microbiología, se está trabajando con las asignaturas de Microbiología (obligatoria de 2º curso) y Microbiología Ambiental y Microbiología Aplicada (optativas de curso indiferente, 3º-4º).

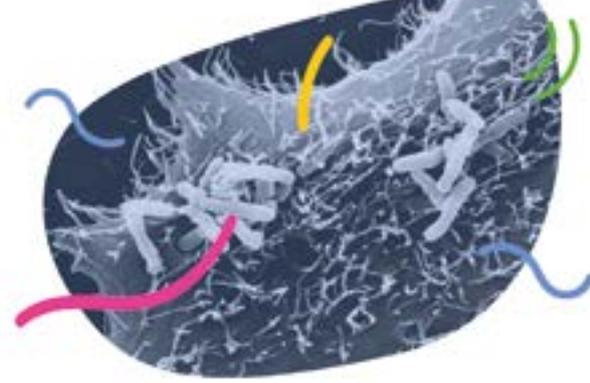
Los resultados preliminares muestran, en general, un desarrollo adecuado de los NDs de las CTs en relación con el curso de impartición de las asignaturas, si bien en algún elemento se observa cierta descompensación: niveles excesivos para 2º o insuficientes para 3º-4º.

Referencias

Uranga Iturrioz y col. 2019. Servicio Editorial de la Universidad del País Vasco.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#518 CUESTIONARIO DE AUTOEVALUACIÓN PRESENCIAL

Concepción Abrusci, Núria Gironès, José Luis Sanz , Enrique Sánchez León.¹

¹(Universidad Autónoma de Madrid, Madrid 2049, España)

Resumen de la comunicación

El proyecto de innovación docente “Cuestionario de autoevaluación presencial”, se basa en la implantación de herramientas de evaluación formativa o autoevaluación, para la adquisición de competencias. Mediante un cuestionario que permite a los alumnos de microbiología Grado de Ciencias Ambientales y el doble Grado de Ciencias Ambientales y Ordenación del Territorio afrontar con éxito los exámenes parciales u otras convocatorias (ordinarias y extraordinarias), así como aumentar su participación en las clases presenciales. El cuestionario está basado en la formulación de cuestiones teóricas esenciales y ofrecen varias opciones de respuesta, entre ellas, la respuesta correcta fundamentada. Para ello, previo a cada uno de los exámenes parciales, se presentan mediante soporte informático las preguntas. Cada una de ellas tienen cuatro opciones diferentes de respuesta. Este instrumento permite el análisis cualitativo del grupo. Este cuestionario interactivo permite al profesor conocer el nivel de conocimientos que puedan adquirir los alumnos para abordar con éxito los nuevos contenidos. Posibilita la autoevaluación del grupo de alumnos y la retroalimentación, lo que permite que el grupo de alumnos realice sus correcciones en el proceso de aprendizaje. Estimulación grupal en el desempeño de su actividad participativa.



#519 TEACHING INNOVATION IN MICROBIOLOGY BEFORE, DURING AND AFTER THE COVID-19 PANDEMIC *

Ester Fusté^{1,2*}, Teresa Vinuesa¹, Paula Espinal¹, Josep Maria Sierra¹, Guadalupe Jiménez¹, Marta Jorba¹, Enric Limón^{2,3}.

¹(Dept. of Pathology & Experimental therapeutics, Faculty of Medicine & Health Sciences, University of Barcelona - Barcelona (Spain))

²(Dept. Public Health, Mental Health and Maternal and Child Health Nursing, University of Barcelona - Barcelona (Spain). GIOTEL. Grupo de Enfermería Orientado a Técnicas Educativas Innovadoras)

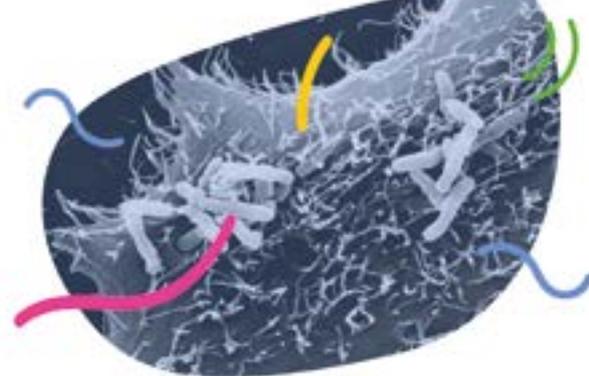
³(VINCat Nosocomial Infection Surveillance in Catalonia, Institut Català d'Oncologia, Barcelona, Spain; CIBERINFEC, Instituto Carlos III, Madrid, Spain; esterfustedominguez@ub.edu)

Resumen de la comunicación

Before the pandemic, two teaching innovation projects were initiated in the microbiology lectures of the 1st year of the Nursing Degree using gamification techniques. The first one to explain the problem of antimicrobial resistance, and the second one to explain the importance of proper hygiene in the health field. Both projects were very well accepted by the students. However, the pandemic implied novelty teaching challenges. During this period, we participated in a new project to improve oral communication in online teaching. These actions are framed within the Sustainable Development Goals: SDG3 and Good Health and Well-being and SDG4 Quality education. Results: The pre-pandemic projects were carried out in seminars. A week before, students answered a quiz to explore prior knowledge. On the day of the seminar, a video (informative pill) was shown, followed by a 15 min of theoretical explanation. Finally, a gamification activity (crosswords or quizzes with Kahoot/Socrative, etc.) was carried out. During the pandemic, the project was performed in theory classes. At the beginning, some anecdotes were explained by the teacher to motivate the students and exploratory techniques were applied to assess prior knowledge. Moreover, the objectives of the class were presented highlighting their application to real situations. During the class, participatory questions were introduced to break the fatigue curve. Finally, a synthesis of the most relevant ideas and a self-evaluation questionnaire were performed. There was an increase in student satisfaction and motivation, as reflected in surveys and higher scores on the microbiology exam compared to previous courses. Conclusions: The implementation of innovative teaching tools motivate students and encourage teachers to carry out novel actions after the pandemic. In this way, a new activity including the preparation and oral presentations in microbiology has been designed to promote collaborative work and to improve the use of scientific language.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#521 EL ESCAPE ROOM COMO ACTIVIDAD EN LA EVALUACIÓN DE LA ASIGNATURA DE MICROBIOLOGÍA I DEL GRADO DE FARMACIA

Gabriela Ángeles-de Paz¹, Antonio Serrano^{1,2}, Aurora Rosa-Masegosa^{1,2}, Paula Maza-Márquez^{1,2}, Concepción Calvo^{1,2}, Elisabet Aranda^{1,2} y Tatiana Robledo-Mahón^{1,2}.

¹(Instituto de investigación de Agua, Universidad de Granada)

²(Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada)

Resumen de la comunicación

En los últimos años se han implantado nuevas estrategias innovadoras enfocadas a mejorar la experiencia del aprendizaje basadas en recursos didácticos como la gamificación, herramienta didáctica que permite el enfoque lúdico del aprendizaje, para favorecer la motivación e implicación del estudiantado. En este proyecto se planteó el juego del escape room en la asignatura de Microbiología I del grado en Farmacia para 1) incentivar la implicación del alumnado y favorecer el aprendizaje de cara al examen final de la asignatura y 2) como alternativa al seminario de la asignatura que consiste en la exposición por parte del alumno de un tema relacionado con el temario. La iniciativa consiguió un gran interés por parte de los estudiantes, recibiendo más del doble de las solicitudes que de las plazas disponibles. Un total de 24 alumnos realizaron la actividad para resolver un enigma de 4 pruebas secuenciales adaptadas a contenido práctico y teórico de la asignatura. La resolución de todas las pruebas constituyó el 10% de la nota de la asignatura. A pesar de que no todos resolvieron el enigma, la prueba tuvo una gran aceptación e implicación por parte del alumnado que tuvo que prepararse el temario de cara a la actividad y mostraron su satisfacción por el planteamiento de la misma. Las calificaciones obtenidas por los alumnos fueron similares a las obtenidas por los que optaron a la realización del seminario. Sin embargo, hubo un mayor porcentaje de estudiantes presentados al examen final en el grupo que realizó el escape room (85%) frente al seminario (58%). Por consiguiente, el esfuerzo realizado para preparar la participación en el escape room resultó en la fidelización a la hora de realizar el examen final. También les sirvió para orientarles sobre el nivel de dificultad que deben esperar en el examen de la asignatura.

Financiación

Este proyecto de innovación docente: El escape room como técnica de estudio para la asignatura de Microbiología I (código: 22-89), ha sido financiado por la Unidad de Calidad, Innovación Docente y Prospectiva de la Universidad de Granada dentro del Plan de formación e innovación docente: Plan FIDO UGR 2022-2023. Las autoras quieren agradecer la participación de los estudiantes a esta iniciativa y al Departamento de Microbiología de la Facultad de Farmacia para la realización de las actividades del proyecto.



#522 METODOLOGÍA ABP APLICADA A UNA MATERIA OPTATIVA DE MICROBIOLOGÍA

Carmen Rioboo*, Concepción Herrero, Enrique Torres, Ángeles Cid.¹

¹(Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidade da Coruña, A Coruña, España *carmen.rioboo@udc.es)

Resumen de la comunicación

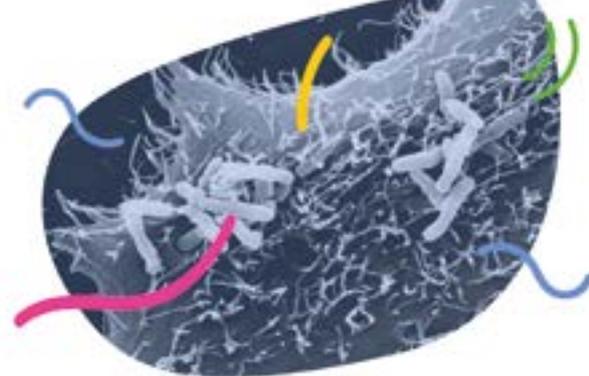
Esta propuesta de aprendizaje colaborativo se realizó en una optativa de 4º del Grado de Biología (Microbiología y Biotecnología Ambiental) como actividad de docencia en grupos reducidos, equivalente a 1 crédito ECTS. El objetivo formativo de la actividad es que los estudiantes sean capaces de 1) dimensionar un problema de contaminación ambiental, 2) reconocer criterios de selección de cepas microbianas, o el diseño de un microorganismo modificado genéticamente, adecuadas para ser aplicadas a un proceso biológico concreto, y 3) diseñar un proceso de escalado para la producción microbiana a gran escala. En la primera sesión, se establecen grupos al azar de 3-4 estudiantes y se presentan las bases del proyecto, titulado "Agua medicinal" en el curso 2022-2023. Se reparten tareas entre los integrantes del grupo donde cada uno "investigará" uno de los siguientes puntos:

1. Problemática de un contaminante (medicamento) a eliminar.
2. Microorganismo (o consorcio) candidato.
3. Condiciones de cultivo, incluyendo una propuesta de escalado hasta el nivel real.
4. Potencial utilización de microorganismos modificados genéticamente.

En las sesiones intermedias se reúne el grupo con el profesor para detallar el avance del trabajo individual. En la última sesión cada grupo entrega un informe y presenta brevemente sus resultados, eligiendo al azar a uno de los miembros. En el turno de preguntas, cualquier miembro puede contestar. La nota alcanzada por el grupo supone el 25% de la nota final de cada estudiante. Finalizada la actividad, se realiza una encuesta anónima entre los estudiantes con el fin de conocer su valoración sobre la misma. En el curso actual, la actividad alcanzó un alto nivel de interdependencia positiva entre los miembros del grupo.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#523 EMPLEO DE INFOGRAFÍAS INTERACTIVAS DIFUNDIDAS A TRAVÉS DE REDES SOCIALES Y EXPOSICIONES FÍSICAS PARA LA ENSEÑANZA DE LA MICROBIOLOGÍA

Rocío Roca-Couso^{1,2} Miguel Ayuso-Calles^{1,2}, José Luis Marcos-Sánchez^{1,2}, Ezequiel Peral-Aranega^{1,2}, Rocío Vicentefranqueira-Rodriguez^{1,2}, Paula García-Fraile^{1,2,3} y Raúl Rivas^{1,2,3}.

¹(Departamento de Microbiología y Genética, Edificio Departamental de Biología, Universidad de Salamanca, 37007 Salamanca, España)

²(Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), 37185 Salamanca, España)

³(Unidad asociada, Universidad de Salamanca -CSIC (IRNASA), 37008 Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Las redes sociales han representado una revolución en las comunicaciones y las interacciones sociales. Su utilidad no sólo se limita a las relaciones, sino que puede ser una herramienta para el conocimiento y el aprendizaje. El objetivo de este trabajo es difundir información mediante plataformas abiertas que resulten accesibles al público, como Instagram, Twitter y LinkedIn, y también a través de exposiciones en centros educativos de enseñanza primaria, secundaria y universitaria. El formato elegido fueron las infografías ya que permiten optimizar los procesos de comprensión gracias a la cantidad comprimida de información, anclada en imagen y texto. En este caso, la estrategia consistió en diseñar 12 infografías interactivas englobadas bajo el nombre de "Enfermedades infecciosas emergentes: una amenaza sanitaria global". Todas ellas cuentan con un código QR que vincula a información adicional de organismos oficiales como la OMS. Tras su difusión por redes sociales, en nuestra cuenta de Instagram con 340 seguidores, las infografías publicadas han recibido 238 "me gusta". En Twitter han conseguido alcanzar a más de 15.000 personas. Además, nuestras infografías en LinkedIn también han despertado el interés y han obtenido más de 4.000 visualizaciones. El perfil de los usuarios que han interactuado con las infografías es principalmente alumnado, pero también encontramos cuentas de laboratorios oficiales, clínicas privadas y centros de investigación. En cuanto al porcentaje poblacional relacionado con el sexo y el rango de edad, la mayoría de los usuarios son mujeres (60%) y el rango de edad principal se encuentra entre los 18 y 34 años. En conclusión, la difusión de infografías por medio de redes sociales facilita tanto el acceso como la comprensión de la información y ha resultado ser una potente herramienta para la enseñanza y divulgación de la microbiología.

Referencias

Los autores agradecen la financiación obtenida a través del proyecto de innovación docente con referencia ID2021/183.



#524 CREACIÓN DE CONTENIDO INTERACTIVO PARA FACILITAR EL APRENDIZAJE DE CONCEPTOS Y TÉCNICAS COMPLEJAS

Esther Menéndez, Zaki Saati-Santamaría, Carmen Tejedor, Pedro F. Mateos, Lorena Carro.¹

¹(Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España. lcg@usal.es)

Resumen de la comunicación

En el proyecto de innovación docente presentado en esta propuesta se pretendía la generación de material interactivo, al que los alumnos puedan acceder directamente desde un dispositivo electrónico conectado a la red, y que facilite el aprendizaje a través de elementos tipo juego (vídeo quiz, mapas interactivos, relacionar mosaicos, ruleta de palabras...). La asignatura del máster en el que se ha implantado durante este curso académico, titulada "Microbiomas y medio ambiente: un enfoque metagenómico", incluye conceptos que, en ocasiones, son difíciles de asimilar por los estudiantes al carecer de experiencia previa en la generación y análisis de ese tipo de datos (metagenómicos). Se ha elegido esta asignatura por la presencia de esos conceptos abstractos descritos anteriormente, los cuales dificultan el aprendizaje de los alumnos, y que estimábamos que podrían ser más fácilmente visualizados por los alumnos a través de la metodología propuesta. El propio reto planteado, es decir, superar los juegos o acertijos propuestos, se ha verificado como un elemento motivador y más dinámico que ayuda a fortalecer la retención de nuevos conceptos. La respuesta por parte del alumnado ha sido, en general muy positiva, indicando que el uso del material propuesto facilitaba el aprendizaje de conceptos y la identificación de ideas clave. Tanto los resultados de las encuestas como la evaluación de las respuestas obtenidas en el examen indicaron que el uso del contenido interactivo ayuda a la fijación de los conceptos por parte del alumnado.

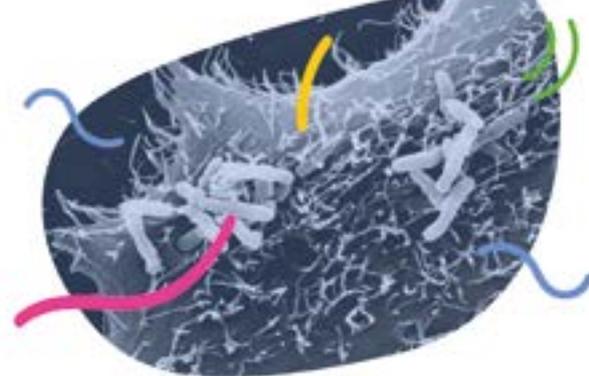
Este proyecto nos ha servido como prueba piloto para determinar la funcionalidad de estos elementos docentes generados, identificando los elementos más funcionales para los estudiantes, que serán exportados a otras asignaturas tanto de máster como de grado.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Centro de Formación Permanente de la Universidad de Salamanca, a través del proyecto de Innovación Docente ID2022/139. EM agradece un contrato EU HORIZON 2020 Marie Skłodowska Curie Actions (Grant Agreement nº 897795) and ZSS agradece un contrato cofinanciado por los fondos europeos NextGenerationEU, el "Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia," del Ministerio de Universidades y la Universidad de Salamanca ("Ayudas para la recualificación del sistema universitario español 2021-2022").

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#525 LA IMPORTANCIA Y APLICABILIDAD DE LAS LENGUAS CLÁSICAS EN LA ASIGNACIÓN DE LOS NOMBRES CIENTÍFICOS. UN CASO PRÁCTICO

Maria del Carmen Montero-Calasanz¹, Aharon Oren², Carlos Lobato³, Sergio López³.

¹ (Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera (IFAPA), Alcalá del Río, Sevilla, España)

² (The Hebrew University of Jerusalem, Israel)

³ (I.E.S. La Campiña, Arahal, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

La sistemática bacteriana es el estudio científico de la diversidad de bacterias y sus relaciones evolutivas. La clasificación de las bacterias sigue una estructura jerárquica en la que los nombres son asignados siguiendo una serie de reglas estrictas determinadas por el Comité Internacional en Sistemática de Procariotas (ICSP) entre las que destaca la asignación de los nombres en latín o griego. Con el objetivo de fomentar el interés por el conocimiento científico entre los estudiantes de Bachillerato y destacar la importancia y aplicabilidad de las lenguas clásicas (latín y griego) en ciencia, se organizó una actividad formativa llamada "I Concurso-Taller de Nomenclatura Bacteriana Give Me a Name" en la que 35 alumnos de 2º de Bachillerato de Humanidades y Ciencias trabajaron juntos en la asignación de nombres a 4 nuevas especies bacterianas que están siendo estudiadas por IFAPA. Durante 5 sesiones los alumnos aprendieron sobre caracterización microbiana y las reglas básicas de nomenclatura según ICSP. Los nombres propuestos por los estudiantes se evaluaron y las especies nuevas nombradas se publicarán en *The International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM), revista oficial de ICSP. La actividad patrocinada por la Sociedad de Microbiología Británica y respaldada por el Editor de la Lista de Validación de nombre de IJSEM tuvo una gran acogida por parte del alumnado y una gran repercusión mediática. Dado el éxito obtenido, próximas ediciones del concurso se extenderán a otros institutos interesados.

Financiación

El concurso-taller fue financiado por la ayuda Ramón y Cajal (RYC2019-028468-I) concedida a MdCMC por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad (MINECO). La actividad también contó con el apoyo de la Sociedad Británica de Microbiología.



#526 VIDEOTUTORIALES INTERACTIVOS EN MICROBIOLOGÍA: MEJORA DEL PROCESO ENSEÑANZA-APRENDIZAJE, ADAPTACIÓN A CIRCUNSTANCIAS ESPECIALES Y SOBREVENIDAS Y VIRTUALIZACIÓN DE LA DOCENCIA

Beatriz Tartilán-Choya, Carmen Tejedor, Nieves Vizcaíno.¹

¹(Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España beatarti@usal.es)

Resumen de la comunicación

Con el apoyo de dos proyectos de innovación docente concedidos por la Universidad de Salamanca (ID2021/169 e ID2022/200), se implementaron videotutoriales interactivos en dos apartados (prácticas de laboratorio y seminarios en los que se detallan procedimientos experimentales) de una de las asignaturas de Microbiología del grado en Farmacia. Se grabaron videos que cubrían íntegramente la ejecución práctica de los protocolos y el análisis de resultados. Los fragmentos de video se editaron posteriormente con Final Cut Pro para obtener 7 películas finales en las que se añadieron transiciones entre secuencias, títulos introductorios de cada división y subtítulos con breves explicaciones. En el montaje final, el audio preexistente se sustituyó por una banda sonora de fondo sobre la que se insertaron audios explicativos. Empleando la plataforma Kaltura, en la línea temporal de cada videotutorial se realizó una subdivisión en capítulos, accesibles desde un menú desplegable, y se introdujeron preguntas interactivas que el alumnado tenía que contestar. Las respuestas quedaban registradas al terminar la visualización y la calificación automática obtenida se consideró como parte de la calificación global de cada apartado de la asignatura. Los videotutoriales interactivos evaluables se integraron en la plataforma Studium de la Universidad, permaneciendo disponibles durante el curso para la preparación del examen presencial de cada apartado.

Las encuestas anónimas realizadas mostraron que una amplia mayoría de estudiantes encontró los videotutoriales de gran ayuda para la comprensión de los procedimientos, la adquisición de destrezas y la preparación de las pruebas de evaluación, considerando, además, muy conveniente su implementación en cursos académicos venideros.

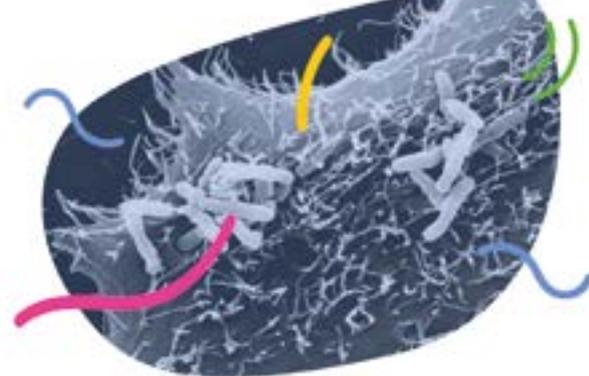
Estos videotutoriales interactivos constituyen también una herramienta fácilmente integrable en una docencia virtual y un gran soporte en caso de necesidad de adaptación tanto a circunstancias sobrevenidas, de las que la pandemia de COVID-19 es un ejemplo reciente, como a requerimientos especiales que pueda necesitar algún/a alumno/a.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos ID2021/169 e ID2022/200 concedidos por la Universidad de Salamanca. Beatriz Tartilán-Choya también es beneficiaria del Programa Investigo del Servicio Público de Empleo Estatal (convocatoria de la Universidad de Salamanca) financiado por la Unión Europea-NextGenerationEU en el marco del plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#527 RECURSOS AUDIOVISUALES RELACIONADOS CON EL ESTUDIO DE MICROBIOMAS

Lorena Carro^{1,2}, Alexandra Díez-Méndez³, Ezequiel Peral-Aranega^{1,2}, Carmen Tejedor¹, Lihúen I. González-Dominici^{1,2}, Pedro F. Mateos^{1,2,4}, Fernando Sánchez-Juanes⁵, Paula García-Fraile^{1,2,4}, Zaki Saati-Santamaría^{1,2,7*}.

¹ (Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

² (Institute for Agribiotechnology Research (CIALE), Villamayor, España)

³ (Universidad Católica de Ávila (UCAV), Ávila, España)

⁴ (Unidad Asociada Interacciones Planta-Microorganismo, USAL-CSIC (IRNASA), Salamanca, España)

⁵ (Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

⁷ (Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czech Republic. zakisaati@usal.es)

Resumen de la comunicación

En la docencia teórica de Microbiología II de los Grados impartidos en la Facultad de Farmacia (USAL) se incluyen técnicas que no son fáciles de comprender si no son realizadas o vistas de una forma práctica y/o visual. La actual pandemia ha revolucionado las metodologías docentes, mostrando que la docencia virtual es una opción viable y, en muchos casos, que puede llegar a mejorar algunos aspectos de la docencia presencial.

Debido a lo anteriormente expuesto, hemos realizado un proyecto de innovación y mejora docente en el cual hemos generado vídeos de diversas técnicas utilizadas en los laboratorios de Microbiología para (I) facilitar la adquisición de conceptos por parte de los alumnos y (II) facilitar, en un futuro, la implantación de la docencia virtual en el caso de que sea necesaria. Se han realizado vídeos mostrando cómo se realiza la extracción de ADN total de una muestra ambiental, cómo se genera una librería de secuenciación masiva y posteriormente cómo se secuencia. De esta manera se han transmitido pasos clave en el estudio de microbiomas de una manera no dependiente de cultivo. Por otro lado, se ha mostrado cómo se identifica un aislado bacteriano a través de la técnica MALDI-TOF MS/MS. Estos vídeos han sido utilizados como recurso de apoyo a la docencia presencial. En los exámenes finales se han realizado preguntas relacionadas con estos vídeos. Analizando los resultados, encontramos que hay una mejora significativa en la respuesta a las preguntas que implican conceptos explicados a través de estos vídeos que en respuesta a preguntas relacionadas con otros conceptos (ANOVA 'one-way', p-valor = 8×10^{-9}). Estos datos sugieren que la utilización de estos vídeos en la enseñanza ha mejorado el aprendizaje de los alumnos.

Financiación

Los autores agradecen el apoyo ofrecido por el Servicio de Secuenciación de ADN (NUCLEUS/USAL). Este trabajo ha sido financiado por el Centro de Formación Permanente de la Universidad de Salamanca, a través del proyecto de Innovación Docente ID2021/209. Los autores agradecen la financiación recibida por la Junta de Castilla y León a través del proyecto Escalera de Excelencia CLU-2018-04, cofinanciado por el programa P.O. FEDER of Castilla y León 2014-2020. ZSS agradece un contrato cofinanciado por los fondos europeos NextGenerationEU, el "Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia," del Ministerio de Universidades y la Universidad de Salamanca ("Ayudas para la recualificación del sistema universitario español 2021-2022").



#529 MICROMUNDO USAL: NUEVOS HORIZONTES DE DIVULGACIÓN

Javier García Martín, María Lorenzo Sánchez, Ramiro Morán Cacho, Lydia Iglesias Sánchez, Estefanía Sánchez Díaz, Sergio Rincón Padilla, Carlos Rodríguez Vázquez de Aldana, Margarita Díaz Martínez, Ramón I. Santamaría Sánchez, Beatriz Santos Romero.¹

¹ (Instituto de Biología Funcional y Genómica (IBFG) / Departamento de Microbiología y Genética, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)/Universidad de Salamanca (USAL), Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a antibióticos es un problema de salud global que va en incremento. Los últimos datos estiman que las bacterias resistentes a antibióticos produjeron 5 millones de muertes en 2019[1]. Para la OMS es prioritario desarrollar nuevos compuestos antimicrobianos, así como concienciar a la sociedad sobre el correcto uso de los antibióticos. Por tanto, la divulgación es una herramienta esencial para abordar este problema.

En 2017 la Universidad de Salamanca (USAL) se unió al Proyecto MicroMundo, coordinado desde la Sociedad Española de Microbiología y la Universidad Complutense de Madrid. MicroMundo USAL es un proyecto de aprendizaje-servicio en el que realizamos cinco sesiones en institutos de educación secundaria dirigidas por alumnos universitarios, con el objetivo de buscar nuevos productores de antibióticos, concienciar sobre las resistencias a antibióticos y fomentar vocaciones científicas en los más jóvenes. Nuestro radio de acción abarca el territorio municipal de Salamanca, así como las zonas rurales de la provincia.

Además, en MicroMundo USAL realizamos una labor de divulgación intensiva del ámbito de la Microbiología mediante distintos medios de comunicación. Nuestro objetivo es alcanzar el mayor número de público posible a través de web, redes sociales, radio y charlas divulgativas. De esta forma, podemos llegar a todas las franjas de la sociedad y facilitar el acceso a todos los aspectos relacionados con la Microbiología. Desde 2020, esto lo hemos logrado mediante publicaciones divulgativas periódicas en nuestra web, Twitter e Instagram (@micromundousal); entrevistas en programas de radio (Cadena SER, Onda Cero...); y actividades presenciales, registradas en nuestra web, con la colaboración de divulgadores de nivel nacional.

Financiación

PID2019-107716RB-I00.

Hipervínculo

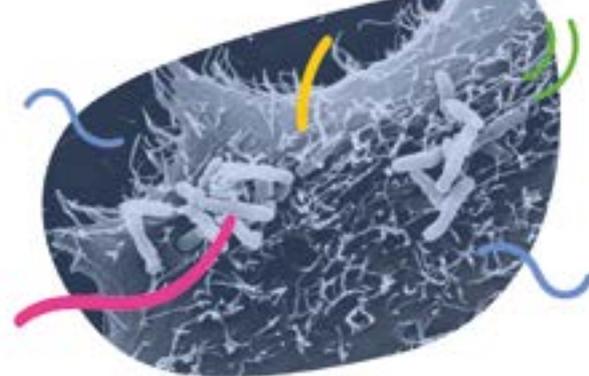
página web del Proyecto MicroMundo USAL: <https://swiusal.wixsite.com/micromundousal>

Referencias

[1] Antimicrobial Resistance Collaborators. (2022) *The Lancet*, 339: 10325.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#530 EVALUACIÓN DEL PROGRAMA MICROMUNDO COMO ACTIVIDAD CURRICULAR EN ASIGNATURAS REGLADAS.

Magdalena Martínez Cañamero¹, Natalia Andújar Tenorio¹, Antonio Cobo Molinos², M^a José Grande Burgos¹, M^a Belén Iglesias Valenzuela¹, Laura Mena Ordoñez¹, Elena Ortega Morente¹, Rubén Pérez Pulido¹, Javier Rodríguez López¹, Rosario Lucas López¹.

¹(Departamento de Ciencias de la Salud. Universidad de Jaén, Jaén, España)

²(Departamento de Microbiología. Universidad de Granada, Granada, España. canamero@ujaen.es)

Resumen de la comunicación

La iniciativa MicroMundo (antes SWI@Spain) lleva implantada en la Universidad de Jaén desde sus inicios, en el curso 2017-2018. Se comenzó gracias a un proyecto de innovación docente financiado por la Universidad de Jaén. Aunque durante ese curso se hizo un llamamiento a estudiantes del área de Microbiología para participar de manera voluntaria como SWITAS, ya desde el inicio pensamos que podría ser interesante convertir el taller en una actividad formativa curricular integrada en la docencia práctica. Por ello, en la siguiente convocatoria, el proyecto solicitado incluyó este hecho en la optativa "Virología y Bacteriología Agrícola, Ganadera e Industrial" de Biología y en la optativa de Ciencias Ambientales "Microbiología Aplicada al Medio Ambiente". Esta última es una asignatura habitualmente con pocos alumnos ya que partimos de un número bajo en nuevo ingreso y competimos con las prácticas curriculares y con otras cuatro optativas, todas ellas tradicionalmente relacionadas con la biología de campo y conservación. Esto lo hacía más fácil para comenzar el experimento, aunque también más arriesgado, ya que una pérdida de alumnos podría ser fatal. Sin embargo, evaluando los seis años desde la implantación de MicroMundo, la iniciativa ha sido todo un éxito. De un porcentaje de matriculación de 11-16% de la cohorte inicial, hemos pasado a una media del 50%, alcanzando ocasionalmente un 79% y sólo un mínimo de 30% justo durante la docencia semipresencialidad, cuando tuvimos que suprimir el programa ya que no podíamos ir a los colegios. Por supuesto, correlación no implica causa, y es esencial mencionar el extraordinario trabajo realizado en la asignatura troncal de segundo para poner en valor la Microbiología como una ciencia ambiental, pero estos resultados junto con el entusiasmo del alumnado nos indican que el programa es muy bien recibido y podría expandirse como actividad curricular a otras asignaturas del área.

Financiación

FECYT, Unidad de Cultura Científica de la UJA y Proyecto PID31_201718 del Plan de Innovación e Incentivación de las Buenas Prácticas Docentes (PI2D) del Vicerrectorado de Enseñanzas de Grado, Postgrado y Formación Permanente de la Universidad de Jaén.



#531 DESDE EL INSTITUTO HASTA LA UNIVERSIDAD Y LA INVESTIGACIÓN. EL PROYECTO MICROMUNDO EN LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE MADRID Y LA BÚSQUEDA DE ANTIBACTERIANOS

Claudia García Díaz, Carlos Pernas-Pleite, José P Abad*, Irma Marín*.¹

¹(Departamento de Biología Molecular, Universidad Autónoma de Madrid, Cantoblanco, 28049 Madrid. josep.abad@uam.es; irma.marin@uam.es)

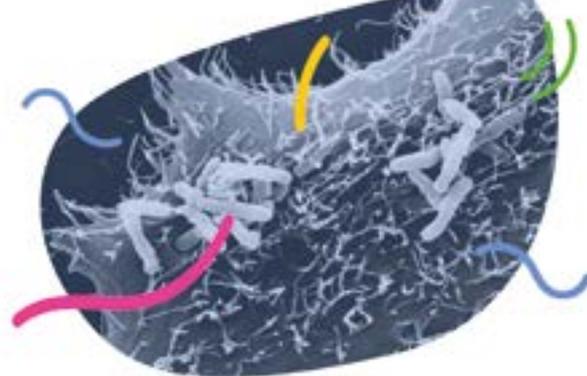
Resumen de la comunicación

Durante el curso 2021/22 continuó la implantación del proyecto SWI-MicroMundo en la UAM, una tarea que se inició en el 2019/20 con un proyecto de Innovación Docente. Los participantes fueron profesores del Departamento de Biología Molecular, 26 estudiantes universitarios pertenecientes a los grados de Biología, Bioquímica, Ciencias Ambientales, Máster en Microbiología y estudiantes predoctorales y 97 estudiantes preuniversitarios de 5 Centros Educativos de la Comunidad de Madrid.

Uno de los estudiantes universitarios (SWITAS) que participó en el proyecto propuso continuar analizando los aislados obtenidos en las prácticas ApS hasta una etapa más avanzada, como objetivo de su TFG en Biología. Así se re-rastrearon los aislados contra ocho bacterias testigo, procediendo a la identificación de los positivos según la secuencia parcial del 16SrRNA. Se partió de 243 glicerolados mantenidos a -80°C, pero 14 no pudieron ser recuperados, y 8 contenían dos bacterias distintas, que fueron reaisladas. Resultaron 239 aislados que fueron probados frente a *Acinetobacter baylii*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Bacillus subtilis*, *Micrococcus luteus*, *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis*. 183 aislados dieron positivo contra una o más de las bacterias ensayadas, mientras que el resto dieron resultados dudosos. Se procedió a la amplificación por PCR de la secuencia del gen del 16S rRNA y su secuenciación parcial. Varias especies fueron identificadas, observándose con gran frecuencia bacterias del género *Bacillus*. En la actualidad se está procediendo a la extracción de compuestos a partir de cultivos de los aislados con el fin de determinar la naturaleza de los agentes antibacterianos presentes y si se trata de compuestos conocidos o nuevos.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#532 MICROMUNDO@SEVILLA2023

Cristina Sánchez-Porro, Rafael R. de la Haba y Antonio Ventosa*.¹

¹ (Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla ventosa@us.es)

Resumen de la comunicación

Desde que en verano de 2017 acudimos al Primer Workshop SWI@Spain realizado por la Universidad Complutense de Madrid en el que se nos dio a conocer el proyecto MicroMundo (sucesor de Small World Initiative), la Universidad de Sevilla ha participado activamente en este interesante proyecto con el triple fin de acercar la problemática de la resistencia a los antibióticos a la sociedad, buscar microorganismos productores de antibióticos y despertar vocaciones científicas entre los más jóvenes. Este año hemos realizado el proyecto en 11 Centros Educativos de Sevilla con la participación en total de 425 estudiantes de Secundaria y Bachillerato. Cabe destacar la gran implicación del personal de nuestra Universidad, participando estudiantes y PDI de la Facultad de Farmacia, de la Facultad de Biología y de la Facultad de Medicina. Han participado 34 SWIPs, concretamente Tania Antón, Alba Arranz, Francisco Javier Baena, Jose Antonio Carrasco, Rocío Carvajal, Isabel Comino, Rafael R. de la Haba, Manuel de Miguel, Rocío de la Encarnación Fernández, Noris Flores, Cristina Galisteo, Ángela M^a García, Rosa García, Alicia García-Roldán, María González, Abel Heredia, M^a José León, Guillermo Martínez, Rebeca Mejías, Manuel Merinero, M^a de Lourdes Moreno, Salvadora Navarro, Eloísa Pajuelo, Francine Piubeli, Julia Rivero, Ignacio Rodríguez, Elena Romano, Cristina Sánchez-Porro, M^a Antonia Sánchez-Romero, Verónica Segura, Carolina Sousa, Dáša Straková, Malika Tami y Antonio Ventosa. Como SWITAs hemos contado con la colaboración de 13 alumnos de los Grados en Farmacia y en Biología, un número ligeramente inferior que en anteriores ediciones. Como resultado de esta actividad, aparte de la satisfacción y el gran apoyo que hemos recibido por parte de los alumnos y profesores de los Centros Educativos (como lo ponen de manifiesto las encuestas de satisfacción realizadas), hemos aislado 99 cepas con efecto antimicrobiano frente a *Bacillus* sp. y *Klebsiella* sp. Actualmente estamos analizando estas cepas en nuestro laboratorio para su identificación y caracterización.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por el VII Plan Propio de Investigación y Transferencia de la Universidad de Sevilla, mediante la Convocatoria de Ayudas para Actividades de Divulgación Científica (anualidad 2023).



#533 MICROMUNDO@UCLM: EN BUSCA DE NUEVOS ANTIBIÓTICOS CON EL SUELO COMO ALIADO

Susana Seseña, Emma Burgos, Raul Calero, Pilar Fernandez Pacheco, Marta Guadamillas, Óscar Gómez, M. Belén Hinojosa, Antonio Parra, Cristina Pintado, María Rodríguez, Iván Torres y M. Llanos Palop.¹

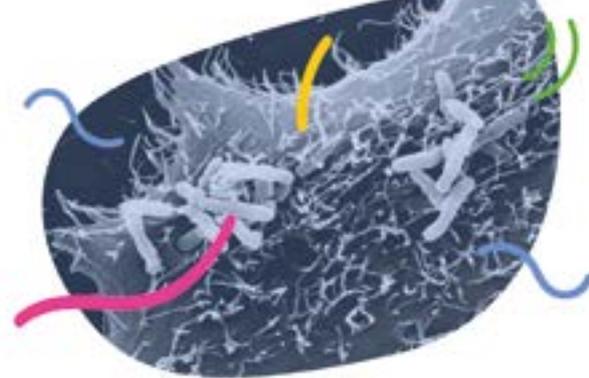
¹(Facultad de Ciencias Ambientales y Bioquímica. Toledo. Universidad de Castilla-La Mancha (UCLM).
Susana.SPrieto@uclm.es)

Resumen de la comunicación

Micromundo es la versión española del proyecto internacional Small World Initiative (SWI), un proyecto basado en una estrategia de aprendizaje-servicio y ciencia ciudadana. Su objetivo es divulgar y concienciar a la sociedad, incidiendo en los más jóvenes, acerca del aumento de la resistencia bacteriana a los antimicrobianos y al mismo tiempo trata de despertar vocaciones científicas. Micromundo@UCLM se incorporó al proyecto en el curso 2017-18 y desde entonces, y de manera ininterrumpida, ha organizado actividades en las que han participado cerca de 140 alumnos universitarios de los Grados de Ciencias Ambientales y Bioquímica y más de 2300 alumnos de secundaria y bachillerato de centros educativos (IES) de Toledo y su provincia. Como novedad, en esta última edición (2022-2023), se han incorporado actividades dirigidas a la caracterización de las muestras de suelo (utilizadas en los ensayos de antibiosis) y del ecosistema del que proceden. Para ello, se han llevado a cabo análisis sencillos de variables fisicoquímicas como el pH, la textura, el contenido de materia orgánica y la repelencia al agua del suelo. Adicionalmente, se ha creado un formulario on-line, en el que los alumnos de los IES, ayudados por sus profesores, han incluido sus resultados, con el objetivo de fortalecer la vertiente de ciencia ciudadana del proyecto. Estos datos recogen información acerca de: i) la zona de muestreo del suelo (coordenadas, vegetación, litología, climatología, etc.); ii) las variables edáficas analizadas y iii) los resultados de los ensayos de antibiosis. En esta comunicación se presentan las novedades metodológicas implementadas en el proyecto relativas al suelo, así como una descripción de los resultados recogidos en el formulario sobre qué tipos de suelos/ecosistemas son más propensos a presentar bacterias productoras de antimicrobianos. Financiación: FECYT (FCT-21-17093)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#534 DIVULGAMOS SOBRE LAS SUPERBACTERIAS MEDIANTE UNA COLABORACIÓN ACTIVA ENTRE NIVELES EDUCATIVOS A NIVEL INTERNACIONAL

Belén Fouz¹, Isabel Salas¹, Celeste Moya¹, Luz Escalera¹, Alba González¹, R. Valeria Alduina², Domenico Schillaci², Ralf Hermann³, Nazzareno Dominelli³, Karolina Kupis⁴, Iwona Sobieraj⁴, Sergi Maicas¹.

¹(Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Burjassot, España. belen.fouz@uv.es, sergi.maicas@uv.es)

²(Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche Chimiche e Farmaceutiche, Università degli Studi di Palermo, Palermo, Italia)

³(Institut für Molekulare Physiologie. Biozentrum II. Mikrobiologie und Biotechnologie, Johannes Gutenberg Universität, Maguncia, Alemania)

⁴(Department of Sociology, Uniwersytet Opolski, Opole, Polonia)

Resumen de la comunicación

En cursos académicos 2019-20 y 2020-21, profesorado y alumnado de la Universitat de València (UV) llevó a cabo el proyecto de innovación docente Divulsuperbac (DSB) en centros de educación secundaria de la Comunidad Valenciana con el objetivo de divulgar y concienciar a la comunidad educativa universitaria y preuniversitaria sobre el problema sanitario que representan las bacterias multirresistentes a los antibióticos (superbacterias). Una exposición de 14 infografías en el centro acompañada de actividades complementarias (encuestas y juegos interactivos) constituye la actividad seminal del proyecto, comisionada por alumnado universitario. Empleando estrategias colaborativas conseguimos transmitir conocimientos sobre el problema sanitario a diferentes comunidades educativas y a sus respectivos entornos sociales. El Servicio de Relaciones Internacionales de la UV respalda acciones de movilidad, con especial énfasis aquellas realizadas en el marco de la alianza europea FORTHEM a la que pertenece la universidad. En este contexto, la actividad DSB se exportó a la Università degli Studi de Palermo (Italia), la Johannes Gutenberg Universität de Mainz (Alemania) y la Uniwersytet Opolski de Opole (Polonia) de la alianza a lo largo de 2022 y 2023. En la etapa inicial, profesorado y alumnado de estas universidades se formaron en las metodologías DSB y las infografías se tradujeron al idioma de la alianza (inglés) y a las lenguas propias de cada país. La siguiente etapa fue la implementación de la actividad DSB en escuelas de educación secundaria del entorno geográfico de cada universidad. La previsión de hacerlo en otras universidades FORTHEM será objeto de una nueva fase de internacionalización del proyecto. En conclusión, la interacción entre alumnado y profesorado de diferentes niveles educativos de los cuatro países ha resultado altamente enriquecedora y ha permitido mejorar competencias cognitivas y sociales a todos los participantes en el proyecto.

Financiación

Proyecto cofinanciado por: Vicerrectorado de Políticas de Formación y Calidad Educativa (UV-SFPIE-PID21-1641321 y UV-SFPIE_PID22-CON-2075782); Servicio de Relaciones Internacionales de la UV (FORTHEM 612489-EPP-1-2019-1-DE-EPPKA2-EUR-UNIV) y programa Erasmus+ de la Unión Europea; Ayudas Fora de classe al estudiantado para la realización de actividades socioculturales de la UV, 2023.



#537 ¿HACER UN PÓDCAST PARA APRENDER MICROBIOLOGÍA?

José Manuel Molina Guijarro, Manuel Hernández, José Ramón de Lucas, Juana Rodríguez, María Isabel Gegúndez, Carmen Fajardo, Juan Soliveri. ¹

¹(Departamento Biomedicina y Biotecnología. Unidad Docente de Microbiología. Universidad de Alcalá. Alcalá de Henares (Madrid), España)

Resumen de la comunicación

Los podcasts son una potente herramienta para la comunicación y el entretenimiento, con un crecimiento constante a nivel mundial y un uso cada vez mayor para el aprendizaje de distintas materias. En este trabajo se presentan los resultados de la segunda edición de un proyecto en el que hemos estudiado la utilidad de este formato para las asignaturas universitarias de Microbiología. Se ha trabajado en 2 asignaturas obligatorias de Microbiología general, de los grados de Biología y Biología Sanitaria de la Universidad de Alcalá. Los estudiantes que han cursado estas asignaturas debían realizar un pódcast de aproximadamente 5 minutos resumiendo el contenido expuesto en un seminario. Los temas que han trabajado los estudiantes incluyen aspectos de interés y actualidad en la Microbiología como la resistencia a antimicrobianos, los bioplásticos o la relación de la microbiota con la salud, entre otros. Han participado 172 estudiantes que han realizado 72 pódcast, tratando 18 temas diferentes. El objetivo del trabajo ha sido triple: por un lado, mejorar las habilidades de comunicación científica de los estudiantes; por otro, recoger su valoración sobre la utilidad de esta actividad para el aprendizaje de los contenidos de Microbiología y, por último, evaluar si se ve mejorado este aprendizaje, respecto a cursos anteriores, mediante una prueba escrita. En esta nueva edición del proyecto, el mejor pódcast de cada tema se ha publicado en el portal iVoox, lo que ha supuesto un incentivo para que los estudiantes desarrollaran su creatividad y compromiso con esta actividad. Los resultados del proyecto han sido muy positivos. La valoración general es que la actividad contribuye a mejorar su aprendizaje y habilidades de comunicación. Además, la inclusión de una bonificación adicional en forma de publicación en una plataforma online ha supuesto un estímulo importante para la mayoría de los estudiantes.

Financiación

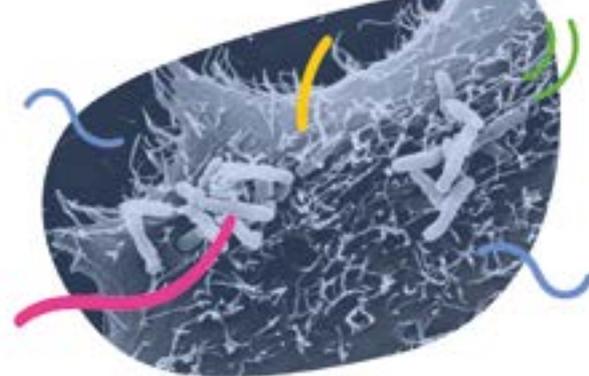
Proyecto de Innovación Docente de la Universidad de Alcalá; ref. UAHEV/1416.

Hipervínculo

https://www.ivoox.com/podcast-podcast-micro-temporada-22-23_sq_f11754742_1.html

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#538 DISEÑO DE CONTENIDOS INCLUSIVOS Y REMODELACIÓN DE UNA ASIGNATURA PARA UNA DOCENCIA “SIN BARRERAS”

Ezequiel Peral-Aranega^{1,2}, Alexandra Díez-Méndez³, Zaki Saati-Santamaría^{1,2,4}, Ainhoa Sarmiento-García¹, Esther Menéndez^{1,2}, Pedro F. Mateos^{1,2,5}, Paula García-Fraile^{1,2,5,*}.

¹(Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca)

²(Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), 37185 Salamanca, España)

³(Universidad Católica de Ávila (UCAV), Calle Canteros s/n, 05005 Ávila, España)

⁴(Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Prague, Czech Republic)

⁵(Unidad Asociada de Interacción Planta-Microorganismo, Universidad de Salamanca-IRNASA-CSIC, 37008 Salamanca, España paulagarciafraile@usal.es)

Resumen de la comunicación

El Informe Mundial sobre la Discapacidad publicado en 2011 por la OMS estima que un 15% de la población mundial vive con alguna forma de discapacidad. Dentro del sistema universitario español, durante el curso 2019/2020, hubo 22.818 estudiantes con discapacidades. Estas personas tienen mayores limitaciones a nivel educacional y, por tanto, de inserción al mercado laboral.

A fin de garantizar la inclusión de estas personas, propusimos como objetivo adaptar recursos y metodologías docentes incluidas en la asignatura “Microbiología II” del Grado en Farmacia de la Universidad de Salamanca para hacerlas más accesibles a personas en distintas situaciones de discapacidad.

En primer lugar, analizamos los problemas que estos alumnos se encuentran durante el proceso de enseñanza-aprendizaje. Gracias a ello detectamos que el material de apoyo a las clases de teoría que ofrecemos en Moodle no es aprovechable para todos los alumnos, por lo que decidimos renovar estos recursos de la siguiente manera: (I) Utilizar formato PDF, ya que es inmutable e incluye la opción “Lectura en voz alta”, indexando directamente al contenido con hipervínculos, (II) Utilizar pautas de “lectura fácil”, siguiendo una serie de formatos de escritura y formas de expresión (p.e., tamaño y tipo de letra, lenguaje sencillo y claro, frases cortas), (III) No usar imágenes que problemáticas (p.e. para alumnos daltónicos) e incluir descripciones orales de las imágenes. Además, hicimos un desarrollo de clases prácticas de laboratorio con alumnos con diversas discapacidades, adaptando los contenidos y la accesibilidad. Finalmente, ante la pluralidad de las dificultades a las que pueden enfrentarse los alumnos, establecimos un plan de flexibilización mediante tutorías personales para solucionar problemas relacionados con la inclusión, y adaptamos la evaluación de la asignatura a cada caso.

Tras la evaluación interna de deficiencias y las aportaciones de asociaciones de discapacitados, concluimos que esta metodología ha mejorado el proceso de enseñanza-aprendizaje y consideramos que permitirá proponer metodologías más inclusivas de elaboración de recursos docentes.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Centro de Formación Permanente de la Universidad de Salamanca, a través del proyecto de Innovación Docente ID2022/208. Los autores agradecen la financiación recibida por la Junta de Castilla y León a través del proyecto Escalera de Excelencia CLU-2018-04, cofinanciado por el programa P.O. FEDER of Castilla y León 2014–2020.. Los autores agradecen también a la fundación Fundabem por la colaboración.



#539 DIFUSIÓN DEL CONOCIMIENTO DEL MICROBIOMA HUMANO EN EDUCACIÓN SUPERIOR: ELABORACIÓN DE UN MANUAL SOBRE MICROBIOTA INTESTINAL Y PROBIÓTICOS EN NUTRICIÓN

Ana López-Moreno, Alfonso-Torres-Sánchez, Pilar Ortiz, Gracia Luque, Emilio Gómez-Vázquez, Antonio Matilla-Serrano, Mercedes Monteoliva-Sánchez, Margarita Aguilera, Alicia Ruiz-Rodríguez**.

¹(Laboratorio de Microbiota. Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos "José Mataix" (INYTA), Universidad de Granada, 18016 Granada, España)

Resumen de la comunicación

La microbiota está generando un interés creciente en la sociedad, el sector empresarial y el ámbito clínico. Por ello, la formación de los futuros profesionales de la salud requiere una preparación especializada basada en conocimiento contrastado y derivado de los avances de investigación específicos en esta materia. Estamos empezando a entender mejor el papel que juegan las comunidades microbianas en la homeostasis del hospedador humano y la relación de la microbiota con multitud de patologías.

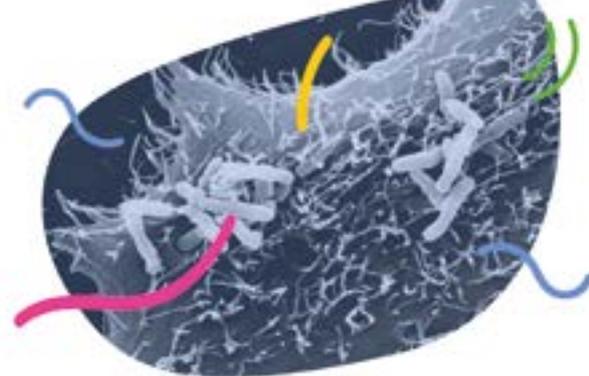
En este contexto, los investigadores del Laboratorio de Microbiota del Instituto de Nutrición en diferentes fases de formación: grado, máster, predoctoral, posdoctoral, junto a profesores del Departamento de Microbiología de la Facultad de Farmacia de la Universidad de Granada hemos elaborado un libro manual para la difusión del conocimiento del microbioma humano, centrándonos en la información científica de la microbiota del tracto gastrointestinal y los probióticos en nutrición y salud.

El objetivo principal del documento fue diseñar una herramienta didáctica para facilitar el proceso de enseñanza-aprendizaje universitario y complementario a las lecciones expositivas, actividades prácticas, seminarios y trabajos autónomos de una asignatura optativa del Grado en Nutrición Humana y Dietética. Sin embargo, y dado el interés creciente de la microbiota en la salud, queremos ampliar la difusión del documento en la misma facultad para la formación de nutricionistas, farmacéuticos y tecnólogos de alimentos. Además, el documento se puede utilizar como soporte en determinados módulos de máster: probióticos microbianos, etc.

En resumen, los resultados presentados en el manual se derivan de los últimos avances científicos y estarán contrastados con futuras investigaciones en el área de estudio de forma continuada. Resaltamos que la colaboración y los aportes específicos de los autores ha sido muy efectiva. Así mismo, la mentorización durante la elaboración del manual va a repercutir positivamente en la capacitación docente del personal investigador.

Referencias

"Microbiota Intestinal y Probióticos en Nutrición" ISBN: 978-84-19494-29-0.



COMUNICACIONES PÓSTER

Hongos Filamentosos y Levaduras

#33 TÉCNICA DE GENOTIPADO PARA LACHANCEA THERMOTOLERANS, UNA HERRAMIENTA PARA EL CONTROL BIOLÓGICO DE LA ACIDEZ EN VINOS

Javier Vicente Sánchez¹, Santiago Benito Sáez², Eva Navascués López-Cordón^{2,3}, Domingo Marquina Díaz¹, Antonio Santos De La Sen¹.

¹ (UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID, Madrid, España)

² (UNIVERSIDAD POLITÉCNICA DE MADRID, Madrid, España)

³ (Pago de Carraovejas S.L.U, Peñafiel, España)

Resumen de la comunicación

Una de las consecuencias del cambio climático en el sector vitivinícola es la falta de acidez en los mostos de uva. Para solventar ese problema, los enólogos poseen diferentes alternativas, basadas tanto en abordajes fisicoquímicos como biológicos. En el plano de las alternativas biológicas, *Lachancea thermotolerans*, una levadura que tiene el potencial de tolerar las fisicoquímicas del vino, ha surgido como una alternativa prometedora para el control del pH durante la vinificación y, actualmente, es la levadura más valiosa utilizada para el control de la acidez en el vino debido a su capacidad de producción de ácido láctico. En este trabajo hemos desarrollado un método para el genotipado de *L. thermotolerans* basado en la amplificación de microsátélites mediante una PCR multiplex. Este método, específico y sensible, se empleó para distinguir entre 103 cepas de colección obtenidas de diferentes fuentes geográficas y de aislamiento, para luego testarlo frente 429 aislamientos de *L. thermotolerans* de varias bodegas y cosechas. La técnica resultó específica para *L. thermotolerans*, no mostrando amplificación para otras especies, además de extremadamente sensible, siendo capaz de diferenciar hasta el 97% de las cepas de la colección. La diversidad genética en aislados de *L. thermotolerans* provenientes de un mismo viñedo es extremadamente alta, conservándose a lo largo de las cosechas estudiadas. Además, la técnica se verificó para el control de la fermentación y la implantación de cepas en fermentación. El procedimiento, concebido para simplificar la metodología disponible para el genotipado de *L. thermotolerans*, es fácilmente implementable en laboratorios con una mínima infraestructura. Este método se puede emplear para diferenciar cepas de *L. thermotolerans* en programas de selección, así como para seguir la implantación de cepas inoculadas durante la vinificación con resultados óptimos. Los resultados mostraron que es posible un seguimiento adecuado de cada cepa.

Financiación

Este trabajo ha sido realizado bajo el amparo del Proyecto LOWPH-WINE (IDI-20210391) enmarcado en el Programa Estratégico de Consorcios de Investigación Empresarial Nacional (CIEN-CDTI) y del proyecto VinSegClim (PID2020-119008RB-I00) del Ministerio de Ciencia e Innovación.



#89 PICHIA PASTORIS: UN SISTEMA PARA EXPRESAR LA DYP DE IRPEX LACTEUS

Felipe De Salas De La Cuadra, Laura Isabel De Eugenio Martínez, María Jesús Martínez Hernández.¹

¹(CIB CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las peroxididasas que decoloran tintes (DyPs) son hemo peroxididasas con gran afinidad por colorantes recalcitrantes, tipo azo y antraquinónicos, por lo que pueden tener interés biotecnológico, especialmente en procesos de biorremediación. Aunque todas las DyPs comparten dos dominios de plegamiento tipo ferredoxina, pertenecen a distintos grupos. Las de bacterias y arqueas a los grupos A, B o C y las de hongos al D, siendo estas más eficientes (1). El rol fisiológico de estas enzimas no está claro, aunque puede estar relacionado con la degradación de la lignina y la oxidación de compuestos no fenólicos. El hongo *Irpex lacteus* produce una DyP con alta eficacia catalítica sobre colorantes recalcitrantes, que es muy estable a pH y temperatura y presenta mayor resistencia al H₂O₂ que otras peroxididasas (2). Esta enzima, fue clonada y expresada en *Escherichia coli* en cuerpos de inclusión y, tras su plegado y activación, fue caracterizada. Mantuvo su actividad sobre los colorantes y, como la enzima nativa, oxidó alcohol veratrílico, aunque fue menos estable a pH y temperatura (3). En el presente trabajo esta enzima se ha expresado en la levadura *Pichia pastoris*, considerada un organismo GRAS, que permite la secreción de la DyP en su forma madura. La enzima, purificada y caracterizada, mostró mayor glicosilación que la nativa, siendo más estable a temperatura y pH que la enzima expresada en *E. coli*. También mostró mayor afinidad, aunque similar eficacia catalítica, frente a RB5 (reactive black 5) y 2,6-dimetoxifenol que la expresada en *E. coli*. Actualmente se está completando su caracterización y aplicando en distintos procesos biotecnológicos.

Financiación

-Producción Sostenible para la Producción Sostenible y la Simbiosis Industrial en la Comunidad de Madrid (RETO-PROSOST-2-CM, P2018/EMT4459, 2019-2022).

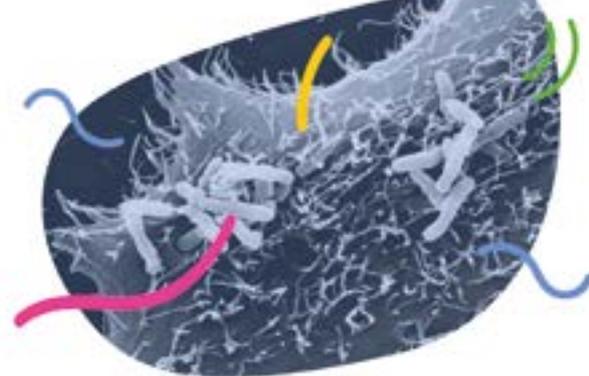
-Biofuels Production from Syngas Fermentation for Aviation and Maritime Use"(BioSFerA). H2020-LC-SC3-2019-NZE-RES-CC-884409.

Referencias

1. Chao y col. (2016) *Physical Sciences Reviews*. 1: 201600512.
2. Salvachúa y col. (2013) *Applied and Environmental Microbiology* 79: 14.
3. De Eugenio y col. (2021) *Journal of Fungi*. 7: 325.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#92 WALL INCORPORATION OF THE β -1,3-GLUCAN CROSSLINKING PROTEIN PIR1 IN CANDIDA ALBICANS IS FACILITATED BY TWO OR MORE PIR REPEAT UNITS

María Alvarado González¹, Ana Esther Moreno Martínez¹, Miguel Micó², Jesús Alberto Gómez Navajas¹, Joaquín Bartolomé Álvarez³, Verónica Mixao⁴, Toni Gabaldón⁴, Elena Eraso⁵, Eulogio Valentín², Piet W.J. De Groot¹.

¹(Centro Regional de Investigaciones Biomédicas, Albacete, España)

²(GMCA Research Unit. Departamento de Microbiología y Ecología. Universidad de Valencia, Valencia, España)

³(Complejo Hospital Universitario de Albacete, Albacete, España)

⁴(Barcelona Supercomputing Centre (BSC-CNS), Barcelona, España)

⁵(Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología. Universidad del País Vasco, Leioa, España)

Resumen de la comunicación

Candida albicans is the most prevalent *Candida* species causing infections in humans. Its cell wall is an essential organelle providing cellular strength and protection against adverse environmental factors, and is the first point of host-pathogen interaction. Pir cell wall proteins are thought to reinforce the polysaccharide network of the wall by making multiple covalent connections to β -1,3-glucans through Pir repeat units. *C. albicans* contains two PIR genes; Pir1 is an alkali-sensitive wall protein with multiple internal repeats, whereas Pir32 contains a single repeat unit and has never been identified in the cell wall. Previous studies with *C. albicans* PIR mutants documented contrasting results about their importance for cell wall integrity, prompting us to characterize these genes, especially PIR1, in detail. Homozygous PIR1 but not PIR32 null mutants presented light wall-related phenotypes, the most interesting being a diminished binding to laminarin consistent with its proposed role in β -1,3-glucan binding. Further, mutagenesis studies showed that at least two Pir repeats are needed for covalent wall incorporation and functionality of *C. albicans* Pir1. This is supported by structure modeling showing Pir1 as a protein with a predominant anti-parallel β -sheet core surrounded by an external loop where all repeat units except one are located. Site-directed mutagenesis of amino acids in the repeats in a two-repeats truncated Pir protein demonstrated their importance for Pir1 incorporation. In conclusion, our work provides novel mechanistic insights into covalent wall incorporation of Pir1 supporting a role in strengthening the cell wall glucan network of the pathogenic yeast *C. albicans*.

Financiación

Junta de Comunidades de Castilla-La Mancha: SBPLY/19/180501/000356

Ministerio de Ciencia e Innovación: PID2020-117983RB-I00



#107 CHARACTERIZATION OF ADHESIN-LIKE WALL PROTEINS IN CANDIDA GLABRATA CLINICAL ISOLATES: A STICKY BUSINESS

María Teresa Blázquez Muñoz¹, Jordan Fernández Pereira¹, María Alvarado González¹, Viktoria Reithofer², Emilia Gómez Molero¹, Jesús Gómez Navajas¹, Elena Eraso Barrio³, Lars-Oliver Essen², Piet De Groot¹.

¹(Centro Regional de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Castilla-La Mancha (UCLM), Albacete, España)

²(Universidad Philipps, Marburgo, Alemania)

³(Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología. Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao, España)

Resumen de la comunicación

The opportunistic fungal pathogen *Candida glabrata* ranks second as etiological agent of candidiasis worldwide. It is responsible for high mortality rate systemic infections, and its resistance to first-line antifungal treatments limits therapeutic options. As a result, *C. glabrata* has become a major public health concern. *C. glabrata* seems to have acquired a unique set of pathogenesis attributes, different from those of *Candida albicans*. A remarkably feature is its large repertoire of predicted cell wall adhesins (more than 70), considered to be crucial for its success as a pathogen because of their role in biofilm formation and adhesion to host tissues or abiotic surfaces. Based on homology of their N-terminal domains, these putative adhesins were originally categorized into seven phylogenetic clusters. Our previous proteomic studies led to identification of novel adhesins and revealed that high biofilm-forming (HBF) clinical isolates show increased incorporation of these proteins, especially from clusters III, V, and lectin-like Epa cluster I. Here, we present our progress in the analysis of cluster III and V adhesin-like wall proteins. Phenotypic characterization studies demonstrated the importance of cluster V proteins Awp2, Awp4, and Awp11 in biofilm formation, polystyrene adhesiveness, and other surface-related phenotypes. Moreover, characterization of cluster III adhesin Awp14 pointed to a subtle role in cell-cell interactions, possibly related to chitin binding. Resolved crystal structures of the ligand-binding domains of two putative cluster VI adhesins showed a parallel right-handed β -helix linked to a C-terminal β -sandwich, very similar to the Iff/Hyr family of *C. albicans*. AlphaFold modeling showed that this motif is conserved in all cluster III, V, VI, and VII adhesins. We propose that, apart from the C-type lectin PA14-domain for Epa and cluster II Pwp proteins, *C. glabrata* can count on more than 40 proteins with β -helix/ α -crystallin domains for colonizing different host niches by adhesion.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO) [SAF2013-47570-P, SAF2017-86188-P, y PID2020-117983RB-I00] y el Gobierno de Castilla-La Mancha [SBPLY/19/180501/000114 y SBPLY/19/180501/000356], cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER).

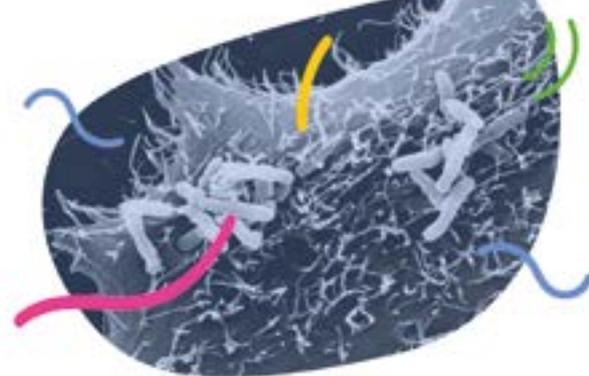
Referencias

Pereira y col. (2021) *Front Cell Infect Microbiology* 11:e790465

Reithofer y col. (2021) *PLoS Pathogens* 17(12):e1009980

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#113 OBTENCIÓN DE LEVADURAS QUE INDUZCAN UNA RESPUESTA INMUNITARIA PROTECTORA FRENTE A LA INFECCIÓN POR SARS-COV-2

Alejandro Sanz Rodríguez, Isabel Cortés Prieto, Marina Álvaro Moya, Daniel Prieto, Rebeca Alonso-Monge, Jesús Pla, Elvira Román.¹

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Muchas vacunas, aun siendo bastante efectivas, generan una pobre respuesta inmunitaria en mucosas, principal portal de entrada de agentes infecciosos. El desarrollo de vacunas de administración oral puede resolver este problema, puesto que a priori inducirían no solo una elevación de niveles de IgG séricas sino de también de tipo IgA, evitando así la infección. Una de las áreas de trabajo de nuestro grupo es el desarrollo de vacunas basadas en levaduras comensales o probióticas que puedan ser utilizadas para expresar inmunógenos seleccionados de patógenos. Como prueba de concepto, hemos construido diferentes plásmidos para la expresión del dominio de unión al receptor ACE2 del SARS-CoV-2 (RBD), tanto en *Candida albicans* como en *Saccharomyces boulardii*. En primer lugar, optimizamos in silico la secuencia de la región RBD para adaptarlo al uso de codones en *C. albicans*. Esta secuencia, epitopada con HA, se insertó en vectores que permiten una expresión intracelular regulada por doxiciclina (en *C. albicans*), una expresión intracelular (en *S. boulardii*) y una expresión y anclaje a pared celular (*S. boulardii*). Mediante inmunoblot hemos detectado la correcta expresión de la proteína de fusión RBD-HA en cada una de las cepas. El potencial vacunal de las distintas levaduras recombinantes está siendo evaluado utilizando un modelo de colonización intestinal en ratones C57BL/6 mediante el análisis de la respuesta humoral (por ELISA) y la respuesta celular (citometría de flujo).

Financiación

PR38/21-32 ANTICIPA-CM Anticipación y prevención de COVID-19 en la Comunidad de Madrid.



#147 LA ADHESINA ALS9 DE *CANDIDA ALBICANS* ES UN INMUNÓGENO EN EL INTESTINO DE RATÓN

Marina Álvaro Moya, Isabel Cortés Prieto, Daniel Prieto, Alejandro Sanz, Alba Blesa, Elvira Román, Jesús Pla, Rebeca Alonso Monge.¹

¹ (Departamento de Microbiología y Parasitología, IRYCIS, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Resumen de la comunicación

Candida albicans expresa en su superficie diversas adhesinas que le permiten la unión a distintos sustratos y que contribuyen a su patogenicidad. Entre las adhesinas más importantes se encuentra la familia ALS (Agglutinin-Like Sequences). Pertenecientes a esta familia, Als1 y Als3 se han descrito como proteínas inmunógenas capaces de desencadenar una respuesta adaptativa humoral basada en la producción de IgAs en modelos de comensalismo murino¹. Nuestro grupo ha demostrado que el mutante als9Δ colonizan mejor el intestino de ratón. Por ello, decidimos estudiar el papel de Als9 en la colonización gastrointestinal y en la inducción de una respuesta adaptativa específica. La sobreproducción de ALS9 en una cepa *flo8Δ* no filamentosa de *C. albicans*, permite su detección por IgAs procedentes de heces de ratones previamente colonizados por cepas silvestres. Esta misma cepa se establece como comensal a niveles similares a la cepa control (*flo8Δ*-RFP) en ratones C57BL/6. Estos resultados indican que Als9 actúa como inmunógeno en ratón, aunque no genera una respuesta suficientemente potente para eliminar a *C. albicans* del intestino. *ALS9* es el único gen dentro de la familia ALS que presenta variación alélica en su región codificante (*ALS9-1*, *ALS9-2*), presentando *ALS9-2* dos bloques variables (VB1, VB2) en el extremo 3' ausentes en el dominio 3' de *ALS9-1*. *ALS9-2* es más prevalente en cepas clínicas y se asocia con una mayor adhesión al endotelio celular². Hemos analizado la prevalencia de ambos alelos en una colección de aislamientos de *C. albicans*, observándose que el 60% de las muestras procedentes de hospital presentan ambos alelos, mientras que, en individuos sanos, el 57% fueron homocigoto para el alelo *ALS9-2*. En ensayos futuros se analizará el papel de ambos alelos de *ALS9* en la colonización en un modelo de comensalismo murino y en la inducción de una respuesta inmunitaria específica

Financiación

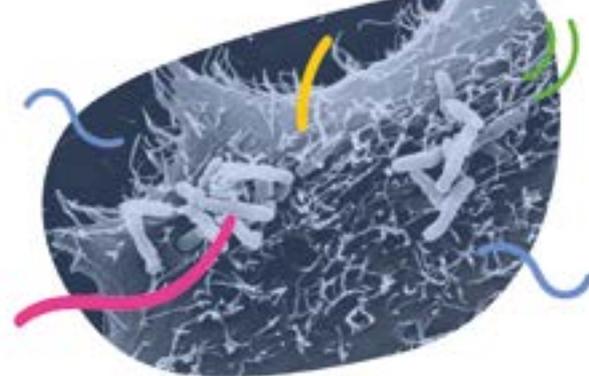
PID2021-122648NB-I00, Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Proyectos de Generación de conocimiento.

Referencias

1. Ost, K. S. et al. Adaptive immunity induces mutualism between commensal eukaryotes. *Nature* 596, 114–118 (2021).
2. Zhao, X., Oh, S.-H. & Hoyer, L. L. Unequal contribution of ALS9 alleles to adhesion between *Candida albicans* and human vascular endothelial cells. *Microbiology (Reading)* 153, 2342–2350 (2007).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#220 "FAUNA, CAMBIO CLIMÁTICO Y CANDIDA AURIS"

Alba Ruiz Gaitán^{1,2}.

¹(Hospital Universitario y Politécnico la Fe, Valencia, España)

²(Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, VALENCIA, España)

Resumen de la comunicación

La climatología de la tierra ha ido variando a lo largo del tiempo, pero los cambios actuales se producen a un ritmo más rápido producto de la actividad humana. Las repercusiones del cambio climático tienen un gran alcance y afectan a al medio ambiente, la economía y la salud humana. Una de las preocupaciones relacionadas con el cambio climático es el aumento de la incidencia de las enfermedades infecciosas, entre ellas las fúngicas que afectan a humanos y animales, y que puede dar lugar a la emergencia de nuevos hongos patógenos y a brotes epidémicos. *Candida auris* es un hongo patógeno emergente multirresistente que se identificó por primera vez en Japón en 2009. Desde entonces, se ha propagado rápidamente por todo el mundo, causando brotes nosocomiales en centros hospitalarios en más de 45 países. Uno de los rasgos más desconcertantes de *C. auris* es la aparición simultánea e independiente de cinco clados genéticamente distintos en los tres continentes. El origen exacto de *C. auris* aún no está claro, pero se ha propuesto el calentamiento global como un factor que contribuye a esta aparición, debido a la termotolerancia que presenta en comparación con otras especies filogenéticamente relacionadas. Esta hipótesis postula la adaptación de *C. auris* a un medio más cálido a partir de un reservorio ambiental, posiblemente en humedales o en ecosistemas oceánicos, y ser posteriormente transportada por aves migratorias a otras zonas del planeta donde, tras transmisión interespecífica en zonas rurales, tuvo lugar la colonización del ser humano y su posterior aparición en el ámbito sanitario. Teniendo en cuenta este concepto, para la adecuada comprensión de las nuevas pandemias y de la emergencia y propagación de nuevos patógenos, es fundamental asumir que la salud humana, la sanidad animal y el medioambiente son interdependientes, conformando el concepto denominado "One Health".

Referencias

1. Lockhart SR, Etienne KA, Vallabhaneni S, et al. Simultaneous emergence of multidrug resistant *Candida auris* on 3 continents confirmed by whole-genome sequencing and epidemiological analyses. *Clin Infect Dis*. 2017;64(2):134-140. doi: 10.1093/cid/ciw691
2. Garcia-Bustos V, Cabañero-Navalon MD, Ruiz-Gaitán AC, Salavert M, Tormo-Mas MÁ, Pemán J. Climate change, animals, and *Candida auris*: insights into the ecological niche of a new species from a one health approach. *Mar 17:S1198-743X(23)00132-5*. doi: 10.1016/j.cmi.2023.03.016. Epub ahead of print. PMID: 36934871.



#285 MICROBIOMA PULMONAR Y MEDIOAMBIENTE

Pablo Navarro Sempere¹, Beatriz Gálvez Martínez², Violeta Esteban Ronda³, María Beatriz Amat Humaran², Miguel Rodrigo Valverde Urrea⁴, Eusebi Chiner Vives³, Consuelo Ferrer Rodríguez⁵, María Francisca Colom Valiente⁵.

¹(Dpto. Producción vegetal y Microbiología. Facultad de Medicina. Universidad Miguel Hernández, Sant Joan d'alacant, España)

²(Servicio de Neumología. Hospital Universitario del Vinalopó., Elche, España)

³(Servicio de Neumología. Hospital Universitario de Sant Joan D'Alacant, Sant Joan d'alacant, España)

⁴(Dpto. de CC del Mar y Biología Aplicada. Universidad de Alicante, Alicante, España)

⁵(Dpto. Producción Vegetal y Microbiología. Facultad de Medicina. Universidad Miguel Hernández. Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante, Sant Joan d'alacant, España)

Resumen de la comunicación

Contexto: El microbioma es un ámbito de estudio que ha suscitado gran interés en las últimas dos décadas. La presencia/ausencia de grupos microbianos concretos en un tejido humano, y su abundancia y diversidad, se están relacionando con la situación fisiopatológica del mismo. En este contexto, realizamos un estudio que pretende conocer la composición del micobioma de la vía respiratoria baja (VRB) y la influencia que el entorno ejerce en el mismo y viceversa.

Objetivo: Estudiar la composición del micobioma de la VRB y del ambiente doméstico de los mismos pacientes, valorando la posible interrelación entre ambos.

Métodos: Se seleccionaron 9 pacientes sin patología infecciosa y que accedieron a la toma de muestras tanto de LBA como de su domicilio. Las muestras de ambiente se recolectaron del polvo doméstico de los domicilios de los pacientes empleando placas con medio expuesto e hisopos. Todas las muestras se sometieron a estudio mediante técnicas de secuenciación masiva, además de técnicas convencionales de laboratorio basadas en el cultivo.

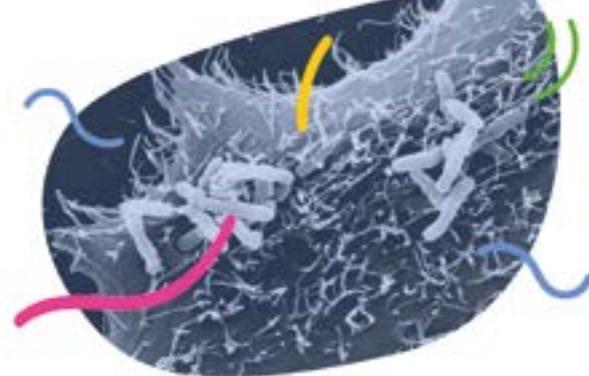
Resultados: Se analizaron en total 18 muestras correspondientes a 9 LBA y 9 de ambiente doméstico.

El micobioma cultivable fue muy abundante en las muestras obtenidas del ambiente doméstico y pobre en las procedentes de LBA. La secuenciación masiva proveyó, sin embargo, abundante detección de especies de ambos entornos muchas de las cuales se obtuvieron también en el cultivo de las muestras de polvo, pero no en las de LBA. La presencia de hongos filamentosos es significativamente más importante en el entorno que en el pulmón, y en todos los casos, el pulmón tiene mucha menor diversidad que el polvo doméstico.

Discusión: El micobioma doméstico y aquel presente en la VRB mostró una alta concordancia en cuanto a detección de especies por secuenciación, aunque hay importantes diferencias en la abundancia y diversidad de microorganismos viables.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#365 ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA DE PRODUCTOS BIOACTIVOS BASADOS EN BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS FRENTE A CANDIDA AURIS

José Manuel Pérez¹, Alejandro López¹, Laura Escrivá², Giuseppe Meca², Alba Ruiz³.

¹ (Instituto de Investigación Sanitaria Hospital La Fe - Valencia (España), Valencia, España)

² (Nutrición y Bromatología. Universidad de Valencia, Valencia, España)

³ (Hospital La Fe - Valencia, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Introducción. *Candida auris*, es considerado un patógeno prioritario según la Organización Mundial de la Salud (OMS) debido a su virulencia y a la resistencia frente a las tres principales familias de antifúngicos (azoles, equinocandinas y polienos). Existen pocos estudios que exploren el uso de productos bioactivos como terapia antimicrobiana alternativa. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antifúngica de dos componentes bioactivos procedentes de bacterias ácido lácticas (B7L2 y B3H2) frente a *C. auris*.

Material y métodos. Para la determinación de la actividad antimicrobiana de los compuestos bioactivos se realizaron dos estudios: determinación Kirby-Bauer y concentración mínima inhibitoria (CMI). Se emplearon un total de 14 aislados clínicos de *C. auris* (Clados I-IV), 5 cepas de *Candida* no *auris* y 4 cepas bacterianas (*Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Listeria monocytogenes* 934 CECT, *Salmonella enterica* CECT 4594 y *Klebsiella pneumoniae* CECT 8453).

Resultados. En los ensayos por Kirby-Bauer, B7L2 y B3H2 presentan actividad frente a todas las cepas de *C. auris* con halos de inhibición de entre 2,5 y 4 mm de diámetro, con valores ligeramente mayores para B7L2. Sorprendentemente, B7L2 y B3H2 no mostraron actividad frente a ninguna de las especies de *Candida* no *auris* (halos de inhibición < 1 mm). En cuanto a las bacterias patógenas ensayadas, todas mostraron halos de inhibición entre 2 a 3,5 mm de diámetro. El valor de la CMI a las 72 horas para B7L2 y B3H2 osciló entre 0,0625 y 0,125 mg/mL para la mayoría de las cepas de *C. auris*.

Conclusiones. B7L2 y B3H2 presentaron actividad antifúngica frente a las todas cepas de *C. auris* ensayadas, así como de las cepas bacterianas. Sería conveniente estudiar que mecanismos permiten a las sustancias bioactivas testadas, actuar de manera efectiva y dirigida frente a *C. auris*.

Palabras clave. Bacterias ácido lácticas, *C. auris*, actividad antifúngica.



#379 ACTIVIDAD IN VITRO DE COMPUESTOS DENDRÍTICOS CATIÓNICOS FRENTE A CÉLULAS PLANCTÓNICAS Y FORMACIÓN DE BIOPELÍCULAS DE CEPAS DE CANDIDA ALBICANS

Eloísa García Porcel, Andrea Delgado Ruíz, Laura Martínez Bueno, Natalia Gómez Casanova, Jorge Pérez Serrano, José Luis Copa Patiño, Irene Heredero Bermejo.¹

¹(Universidad de Alcalá, Alcalá De Henares, España)

Resumen de la comunicación

Los hongos pertenecientes al género *Candida* son uno de los patógenos oportunistas más prevalentes, siendo especialmente importantes en pacientes inmunosuprimidos u hospitalizados con infecciones graves. *Candida albicans* es el principal causante de las infecciones fúngicas invasivas, lo que supone una gran amenaza para la salud. Entre sus factores de patogenicidad destaca su capacidad para formar biopelículas en superficies bióticas (piel) y abióticas (implantes, catéteres), por lo que está estrechamente relacionado con infecciones nosocomiales. La biopelícula constituye una comunidad microbiana que ofrece resistencia frente a los agentes antifúngicos actuales, por lo que para su tratamiento se requiere una mayor concentración de antifúngico. Por tanto, es de vital importancia encontrar un tratamiento que prevenga la formación de las biopelículas y controle las infecciones causadas por este patógeno. A este respecto, los compuestos dendríticos se presentan como un nuevo agente terapéutico prometedor. Por ello, en este estudio se ha evaluado la actividad antifúngica in vitro de distintos compuestos dendríticos (dendrimeros y dendrones) frente a células planctónicas y su capacidad para inhibir la formación de la biopelícula de *C. albicans*. Se emplearon una cepa de referencia y dos cepas clínicas de *C. albicans* (C1 y C11). Tras analizar los resultados en células planctónicas, los dendrimeros testados mostraron menor actividad que los dendrones, alcanzando concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) de 1024 mg/L. En el caso de los dendrones, los valores de CMI fueron 16-32 mg/L, dependiendo del compuesto. Un comportamiento similar se observó en los estudios de inhibición de la formación de biopelículas. La citotoxicidad de los compuestos se determinó en la línea celular humana HeLa, observándose que concentraciones activas no mostraban citotoxicidad.

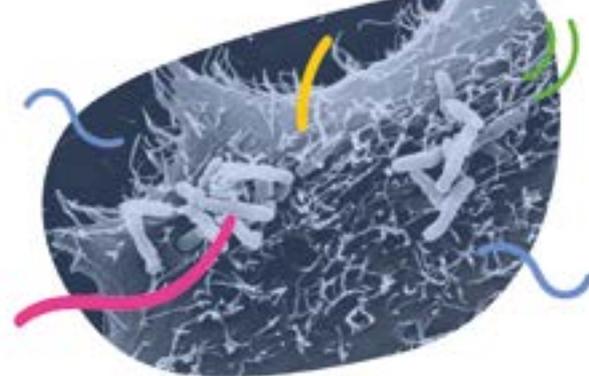
Por tanto, estos compuestos podrían ser moléculas prometedoras para el tratamiento de este patógeno y, por ello, ser candidatos para futuros estudios in vivo para determinar su uso como un nuevo antifúngico.

Financiación

MINECO (PID2020-113274RA-I00 / AEI/10.13039/501100011033), Comunidad de Madrid (CM/JIN/2021-029)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#381 HACIA UN MODELO DE LEVADURA PARA EL ESTUDIO DEL INFLAMASOMA. EXPRESIÓN EN SACCHAROMYCES CEREVISIAE DE RECEPTORES DE TIPO NOD HUMANOS

Víctor Jiménez Cid, Marta Valenti, Óscar Barbero Úriz, María Molina Martín, Teresa Fernández-Acero.¹

¹(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La levadura *Saccharomyces cerevisiae* se ha utilizado exhaustivamente como modelo de estudio para comprender las funciones que controlan la homeostasis de la célula eucariótica, dada la universalidad de los módulos regulatorios. Sin embargo, los hongos unicelulares carecen de ciertas rutas complejas cuyo estudio es crucial en Biomedicina, como las que modulan la respuesta inmunitaria y la inflamación. Nuestro grupo de investigación trabaja en la reconstrucción, mediante expresión heteróloga, de complejos de señalización humanos implicados en inmunidad innata y muerte celular regulada, como el inflamasoma. Con la finalidad última de reconstituir el inflamasoma, mediado por receptores de tipo NOD, hemos expresado en el modelo de levadura distintas versiones de los receptores NLRP1 y NLRP3, el adaptador ASC y su efector, la Caspasa-1. Aunque esta proteasa se autoprocesa y autoactiva en la levadura en ausencia del resto de los componentes del inflamasoma (1), en este trabajo evaluamos este modelo para estudiar las interacciones entre dichos componentes utilizando fusiones a proteínas fluorescentes. La expresión de versiones truncadas de los receptores NLRP1 y NLRP3 que eliminan las regiones autoinhibitorias da lugar a distintos agregados en la levadura, asociados respectivamente a gotículas lipídicas y a membranas celulares. Por su parte, el adaptador ASC forma puntos citoplásmicos "specks" rodeados de membranas del retículo endoplasmático cuya estructura se ramifica al co-expresar la Caspasa-1, de manera independiente de su actividad proteasa, pero dependiente de la presencia de su dominio CARD. La co-expresión del adaptador ASC da lugar al reclutamiento tanto de NLRP3 como de las regiones que contienen el dominio CARD (caspase activation and recruitment domain) de NLRP1 a puntos concretos en los que coinciden ambas proteínas. Estos resultados son prometedores para el futuro desarrollo de modelos que permitan estudiar en la levadura a nivel molecular diversos aspectos que rigen el ensamblaje del inflamasoma humano.

Financiación

PID2019-105342GB-I00. Ministerio de Ciencia e Innovación.

Referencias

1. Valenti y col. (2001) *Front Immunol.* 12:668602.



402 EL ACIDO RETINOICO INHIBE LA FORMACION DE LAS CELULAS TITANES DE CRYPTOCOCCUS NEOFORMANS REDUCIENDO LOS RADICALES LIBRES ENDOGENOS

Irene García Barbazán, Rocío García Rodas, Martin Sachse , Alba Torres Cano, Daniel Luque , Diego Megías , Oscar Zaragoza.¹

¹(Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

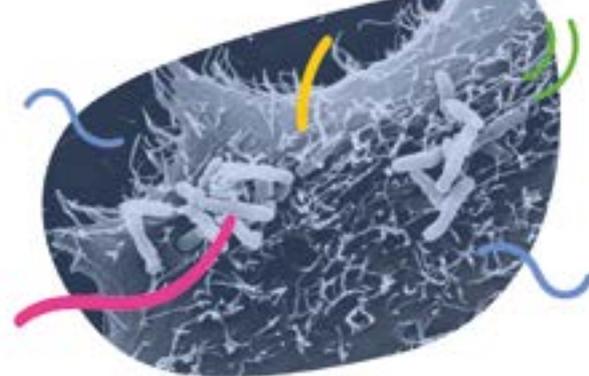
Resumen de la comunicación

Uno de los principales mecanismos que la levadura patógena *Cryptococcus neoformans* induce para evadir la respuesta inmunitaria en el huésped es la formación de células titanes, las cuales tienen un diámetro de hasta 50-70 micras. El fenómeno de titanización puede reproducirse in vitro, obteniendo células de un tamaño intermedio (20-30 micras). Para descubrir elementos que regulan la formación de estas células se identificaron compuestos que inhiben este proceso en la colección de Prestwick, la cual contiene 1520 fármacos no sometidos a patentes. Desarrollamos un ensayo automatizado de microscopía de fluorescencia usando lactofucsina, e identificamos 64 compuestos que reprimían la formación de células titanes. Seleccionamos 10 de estos compuestos y confirmamos su actividad inhibitoria con experimentos de dosis respuesta. Algunos de los compuestos identificados, como el ácido retinoico, eran antioxidantes, sugiriendo una posible función de los radicales libres en la formación de las células titanes. Usando la sonda fluorescente DHF comprobamos que durante la inducción de células titanes hay una mayor acumulación de radicales libres endógenos. Ya que los radicales libres son producidos mayoritariamente en la mitocondria, investigamos si este orgánulo sufre cambios durante la titanización. Encontramos que la formación de células titanes está asociada a cambios en la actividad, el potencial de membrana y la morfología de la mitocondria. La presencia de ácido retinoico durante la formación de células titanes mostró una disminución en la respiración, correlacionada con la reducción de radicales libres. Hipotetizamos que un incremento intracelular de los radicales libres en la mitocondria puede estar desencadenando la señal de titanización.

Financiación

FPI PRE2018-083436

Proyecto SAF2017-86912-R



COMUNICACIONES PÓSTER

Biología de los microorganismos patógenos

#10 INFECCIONES POR ACHROMOBACTER DENITRIFICANS/XYLOSOXIDANS. ¿ESTAMOS ANTE UN PATÓGENO EMERGENTE?

Ines Valle T.figueras¹, Laia Arbonés Fernandez², Miquel Martin Solis², Sara Yañez Soria¹, Alicia Ruiz Ripa¹, Pilar Barrufet Barque².

¹ (Hospital de Mataró-Lab Ref Catalunya, Mataró, España)

² (Hospital de Mataró, Mataró, España)

Resumen de la comunicación

Introducción : *Achromobacter* sp es un bacilo gramnegativo no fermentador de glucosa que habita en suelos y aguas , capaz de colonizar una gran variedad de soluciones como líquidos de diálisis, enjuagues bucales, soluciones de clorhexidina, etc. Puede formar parte de la microbiota intestinal y se ha aislado en múltiples muestras clínicas , siendo capaz de producir infecciones variadas sobretodo en pacientes frágiles y como patógeno nosocomial. Objetivos: 1.Describir un caso de celulitis orbitaria bilateral causada por *Achromobacter denitrificans* 2. Revisar de manera retrospectiva los aislamientos en muestras clínicas de dicho patógeno en nuestro Hospital en 2022, identificación y antibiograma realizados por vitek-MS 1. Paciente de 22 años, portadora de prótesis mamarias y usuaria de lentes de contacto. Consulta a urgencias por empeoramiento clínico de conjuntivitis previa con incremento del edema palpebral, eritema de la zona peri orbitaria , proptosis bilateral y pico febril de 38.5°C . TC orbitario : celulitis periorbitaria/preseptal asociado a dacrioadenitis . HC negativos. Cultivo líquido lentes de contacto : *Achromobacter denitrificans*. 2. Revisión 11 casos : Edades 46 - 92 años, 1 caso pediátrico; asociados la mayoría a patologías de base : EPOC, carcinomas, enfermedad renal crónica ; muestras : 7 esputos, 2 orinas, 1 herida postradioterapia, 1 exudado ótico . Conclusiones *Achromobacter denitrificans/xylosoxidans* es poco frecuente en pacientes sanos. El caso descrito se da en una paciente joven y sin patología de base y tiene la peculiaridad de tratarse de un caso bilateral y con el factor de riesgo de ser usuaria de lentes de contacto. La celulitis orbitaria es una entidad grave que suele asociarse a cuadros de sinusitis, pero se debería pensar siempre en la posibilidad de infecciones por patógenos que puedan contaminar el líquido de lentes de contacto en usuarios, aunque sean esporádicos, como es el caso que nos ocupa.



#17 PSEUDOMONAS PUTIDA PRODUCTORA DE CARBAPENEMASA DE TIPO VIM Y TRANSMISIÓN NOSOCOMIAL.

Ines Valle T.figueras¹, Pilar Barrufet Barque², Alicia Ruiz Ripa¹, Sara Gil Alvarez², Ester Rodriguez Ramos², Ana Cuartero Teruel¹, Elena Vidal Diez².

¹(Hospital de Mataró-Lab Ref Catalunya, Mataró, España)

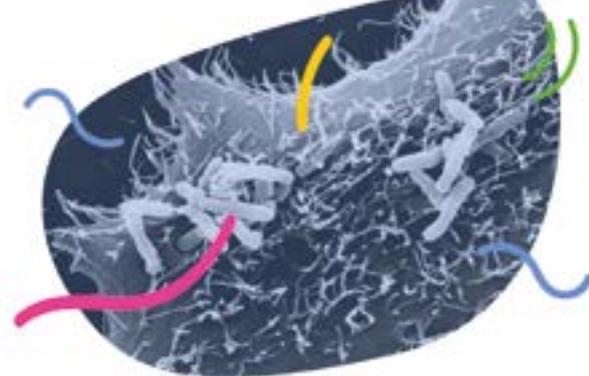
²(Hospital de Mataró, Mataró, España)

Resumen de la comunicación

Introducción: Pseudomonas putida es un bacilo gramnegativo aerobio no fermentador cuyo hábitat natural son suelos y aguas , capaz de producir infecciones variadas sobretodo en personas frágiles, en ámbito hospitalario y con frecuencia asociadas a dispositivos , pudiendo actuar como patógeno oportunista tras colonizarlos . Suelen ser sensibles a carbapenems pero pueden producir metalo-beta-lactamasas por lo que se hace necesario el estudio de sensibilidades cuando los hallamos en muestras clínicas. Estudio: Durante el primer trimestre de 2023 se han aislado en nuestro hospital 5 cepas de P.putida, de las cuales 2 han sido portadoras de carbapenemasa tipo VIM. Analizando estos 2 casos aislados en hemocultivo (sin clínica asociada , no se trató) y BAS (se trató como patógeno respiratorio) se vio un nexo común, ambos pacientes habían compartido boxes consecutivos en UCI durante un corto periodo de tiempo (3 - 20 enero) , por lo que se consideró oportuno hacer un estudio de posibles reservorios como fuente de transmisión. Se realizaron cultivos de la tubería y agua de los sifones de los lavamanos de los boxes, que comparten bajante, aislándose la misma Pseudomonas putida VIM+ , además de Pseudomonas aeruginosa, Stenotrophomonas maltophilia y Enterobacter hormaechei. Conclusiones: Aunque P.putida es poco frecuente como patógeno en muestras clínicas, su aislamiento y detección de resistencias en entornos hospitalarios tiene especial interés, puesto que podrían actuar como reservorio de los genes que codifican estas metalo-beta-lactamasas. Así pues, podría diseminarse de forma horizontal hacia otras bacterias más patógenas y relevantes en muestras clínicas, como Pseudomonas aeruginosa, dificultando de esta manera el tratamiento de estos pacientes. Aunque hacen falta estudios para demostrar su capacidad de diseminación, consideramos la posibilidad de que la transmisión fuese a través de las manos del personal que utiliza estos lavamanos para la higiene .

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#29 GENOMIC VALIDATION OF A CRISPR-CAS9 SYSTEM FOR THE SELECTIVE CURING OF ANTIBIOTIC RESISTANCE PLASMIDS

Laura Toribio Celestino¹, Javier De La Fuente Hidalgo¹, Álvaro San Millán Cruz^{1,2}.

¹(Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, España)

²(Centro de Investigación Biológica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Conjugative plasmids are arguably the main route of horizontal transmission of antibiotic resistance (AR) genes among bacteria, and thus are important vehicles for the spread of AR. When plasmids enter a cell, they usually affect their host physiology in different aspects, such as their metabolism, and can ultimately alter host competitive fitness. While these physiological changes have been extensively studied on laboratory strains, there is a lack of information on the effects of clinically relevant AR plasmids on bacterial pathogens. One of the factors stalling the study of plasmid effects in their natural hosts is the difficulty of selectively eliminating (curing) the plasmid. In this work, we validate through genomic analysis the use of a CRISPR-Cas9 system as a tool to selectively cure the carbapenem-resistance plasmid pOXA-48 from clinical enterobacterial isolates. Our results show that although most cured strains presented one to three mutations, which were not caused by off-target activity of CRISPR-Cas9, they are near-isogenic to their wild-type relatives. Thus, strains cured with the CRISPR-Cas9 system can be used to study the effects of pOXA-48, and potentially other AR plasmids, on host physiology by downstream comparative analyses of wild-type and cured strains.

Financiación

This work was supported by the European Research Council (ERC) under the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme (ERC grant no. 757440-PLASREVOLUTION) and by the Instituto de Salud Carlos III (PI19/00749) cofunded by the European Development Regional Fund 'A way to achieve Europe'.



#41 IDENTIFYING NEW COMBINATORIAL STRATEGIES FOR BLOCKING THE INTRACELLULAR INFECTION OF STAPHYLOCOCCUS AUREUS

Blanca Lorente Torres, Pablo Castañera Estrada, Álvaro López García, Helena Álvarez Ferrero, Farzaneh Javadimarand, Jesús Llano Verdeja, Álvaro Mourenza, Luis Mariano Mateos, Michal Letek.¹

¹(Departamento de Biología Molecular, Área de Microbiología, Universidad de León, 24071, León, España)

Resumen de la comunicación

Staphylococcus aureus, an intracellular facultative superbug, has become the leading bacterial cause of death in 135 countries. Due to its ability to survive within host cells, antibiotics often fail to reach it, and the ones that do, are often at sub-minimum inhibitory concentrations, leading to the emergence of antimicrobial resistances. This intracellular niche protects the pathogen, allowing it to evade the immune system. Furthermore, *S. aureus* can infect professional phagocytes, being able to disrupt the phagosomal membrane to replicate in the cytoplasm. In order to search for antibiotic alternatives against *S. aureus*, we repurposed in vitro a library consisting on 6,995 compounds, including drugs and natural compounds with antimicrobial, anticarcinogenic, cardioprotective and neuroprotective properties among others. From this library, we identified 14 promising compounds that may be suitable for treating the intracellular infection caused by *S. aureus*, with shorter development time frame, since most of these drugs have already been launched or are being developed. In the present study we aim to combine these compounds in vitro in order to search for a combinatorial treatment to block the intracellular survival of *S. aureus* and avoid the emergence of future resistances. We infected A-549 lung epithelial cells with the strain USA300 and subsequently treated them with different combinations of these compounds, testing different concentrations and selecting those combinations that best restore the cellular viability with less concentration of the compounds. We are testing the most promising combinations in vivo to check the consistency of our results. These novel combinatorial treatments using these drugs may be a promising approach to combat the emergence of resistances in *S. aureus* and may improve the outcome of the infection.

Financiación

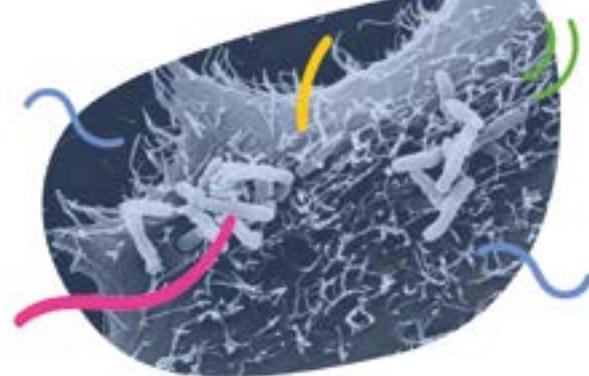
Acknowledgements: We express our gratitude to the Junta de Castilla y León (Spain) for generously funding our research work through grant number LE044P20. Additionally, we would like to acknowledge the following fellowships and grants: B.L.T. for being the beneficiary of a predoctoral fellowship from Junta de Castilla y León, J.L.V. for being the recipient of a Beca de Colaboración from the Spanish Ministry of Education, A.M. for receiving support through a postdoctoral fellowship Margarita Salas, and M.L. for being awarded a Beatriz Galindo grant (Ref. BEAGAL18/00068-BGP18/00033).

Hipervínculo

https://microbio.unileon.es/wordpress/?page_id=1143

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#49 SELF-PROPELLED VANCOMYCIN LOADED MESOPOROUS NANOPARTICLES FOR BACTERIAL BIOFILM ERADICATION

Migle Ziemyte¹, Andrea Escudero², Paula Díez², María Desamparados Ferrer¹, Jose Ramon Murguía², Vicente Martí-Centelles², Ramon Martínez-Máñez², Alex Mira¹.

¹ (FISABIO Foundation, Valencia, España)

² (UPV, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Recalcitrance to conventional treatment of different bacteria is closely related to their capacity to adhere to surfaces, secrete a self-produced extracellular matrix and form biofilms. Additionally, biofilm formation is a key factor in multidrug resistance, suggesting the need for new biofilm treatment strategies. Thus, here our study reports the application of a novel self-propelled nanodevice that consists of a H₂O₂ inducible platinum nanomotor, mesoporous silica nanoparticles loaded with vancomycin and the plant protease ficin that acts as a nanodrill breaking down the biofilm matrix. We show that the exposure of both pre-formed and mature *Staphylococcus aureus* biofilms to these self-propelled nanoparticles results in efficient biofilm detachment and killing. In detail, real-time impedance measurements indicate that while treatment of pre-formed biofilms with vancomycin alone results in failure, the addition of self-propelled nanoparticles leads to biofilm biomass reduction to up to 82%, highlighting a robust biofilm disassembly capacity. Moreover, viable cell counts indicated that 96% of bacterial cells in the pre-formed biofilms were killed after the application of nanoparticles. Additionally, scanning electron microscopy confirmed the efficiency of self-propelled nanoparticles against mature 24h biofilms, as biofilms treated with H₂O₂-activated nanoparticles resulted in almost complete biofilm elimination. Thus, our results show an extraordinary capacity of these novel nanoparticles against biofilms, especially when compared to vancomycin, ficin or other components alone. Thus, we propose the use of self-propelled platinum nanoparticles as a novel tool for biofilm-associated infection treatment.

Financiación

Project PROMETEO 2018/024 from the Generalitat Valenciana, NANODRILL project (UGP-19-384) funded by the POLISABIO Program and Project RTI2018-100910-B-C41 funded by MCIN/AEI /10.13039/501100011033/ and FEDER A way to make Europe, FPU17/01302 to M.Z. , ACIF/2018/110 to A.E., CD20/00120 to P.D and. CIDEAGENT/2020/031 to V.M-C.



#52 DEL CULTIVO PURO A LAS COMUNIDADES MICROBIANAS COMPLEJAS: EL CASO DE LA PERIODONTITIS Y EL CÁNCER COLORRECTAL

Miguel Carda Diéguez, Elena Buetas, Alex Mira.¹

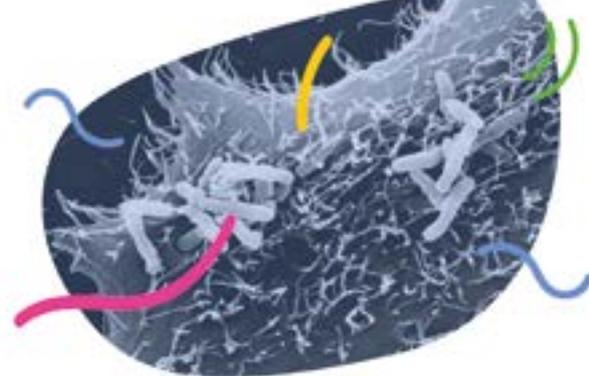
¹(Fundación FISABIO, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Durante más de un siglo hemos estudiado las infecciones a través del estudio de los microorganismos patógenos como unidades individuales que, en las condiciones adecuadas, pueden invadir, adherirse e infectar al hospedador. Sin embargo, infecciones como la periodontitis (enfermedad de las encías) son el resultado del efecto combinado de varias bacterias. Las técnicas de secuenciación masiva en pacientes con y sin periodontitis han revelado que, en condiciones normales, la microbiota asociada al surco subgingival está compuesta mayoritariamente por las mismas bacterias (especies del género *Streptococcus*, *Rothia* o *Neisseria*) pero que en condiciones de inflamación estas bacterias disminuyen su abundancia y otras bacterias (proteolíticas) aumentan en proporción, incluyendo *Fusobacterium nucleatum*, *Treponema denticola*, *Tannerella forsythia*, *Porphyromonas gingivalis*, *Parvimonas micra* o *Peptostreptococcus stomatis*. Lo más interesante es que estas bacterias orales y los cambios mencionados también se observan en otras enfermedades inflamatorias no orales. Por ejemplo, a través del estudio metagenómico y metatranscriptómico de muestras de tejido sano y tejido inflamado de pacientes con cáncer colorrectal demostramos que los cambios en la microbiota entre estos tejidos son similares a los descritos en la periodontitis. Por un lado, la abundancia y actividad de bacterias como *Streptococcus* disminuye en muestras inflamadas y por otro lado, la abundancia y actividad de *F. nucleatum*, *P. micra* y *P. stomatis* aumenta y se correlaciona positivamente entre ellas. Considerando los efectos negativos que las bacterias orales han demostrado tener en otras regiones del organismo y el hecho de que las bacterias orales pueden dispersarse fácilmente por nuestro organismo a través de la ingesta de saliva (≈ 1 L/día) o a través del sistema circulatorio, proponemos que el estudio de enfermedades inflamatorias orales e intestinales debe orientarse desde un punto de vista más amplio donde se tenga en cuenta la interacción de varias bacterias en el desarrollo de la enfermedad.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#67 ENDOLYSIN DISPLAY ACTIVITY OF RECOMBINANT YEAST AGAINST LISTERIA MONOCYTOGENES PEPTIDOGLYCAN

David Sáez Moreno^{1,2}, Luís D.R. Melo^{1,2}, Joana Azeredo^{1,2}, Lucília Domingues^{1,2}.

¹(Univesidade do Minho, Centre of Biological Engineering, Braga, Portugal)

²(LBBELS associate laboratory, Braga / Guimaraes, Portugal)

Resumen de la comunicación

Listeria monocytogenes is a Gram-positive pathogen causative of human infections, resulting in febrile gastroenteritis, perinatal infection, and central nervous system infections. These infections are frequently acquired through the ingestion of contaminated food. Due to the increase in antibiotic resistance over the last decades, bacteriophages and their endolysins (enzymes that degrade bacterial peptidoglycan) have been proposed as an alternative to treat bacterial infections. In our study, we have incorporated the endolysin Ply511 in a novel engineered probiotic yeast. We employed CRISPR-Cas9 to genetically modify *Saccharomyces cerevisiae* to display the listeria endolysin Ply511 on its surface. Flow cytometer analyses confirmed the expression of the genetic construction in the recombinant yeast. Also, the enzymatic peptidoglycan-degrading activity of the engineered yeast was confirmed by using heat-killed *L. monocytogenes* cells. These results suggest that yeast display of endolysins can have potential as an antimicrobial strategy in the context of engineered probiotics, provided that bacterial killing activity is achieved.

Financiación

This study was supported by the Portuguese Foundation for Science and Technology (FCT) under the scope of the strategic funding of UIDB/04469/2020 and UIDP/04469/2020 unit and a Ph.D. grant UI/BD/151411/2021 to D.S.M, and by LBBELS – Associate Laboratory in Biotechnology, Bioengineering and Microelectromechanical Systems, LA/P/0029/2020



#76 CANDIDA ALBICANS PCA2 VACCINATION INDUCES A TRAINED PROTECTIVE RESPONSE IN MYELOID CELLS

Paula Guerrero González, Cristina Bono Tapp, María Luisa Gil Herrero, Alberto Yáñez Boyer.¹

¹(Universitat de València, Burjassot, España)

Resumen de la comunicación

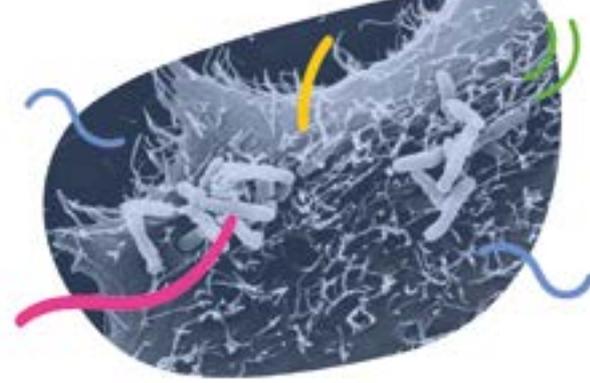
Trained immunity is defined as the adaptation of the innate immune system after an initial stimulus to mount a greater response against a secondary challenge with homologous or even heterologous pathogens. Here, we used a vaccination model with the non-virulent strain of *Candida albicans* PCA2 that has been previously shown to confer protection against a secondary lethal infection 7 days later with a virulent strain. As 7 days is not enough time for the development of an adaptive immune response, therefore trained immunity must be taking place. In fact, we observe higher TNF-alpha and IL-6 production after stimulation of bone marrow cells and splenocytes from 7-day PCA2-infected mice compared to uninfected controls. This increase could be due to the higher number of myeloid cells present in both organs at day 7. Interestingly, candidacidal activity of total cells is enhanced in the spleen and not in the bone marrow at this time-point. To assess if myeloid cell function is programmed at the single-cell level, we measured intracellular cytokine production by flow cytometry in 7-day PCA2-infected mice. We found higher number of cytokine-producing monocytes and neutrophils in the bone marrow and spleen of infected mice. However, only splenic cells from infected mice have an enhanced synthesis of TNF-alpha by each individual cell. Finally, protection against reinfection is only observed following adoptive transfer of splenocytes from 7-day PCA2-infected mice. These data are consistent with the enhanced killing ability observed in the spleen and the higher number of trained monocytes and neutrophils for proinflammatory cytokine production present in the spleen 7 days after the primary infection, pointing out the importance of the spleen in generating a protective trained response.

Financiación

RTI2018-093426-B-100 and PID2021-124937NB-I00 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Spain and European Fund for Regional Development) and AICO/2021/350 (Generalitat Valenciana).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#77 DIRECT TLR2 SIGNALING THROUGH MTOR AND TBK1 INDUCES C/EBP β AND IRF7-DEPENDENT MACROPHAGE DIFFERENTIATION IN HEMATOPOIETIC STEM AND PROGENITOR CELLS

María Luisa Gil Herrero, Cristina Bono Tapp, Paula Guerrero Gonzalez, Alberto Yáñez Boyer.¹

¹(Universitat de València, Burjasot, España)

Resumen de la comunicación

During an infection, hematopoiesis is altered to increase the output of mature myeloid cells to fight off the pathogen. Despite convincing evidence that hematopoietic stem and progenitor cells (HSPCs) can sense pathogens directly, more mechanistic studies are needed to reveal whether pattern recognition receptor (PRR) signaling initiates myeloid development directly, or indirectly through the production of cytokines by HSPCs that can act in an autocrine/paracrine manner, or by a combination of both direct and indirect mechanisms. In this study, we have used an in vitro model of murine HSPCs to study myeloid differentiation in response to the TLR2 ligand Pam3CSK4 and showed that, besides indirect mechanisms, TLR2 stimulation of HSPCs promotes myelopoiesis directly by initiating a MyD88-dependent signaling. This direct differentiation program involves a combined activation of the transcription factors PU.1, C/EBP β and IRF7 driven by TBK1 and PI3K/mTOR. Notably, downstream of MyD88, the activated TBK1 kinase can activate mTOR directly and IRF7 induction is mediated by both TBK1 and mTOR. TLR2 signaling also induces NF- κ B dependent IL-6 production that may further induce indirect myeloid differentiation. Our results have identified the direct signaling pathways and the transcription factors involved in macrophage development from HSPCs in response to TLR2 engagement, a critical process to trigger a rapid immune response during infection. This study defines the mechanism by which direct macrophage differentiation is induced upon microbial sensing by HSPCs. Understanding the biology of emergency myelopoiesis induced by TLRs may aid in devising new therapeutic strategies to treat infections and hematologic diseases. TLR2-activated pathways could be targeted to boost innate immune replenishment during infection and to induce the terminal differentiation of myeloid leukemic cells.

Financiación

RTI2018-093426-B-100 and PID2021-124937NB-I00 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, Spain and European Fund for Regional Development) and AICO/2021/350 (Generalitat Valenciana).



#93 EFECTO DE LA RADIACIÓN ULTRAVIOLETA B SOBRE MOHOS PATÓGENOS DE SETAS CULTIVADAS

Raquel Hidalgo-Sanz , M^a Ángeles Del Castillo , Susana Sanz , Carmen Olarte , Rubén Zúñiga Galilea, Rafael Tomás , Encarnación Núñez.¹

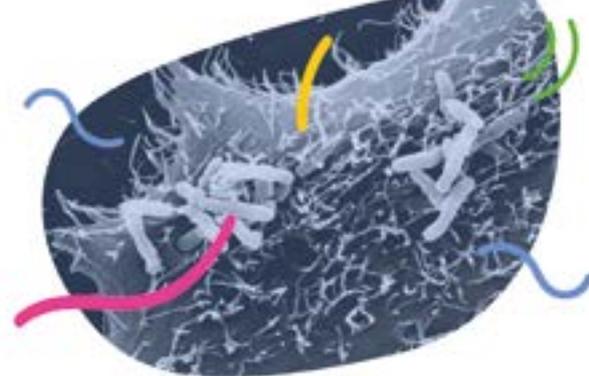
¹(Universidad de La Rioja, Logroño, España)

Resumen de la comunicación

Es conocido el efecto fungicida de la radiación UV-C (100-280nm de longitud de onda), pero su aplicabilidad para el control de mohos patógenos de setas cultivadas resulta condicionada por su efecto sobre el huésped y por los riesgos inherentes a su manipulación. Como alternativa, se ha estudiado el efecto de la radiación UV-B (280-315nm) sobre los principales mohos patógenos de los cultivos de setas causantes de lesiones conocidas como "telaraña" o "pelo" (*Cladobotryum mycophilum*), "mole seca" (*Lecanicillium fungicola*), "moho verde" (*Trichoderma aggressivum*) y "mole húmeda" (*Mycogone pernicioso*). Los mohos estudiados se sembraron (por triplicado) sobre placas de agar Czapek que se irradiaron con lámparas de radiación UV-B (300nm) situadas a 25cm de altura, obteniendo una irradiancia de 16 Wm⁻². Se aplicaron diferentes tiempos de exposición (0, 1, 3, 6, 12 y 24 horas) sobre dos series de placas. Una de las series se protegió de la radiación mediante filtros de radiación UV y actuó de control. Tras la exposición, las placas fueron incubadas a 20°C en oscuridad, valorando el grado de desarrollo de los mohos a lo largo de dos semanas. La radiación UV-B causó un claro efecto inhibitor, proporcional a la dosis de irradiación recibida, en el desarrollo de los mohos estudiados. Aunque en ningún caso se observó la muerte del moho, el retraso en el crecimiento respecto a su control llegó a alcanzar los 8-12 días según especie. Para comprobar si la radiación aplicada afectaba al desarrollo de la seta cultivada, se inocularon placas de Agar Compost con *Agaricus bisporus* y se expusieron a radiación UV-B (0, 6, 12 y 24 h). No se observaron diferencias entre el desarrollo de champiñón en las placas irradiadas y su control. Este resultado permitiría utilizar la radiación UV-B en el control de mohos micopatógenos sin afectar a las setas cultivadas.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#99 DAIRY RUMINANTS AS CARRIERS OF PATHOGENIC LISTERIA SPP. IN FECES AND ORGANS

Juan José Quereda Torres¹, Carla Palacios Gorba¹, Alexandra Moura², Jesús Gomis, Alexandre Leclercq², Ángel Gómez Martín³, Yuval Markovich¹, María Pastor Martín⁴, Carles Escrig⁵, Marc Lecuit⁶.

¹(Research Group Intracellular Pathogens: Biology and Infection, Departamento Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities, Valencia, España)

²(Institut Pasteur, Université Paris Cité, Inserm U1117, Biology of Infection Unit, Paris, 75015; Institut Pasteur, National Reference Centre and WHO Collaborating Centre Listeria, París, Francia)

³(Research Group Microbiological Agents Associated with Animal Reproduction (ProVaginBIO), Departamento Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities, Valencia, España)

⁴(Departamento de Salud de Manises, Conselleria de Sanitat Universal i Salut Pública, Generalitat Valenciana, Valencia, España)

⁵(Public Health Center, Castellón, Dirección General de Salud Pública y Adicciones, Consellería de Sanidad Universal y Salud Pública, Valencia, España)

⁶(Institut Pasteur, Université Paris Cité, Inserm U1117, Biology of Infection Unit; Institut Pasteur, National Reference Centre and WHO Collaborating Centre Listeria; Necker-Enfants Malades University Hospital, Division of Infectious Diseases and Tropical Medicine, Institut Imagine, APHP, París, Francia)

Resumen de la comunicación

Listeria monocytogenes is a foodborne pathogen that can cause human and animal listeriosis, a severe infection with high hospitalization and fatality rates in humans (20%–30%). Different studies report dairy ruminants as asymptomatic carriers of *Listeria* spp. in their feces, but little is known about the epidemiology and genetic diversity of this pathogen in dairy ruminants feces, tonsils, and udders. The purpose of this study was to determine the prevalence, ecology, and genetic features of *Listeria* spp. in the gastrointestinal tract of individual dairy ruminants as well as in the farm environment. We conducted a large-scale longitudinal study to track *Listeria* spp. in 19 ruminant farms over three seasons. In addition, we looked for *Listeria* spp. in the feces, tonsils, and udders of 316 dairy ruminants to determine if ruminants might carry *Listeria* spp. in organs without fecal shedding. Whole-genome sequencing was performed in all the isolates. In the dairy farm longitudinal study, the most frequent *Listeria* spp. were *L. monocytogenes* and *L. innocua*. Hypervirulent *L. monocytogenes* clones CC1 and CC4, were predominantly isolated from host-associated samples (feces) rather than farm environments. Additionally, we show that ruminants can also be asymptomatic carriers of pathogenic *L. ivanovii* in udders and *L. monocytogenes* and *L. ivanovii* in tonsils in the absence of fecal shedding. Whereas *L. innocua*, a non-pathogenic species, was only recovered from feces samples. These studies suggest that dairy ruminant farms may be a reservoir of hypervirulent *L. monocytogenes* and that domestic dairy ruminants should be monitored for pathogenic *Listeria* spp. since they can be asymptomatic carriers of *Listeria* spp. in feces and organs.

Financiación

This work was supported by Generalitat Valenciana (AICO/2021/278) and by the Spanish Ministry of Science and Innovation (PID2019-110764RA-I00, Ramon y Cajal RYC-2018-024985-I, J.J.Q.) (PID2020-119462, AGM), Institut Pasteur, Inserm, and Santé Publique France (ML). C. Palacios-Gorba and Yuval Markovich are supported by a predoctoral contract from the Universidad Cardenal Herrera-CEU.



#104 EVOLUCIÓN DE LA CALIDAD BIOLÓGICA DE LAS AGUAS REGENERADAS EN LA ISLA DE TENERIFE

Cristina González Martín¹, Jonathan Martín Armas¹, Nuria Teigell Pérez^{1,2}, Enrique Martínez Carretero^{1,3}, Basilio Valladares Hernández^{1,3,4}, Juan Antonio Medina Rosales⁵, Ana Sánchez Espadas⁵, Raimundo J. Arvelo Rosales⁶, M^a Cristo Marrero Hernández⁶, Luisa M^a Vera Peña⁶.

¹(Instituto Universitario de Enfermedades Tropicales y Salud Pública de Canarias. Universidad de La Laguna, Tenerife, España)

²(Consejería de Educación del Gobierno de Canarias, Tenerife, España)

³(Departamento de Obstetricia y Ginecología, Pediatría, Medicina Preventiva y Salud Pública, Toxicología, Medicina Legal y Forense y Parasitología. Universidad de La Laguna, Tenerife, España)

⁴(Fundación Canaria para el Control de Enfermedades Tropicales (FUNC CET), Tenerife, España)

⁵(Entidad Pública Empresarial Local (E.P.E.L.) BALTEN, Tenerife, España)

⁶(Departamento de Ingeniería Química y Tecnología Farmacéutica, Universidad de La Laguna, Tenerife, España)

Resumen de la comunicación

La escasez de agua en el mundo afecta al 40% de la población. Sin embargo, sólo el 20% de las aguas residuales se tratan de manera efectiva, tanto para limitar la contaminación ambiental, como para facilitar su reutilización, y disminuir así la presión sobre los recursos hídricos. En los últimos 30 años, en la isla de Tenerife, se ha potenciado la construcción de infraestructuras dirigidas a mejorar el tratamiento de las aguas residuales, así como a incrementar su uso posterior, bajo el marco dispuesto por el RD 1620/2007. Los controles de calidad biológicos realizados sobre más de 3.000 muestras de agua regenerada a lo largo de los últimos 14 años (2008 – 2022), evidencian los cambios y mejoras implementados, además de mostrar su utilidad para la detección de anomalías. Los parámetros analizados incluyen *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., y *Legionella* spp., además de Nematodos intestinales. Las determinaciones se realizaron de acuerdo a las normas ISO 9308-1, 19250 y 11731, respectivamente. El análisis de Nematodos se ejecuta siguiendo el método Bailenger modificado. En cuanto al parámetro *E. coli*, el periodo analizado evidencia periodos de incumplimiento, durante los años 2009, 2012 y 2014, pero también refleja dos puntos de inflexión positivos. El primero, tras la entrada en funcionamiento de un sistema de tratamiento terciario en la estación de bombeo en 2010. El segundo, con la instalación de Biorreactores de Membrana (MBR en inglés) en dos de las plantas de tratamiento. Los valores medios anuales para *E. coli* superaban inicialmente los límites establecidos en la legislación, pero en la actualidad, se ha conseguido disminuirlos hasta 4 escalas logarítmicas, y obtener valores aptos para otras categorías de uso más estrictas, alcanzando incluso niveles cercanos a la calidad máxima que se reconocerá con la implementación del nuevo Reglamento Europeo 741/2020 que entrará en vigor este 2023

Financiación

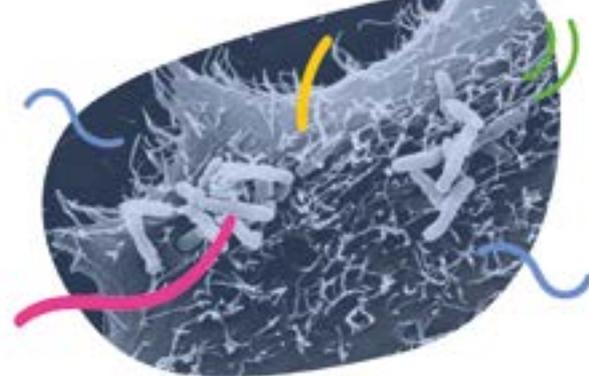
Este estudio ha sido financiado por el convenio "Seguimiento de la calidad del agua depurada y regenerada distribuida en los puntos de suministro de la EPEL BALTEN en términos microbiológicos, parasitológicos y físico – químicos.

Referencias

R.D. 1620/2007; Reglamento 741/2020; ISO 9308-1:2014.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#106 APLICACIÓN DE LA ESTADÍSTICA ESPACIAL (KRIGING) EN EL ANÁLISIS DE SUELOS PARA LA DETECCIÓN DE BACTERIAS PRODUCTORES DE ANTIBIÓTICOS

Sergi Maicas Prieto, Jaume Segura García.¹

¹(Universitat de València, Burjassot, España)

Resumen de la comunicación

El aumento de las bacterias patógenas multirresistentes debido al uso excesivo de antibióticos es una preocupación creciente. Aunque hubo una edad dorada de descubrimiento de nuevos microorganismos productores de antibióticos, la progresión se ha desacelerado. Los métodos estadísticos espaciales como la técnica Kriging (usando el software RStudio) han demostrado ser útiles en la cartografía de los parámetros del suelo para localizar candidatos. Hemos realizado estudios en parques urbanos de Burjassot y València, para determinar la distribución espacial de Enterobacterias potencialmente peligrosas y aislados útiles para la biorremediación en el suelo. Se utilizó un protocolo combinando MALDI-TOF MS y secuenciación de rDNA16S para caracterizar los microorganismos aislados. Los resultados se analizaron utilizando el método de Kriging, y el número de muestras se aumentó interpolando cada parámetro. El estudio encontró que los parques urbanos son una rica fuente de diversidad microbiana, y muchas de las bacterias aisladas tenían actividad antibacteriana contra patógenos comunes. Al interpolar espacialmente cada parámetro con este método estadístico, se pudo predecir la calidad del suelo en los parques urbanos. Los mapas de datos espaciales generados a partir de estos estudios pueden ayudar a la geolocalización de nuevos agentes antimicrobianos y promover avances en la salud pública. Además, las bacterias aisladas demostraron diversas actividades enzimáticas, posiblemente como respuesta a las sustancias ambientales disponibles para ellas, lo que podría ayudar en la degradación de diferentes compuestos de interés. Estos mapas de datos espaciales nos permiten comprender los comportamientos de las poblaciones bacterianas a nivel regional, lo que puede ayudar en la creación de nuevos agentes antimicrobianos y promover avances en la salud pública.

Financiación

TED2021-131040B-C33. Next generation Computing Continuum Architecture for iNtelligent processing of Data and Images in Smart farming scenarios (2CANDIS). Strategic Projects for Ecologic and Digital Transition 2021" by MCIN/AEI /10.13039/501100011033 and the European Union NextGenerationEU/PRTR.

Referencias

- Maicas, S., Segura-Garcia, J. Spatial Distribution of Antibiotic-Producing Bacteria in Urban Areas. A Case Study in València (Spain). *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 2021, 18(6), pp. 2877-2883.
- Arnal, D., Moya, C., Filippelli, L., Segura-Garcia, J., Maicas, S. Bacteria spatial tracking in Urban Park soils with MALDI-TOF Mass Spectrometry and Specific PCR. *BioData Mining*, 2023, 16(1), 1
- Maicas, S., Segura-Garcia, J. Spatial Study of Enzymatic Activities from Bacterial Isolates in a Mediterranean Urban Park. *Land*, 2023, 12(3), 655



#154 UTILIZING SELECTED BACILLUS STRAINS AS A PROBIOTIC SOLUTION TO COMBAT GASTROINTESTINAL INFECTIONS CAUSED BY LISTERIA MONOCYTOGENES

Álvaro López García, Blanca Lorente Torres, Pablo Castañera Estrada, Jesús Llano Verdeja, Helena Álvarez Ferrero, Farzaneh Javadimarand , Álvaro Mourenza , Luis Mariano Mateos , Michal Letek.¹

¹(Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

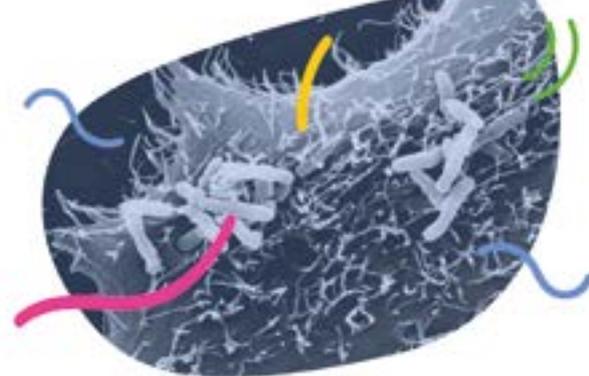
Infectious diseases caused by pathogens are a significant cause of death globally, ranking second according to the World Health Organization. While many pathogens can cause acute infections that the immune system can effectively clear, a group of pathogens known as intracellular pathogens can lead to challenging-to-treat infections, resulting in increased care and treatment costs. An example of such an intracellular pathogen is *Listeria monocytogenes*. The food industry has recently seen a surge in antibiotic-resistant bacterial strains, including *L. monocytogenes*, which can cause listeriosis. This pathogen is capable of replication in low temperatures, increasing the risk of food contamination. Additionally, *L. monocytogenes* can evade the immune system by invading host cells, making it particularly challenging to treat and eradicate. This trend is anticipated to continue, underscoring the pressing need for alternative treatment options. Our research focuses on the use of probiotics as a preventative strategy to reduce the incidence of this pathogen in high-risk groups, e.g. pregnant women. The use of probiotics to modulate the human microbiome presents a promising strategy for preventing and treating infections caused by multidrug-resistant pathogens. To address the issue of antibiotic resistance, we conducted in vitro experiments using HCT116 colorectal epithelial cells to screen a wide range of *Bacillus* spp. strains. Our experiments revealed that multiple *Bacillus* strains produce antimicrobials that are effective against various pathogenic bacteria, including *Listeria monocytogenes*. These findings suggest that the *Bacillus* genus holds significant potential as a resource for probiotic strains with medical applications. To further validate these results, we are currently conducting in vivo experiments with mice to assess the efficacy of our most promising strains. Our primary objective is to determine whether the addition of these strains can effectively reduce the growth of infections caused by antibiotic-resistant pathogens.

Hipervínculo

https://microbio.unileon.es/wordpress/?page_id=1143

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#156 ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE SALMONELLA ENTERICA Y SU EFECTO EN LA INTERACCIÓN CON PLANTAS

Fernando Baisón Olmo, Nieves López Pagán, Javier Ruiz Albert, Carmen R. Beuzón.¹

¹(Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea La Mayora (UMA-CSIC), Málaga, España)

Resumen de la comunicación

Salmonella enterica es una bacteria patógena Gram negativas que causa enfermedades como la gastroenteritis o la fiebre tifoidea en diversos animales. Para desarrollar el proceso infeccioso en animales S. enterica se sirve de dos sistemas de secreción de tipo 3 (T3SS-1 y T3SS-2) los cuales inyectan al interior de la célula hospedadora una serie de proteínas de virulencia conocidas como efectores. Además de los T3SSs y los efectores que translocan, existen otras proteínas que intervienen en los procesos de virulencia como son las adhesinas y las fimbrias, encargadas del reconocimiento y adhesión a la célula hospedadora, así como la metilasa Dam, la cual regula la expresión de muchos de los factores de virulencia al metilar motivos GATC en los promotores. De la mayoría de estos factores se ha observado que presentan heterogeneidad fenotípica, formando poblaciones bistables en las que una parte de la población está expresando un determinado gen mientras que otra parte de la población no lo está expresando. Recientemente se ha observado la capacidad de S. enterica de colonizar plantas y que en este proceso podrían estar implicados los mismos factores que son responsables de la virulencia en animales, que podrían presentar también heterogeneidad fenotípica. En el presente trabajo nos hemos propuesto estudiar tanto la heterogeneidad fenotípica de diversos genes de S. enterica implicados en su interacción con plantas, como el efecto que estos genes pueden tener en dicha interacción. Para ello nos servimos tanto de fusiones transcripcionales a fluoróforos como de mutantes nulos en los genes de interés, que serán estudiados en los medios LB, TM (extracto de hoja de tomate) y HIM (medio que emula las condiciones del apoplasto de las hojas de plantas) así como en plantas de tomate (crecimiento en la superficie de la hoja y posible formación de biofilm) y Arabidopsis (crecimiento en apoplasto).



#159 EFFECT OF IRON OXIDE NANOPARTICLES ON THE LEISHMANIA-MACROPHAGE TUG-OF-WAR

Carmen Palomino Cano^{1,2}, Esther Moreno Amatria^{1,2,3}, Esther Larrea Leoz¹, Íñigo Navarro Blasco⁴, Lecnia Aguirre Urrutia^{1,2}, Juan M Irache Garreta^{2,3}, Socorro Espuelas Millán^{2,3,1}.

¹ (ISTUN, Institute of Tropical Health, University of Navarra, Pamplona, España)

² (Department of Pharmaceutical Chemistry and Technology, Faculty of Pharmacy. University of Navarra, Pamplona, España)

³ (IdisNA, Navarra Institute for Health Research, Pamplona, España)

⁴ (Department of Chemistry, Faculty of Sciences. University of Navarra, Pamplona, España)

Resumen de la comunicación

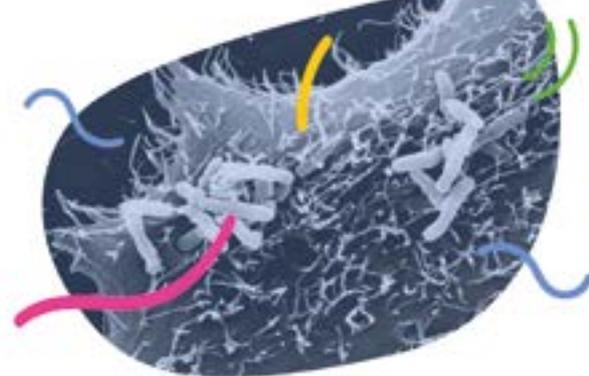
Background: As an intracellular parasite, Leishmania colonizes macrophages that orchestrate the host immune response and determine the fate of the infection, being able to control it if they acquire an inflammatory phenotype (type M1). However, Leishmania manages to manipulate macrophage's metabolism, cell signaling, and immune functions, directing it towards an anti-inflammatory phenotype (M2 type) to establish permissive conditions for its survival and resulting in leishmaniasis. A paradigmatic example of this parasite-host relationship is the struggle for iron. Leishmania needs iron to survive and has evolved numerous mechanisms to finely regulate intracellular iron levels. But iron is also involved in the oxidative defense mechanisms of the macrophage and, depending on its concentration, is able to modulate its phenotype. The aim of this work was to evaluate if iron oxide nanoparticles (IONPs), through iron overload inside macrophages, could be a suitable strategy to reprogram Leishmania-permissive macrophages towards macrophages equipped with an antimicrobial armamentarium capable of eliminating intracellular parasites. Methods: We functionalized IONPs with laminarin (a β -glucan present in brown algae) to achieve a more selective targeting of macrophages and quantified their internalization by ICP-MS. We also checked their cytotoxicity and we analyzed by qPCR the ability of IONPs to modulate the macrophage phenotype (M1/M2 markers), and their activity against Leishmania major by quantifying the parasite load. Results: Laminarin was successfully coupled with IONPs, which were internalized by macrophages in a concentration-dependent manner. IONPs were able to increase nitric oxide production and reprogram the macrophage to an M1-like phenotype, leading to a decrease in parasite load. Conclusion: Exposure of Leishmania-infected macrophages to IONPs promoted their polarization towards an M1-like phenotype and increased their ability to eliminate the parasite. These preliminary results support the use of an already approved nanomedicine as immunotherapy against Leishmaniasis.

Financiación

Beca para estudios de doctorado del Instituto de Salud Tropical de la Universidad de Navarra.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#178 EXPLORING THE POTENCIAL OF NATURAL COMPOUNDS IN THE TREATMENT OF RHODOCOCCUS EQUI

Pablo Castañera Estrada, Blanca Lorente Torres, Farzaneh Javadi Marand, Jesús Llano Verdeja, Helena Álvarez Ferrero, Álvaro López García, Álvaro Mourenza, Luis Mariano Mateos, Michal Letek.¹

¹ (Departamento de Biología Molecular, Área de Microbiología, Universidad de León, 24071, León, España)

Resumen de la comunicación

The overuse of antibiotics since they were discovered has caused the emergence of antimicrobial resistances. As a result, restrictions have been imposed on the use of the most effective in animal health, reserving them for human infections and highlighting the urgent need to search for new treatment alternatives, especially in veterinary field. Consequently, multidrug-resistant bacteria infections have increased affecting livestock and also immunocompromised humans. Rhodococcus equi is an equine facultative intracellular respiratory pathogen that can also infect humans and which has developed antibiotic resistances against macrolides. Furthermore, R. equi is able to infect macrophages by residing inside the phagosome, which allow the bacteria to spread throughout all the organism due to their high mobility, mainly to the respiratory system. This ability also difficult the action of compounds, which have to cross the cell membrane to be effective against this pathogen. To adress this problem, we aim to search for alternative treatments that may inhibit R.equi bacterial proliferation. In this study we screened a library of 3252 natural compounds, including anticarcinogenic, anti-inflammatory and antimicrobial properties among others, against two different strains of Rhodococcus equi. We grew R.equi 103S+ strain, which has the wild type phenotype and R.equi Δ MRX3 strain, which is sensitive to oxidative stress, in BHI medium (Brain Heart Infusion), exposing them to a concentration of 1 μ M of the compounds and measuring the absorbance at 600 nm. Our results showed that 29 compounds were able to inhibit 103S+ proliferation whereas 36 inhibited the proliferation of Δ MRX3. These compounds had the potential to reduce the bacterial proliferation below 40%. Additionally, we are designing combinations of the most effective compounds to reach the pathogen intracellularly at the minimum concentration possible.

Financiación

We express our gratitude to the Junta de Castilla y León (Spain) for generously funding our research work through grant number LE044P20. Additionally, we would like to acknowledge the following fellowships and grants: B.L.T. for being the beneficiary of a predoctoral fellowship from Junta de Castilla y León, J.L.V. for being the recipient of a Beca de Colaboración from the Spanish Ministry of Education, A.M. for receiving support through a postdoctoral fellowship Margarita Salas, and M.L. for being awarded a Beatriz Galindo grant (Ref. BEAGAL18/00068 -BGP18/00033).

Hipervínculo

https://microbio.unileon.es/wordpress/?page_id=1143



#189 ANÁLISIS TAXONÓMICO Y METATRANSCRIPTÓMICO DE LA MICROBIOTA DEL TEJIDO TUMORAL EN CÁNCER DE COLON

Elena Buetas¹, Kelly Conde-Pérez², José F. Noguera², Germán Bou², Ángel Concha², Juan A. Vallejo², Margarita Poza², Miguel Carda-Dieguez¹, Alex Mira¹.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (Fisabio), Valencia, España)

²(Hospital Universitario A Coruña (CHUAC), A Coruña, España)

Resumen de la comunicación

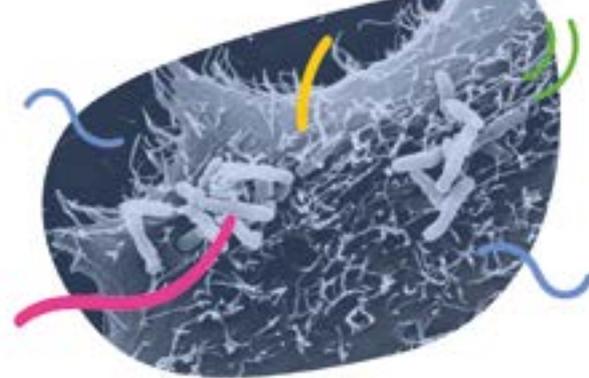
El cáncer colorrectal (CCR) es el tercer tipo de cáncer más frecuente a nivel mundial y en España provocó 11.021 muertes en 2021 según la Sociedad Española de Oncología Médica. Aunque tanto factores ambientales como genéticos pueden influir en el desarrollo del adenocarcinoma, el papel que juega la microbiota en la carcinogénesis está ganando protagonismo. En los últimos años varios miembros de la microbiota intestinal (*Escherichia coli* enterotoxigénica y *Bacteroides fragilis*), así como patógenos periodontales orales como *Fusobacterium nucleatum* o *Parvimonas micra*, se han asociado con el CCR. Sin embargo, todavía no se conoce completamente cómo la actividad microbiana influye en la progresión del tumor. En este trabajo, los perfiles taxonómicos y funcionales microbianos asociados con el tumor y la mucosa normal se analizaron mediante la secuenciación del gen ribosomal 16S y del ARN total, respectivamente. Observamos que los patógenos periodontales no solo eran más abundantes sino también más activos en el tejido tumoral. Curiosamente, la actividad de *Fusobacterium nucleatum* se correlacionó positivamente con la actividad de otras bacterias orales como *Parvimonas micra* y *Peptostreptococcus stomatis* y también con bacterias intestinales como *Hungatella hathewayi*. Usando análisis de expresión diferencial, se identificaron 1592 genes significativamente diferentes. Entre estos, observamos una mayor expresión de genes relacionados con la resistencia a los antibióticos y el estrés, así como enterotoxinas en el tejido tumoral. Por otra parte, las bacterias asociadas al tumor sobreexpresaron enzimas metabólicas como las glutaminasas que hidrolizan glutamina, un nutriente común en las células cancerosas. Además, la hidrólisis de la glutamina genera glutamato, una importante fuente de energía para las especies de *Fusobacterium*. En conclusión, los análisis metatranscriptómicos de muestras de tejido tumoral sugieren que los patógenos periodontales son más activos que en la mucosa normal y presentamos, por primera vez, una lista de genes potencialmente relevantes para la progresión tumoral.

Financiación

Este trabajo ha recibido financiación del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII; Spain) por el proyecto PI20/00413 y del proyecto RTI2018-102032-B-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación de España así como del CIBER INFEC ISCIII (CB21/13/00055). Además el biobanco de A Coruña tiene soporte de los ISCIII – Fondos FEDER (EU) PT20/00128. K. Conde-Pérez es beneficiaria de una beca predoctoral de la Asociación Española contra el cáncer (AECC). E. Buetas es beneficiaria de una beca predoctoral FPI del Ministerio de Ciencia e Innovación de España PRE2019-088126.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#205 ACTIVIDAD SINÉRGICA DE NUEVOS PÉPTIDOS CÍCLICOS ANÁLOGOS DE POLIMIXINA Y SU MECANISMO DE ACCIÓN SOBRE MEMBRANAS

Maribel Farfán^{1,2}, Fernando Sapena¹, Rocío Tudela¹, Francesc Rabanal³, Ana M. Marqués¹.

¹(Secció de Microbiologia, Departament de Biologia, Sanitat i Medi Ambient, Facultat de Farmàcia i Ciències de l'Alimentació, Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

²(Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio), Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

³(Secció de Química Orgànica, Departament de Química Inorgànica i Orgànica, Facultat de Química, Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Con la penicilina se inició la era de los antibióticos, conduciendo a un cambio importante en la calidad y esperanza de vida de los humanos. La resistencia antimicrobiana (RAM) intrínseca o adquirida, con el tiempo se está convirtiendo en un reto silencioso y muy importante para la salud pública global. Actualmente se están planteando diferentes estrategias para combatir la RAM, como el desarrollo de nuevos adyuvantes o potenciadores de antibióticos. En este trabajo se ha estudiado el efecto de colistina y polimixina B (controles) y de tres péptidos cíclicos derivados sintéticos de las polimixinas (spB-1, spB-7 y spE-10) como posibles adyuvantes de antibióticos clásicos. Los ensayos se realizaron frente a cepas resistentes de *Staphylococcus aureus* ATCC 43300, *Escherichia coli* BLEA Z-6949454 y *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853. Para cada péptido se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) por microdilución en caldo y la concentración mínima bactericida (CMB). Para evaluar su papel como adyuvante, se estudiaron combinaciones sinérgicas in vitro con 5 antibióticos (amikacina, ampicilina, ciprofloxacino, linezolid, tetraciclina) frente a cepas resistentes. Las combinaciones más prometedoras de sinergia se analizaron por citometría de flujo, utilizando dos marcadores fluorescentes BOX e IP, para evidenciar su mecanismo de acción sobre membranas. Los resultados obtenidos muestran que spB-7 es el producto que presenta mayor actividad antimicrobiana, spE-10 es especialmente activo frente a bacterias Gram negativas, y spB-1 es el menos activo. Los tres péptidos actúan como agentes bactericidas. El cribaje de sinergias ha permitido detectar varias interacciones aditivas y sinérgicas frente a bacterias resistentes. Por citometría de flujo se observó con polimixina B un efecto rápido con pérdida de integridad de membrana. Con los derivados de las polimixinas y las mezclas con antibióticos se vio una mayor despolarización de membranas y otras posibles dianas de actividad antimicrobiana.

Financiación

Proyectos del Ministerio de Ciencia e Innovación (RTI2018-098641-B-100 y PID2021-124342OB-100) y de la Fundació Marató TV3 (ref. 201829-10)

Referencias

Segovia, R., Solé, J., Marqués, A.M., Cajal, Y., Rabanal, F. (2021). Unveiling the membrane and cell wall action of antimicrobial cyclic lipopeptides: modulation of the spectrum of activity. *Pharmaceutics* 13, 2180.



#212 VISUALIZACIÓN Y DETECCIÓN DE LAS PARTÍCULAS DE SARS-COV-2 EN AEROSOLES DE PACIENTES CON COVID-19

Noelia Gómez-Sánchez^{1,2,3}, Violeta Esteban Ronda⁴, Javier Puentes Motos¹, Eduardo Yubero Funes², Javier Crespo Mira², Eusebi Chiner Vives^{4,5}, María Francisca Colom Valiente^{1,3}, Consuelo Ferrer Rodríguez^{1,3}.

¹(Departamento de Producción Vegetal y Microbiología, Universidad Miguel Hernández de Elche, Sant Joan d'Alacant, España)

²(Departamento de Física Aplicada, Universidad Miguel Hernández de Elche, Elche, España)

³(Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL), Alicante, España)

⁴(Hospital Universitari Sant Joan d'Alacant, Sant Joan d'Alacant, España)

⁵(Fundación para el Fomento de la Investigación sanitaria y biomédica en la Comunidad Valenciana (FISABIO), Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Más de tres años después de los primeros casos positivos de COVID-19 causados por el SARS-CoV-2 y a pesar del desarrollo de vacunas y tratamientos, la mayor parte del mundo sigue enfrentándose a riesgos provocados por la rápida transmisión de este virus (Asadi et al., 2020; Morawska and Cao, 2020). Sin embargo, todavía no hay conclusiones firmes sobre su propagación por vía aérea. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue demostrar la presencia de SARS-CoV-2 en partículas aerotransportadas de menos de 10 μm de diámetro (PM10), como prueba de su posible transmisión por aerosoles en entornos de pacientes hospitalizados o confinados en casa con COVID-19. El estudio se llevó a cabo de enero a julio de 2022 con pacientes COVID-19-positivos diagnosticados por RT-PCR. Se colocaron muestreadores de aire de bajo flujo (3L/min) con filtros de fibra de vidrio a diferentes distancias (1 y 2 metros) en las habitaciones de los pacientes durante una media de 24 horas. Tras la exposición, los filtros se procesaron para extracción de ácidos nucleicos y cuantificación de la carga viral mediante RT-PCR. Los filtros positivos se procesaron para la visualización de partículas virales mediante microscopía electrónica de barrido (SEM). Se estudiaron un total de 28 pacientes y 41 muestras de aerosol, de las cuales 23 resultaron positivas para el ARN del SARS-CoV-2 (56.09 %) y se observaron partículas víricas de 60-80 nm de diámetro en las imágenes de SEM, algunas de ellas embebidas en moco y otras formando agregados sobre la fibra de vidrio. Los resultados indican que, en las habitaciones cerradas, donde están alojados los pacientes con COVID-19, el SARS-CoV-2 puede detectarse a diferentes distancias mediante RT-PCR y SEM. Sin embargo, no se observó una correlación significativa entre la carga viral obtenida de los pacientes y sus respectivas muestras de aerosol.

Financiación

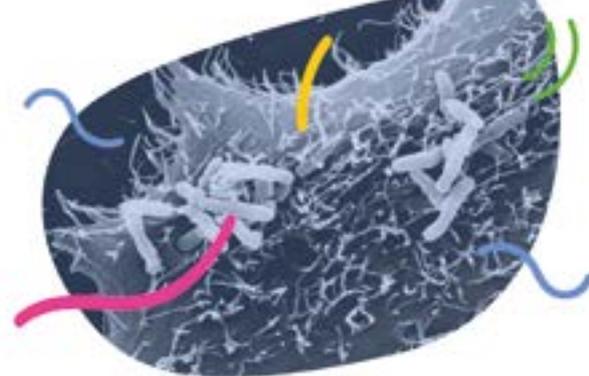
Este trabajo ha sido financiado por el Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL) 2021-0463 y de la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (FISABIO) - BOL00956.

Referencias

Asadi, S., Bouvier, N., Wexler, A.S., and Ristenpart, W.D. (2020) The coronavirus pandemic and aerosols: Does COVID-19 transmit via expiratory particles? *Aerosol Science and Technology* 54: 635–638.
Morawska, L., and Cao, J. (2020) Airborne transmission of SARS-CoV-2: The world should face the reality. *Environment International* 139: 105730.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#213 IMPACTO DE LAS VACUNAS CONJUGADAS ANTINEUMOCÓCICAS Y LA COVID19 EN LA RESISTENCIA ANTIBIÓTICA EN STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE

Julio Sempere¹, Covadonga Pérez García², Pilar Membrillo Solbes², Samantha Hita Díaz², Erick Joan Vidal Alcantara², Desiree Rico Martín², Mirian Domenech³, Jose Yuste¹.

¹(Departamento de Producción Vegetal y Microbiología, Universidad Miguel Hernández de Elche, Sant Joan D'alacant, España)

²(Departamento de Física Aplicada, Universidad Miguel Hernández de Elche, Elche, España)

³(Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL), Alicante, España)

Resumen de la comunicación

La enfermedad neumocócica invasiva (ENI) es una de las enfermedades infecciosas respiratorias asociadas a mayor mortalidad y morbilidad. Debido a la alta variabilidad de este patógeno, con 101 serotipos capsulares diferentes, y la resistencia a antibióticos de alguno de estos serotipos, la vigilancia epidemiológica de este patógeno es esencial. El objetivo principal de este trabajo fue estudiar la contribución de las actuales vacunas conjugadas antineumocócicas (VCNs) en la resistencia a antibióticos en neumococo, vigilando el aumento de serotipos no vacunales resistentes. Además, se analizó el impacto de la actual pandemia por SARS-CoV-2 a la resistencia a antibiótica en este patógeno. Para ello, se seleccionaron 3017 aislados clínicos y se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) a los antibióticos penicilina, amoxicilina, cefotaxima, eritromicina, levofloxacino y a las cefalosporinas orales cefditoren, cefixima y cefpodoxima. Se analizaron los periodos post-VNC7, pre-VCN13, periodos post-VCN13 y el primer año de la pandemia por SARS-CoV-2. Los antibióticos con menor proporción de cepas resistentes fueron cefditoren (<0,4%), seguido de cefotaxima, penicilina y levofloxacino. Además, los aislados clínicos resistentes a antibióticos de serotipos incluidos en la VCN7 y VCN13 mostraron una reducción después de la introducción de las VCNs en España. Sin embargo, se detectó un aumento de aislados resistentes que pertenecen a serotipos no-VCN13, principalmente los serotipos 11A, 24F y 23B. Por último, se observó un aumento en la proporción de aislados clínicos de neumococo con sensibilidad reducida a β -lactámicos y eritromicina en 2020, coincidiendo con la pandemia por SARS-CoV-2. Por lo tanto, se observó que la proporción de aislados resistentes a cefditoren y cefotaxima es baja a pesar del aumento de serotipos no vacunales y el aumento de serotipos no-VCN13 asociados a resistencia a antibióticos es preocupante, especialmente el aumento de resistencia a penicilina asociada a los serotipos 11A y 24F.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (MICINN) (PID2020-119298RB-I00) y por Meiji Pharma España (MVP 119/20).



#215 LA DIETA AFECTA A LA EFECTIVIDAD DEL TRASPLANTE FECAL COMO TERAPIA FRENTE A PATÓGENOS MULTIRRESISTENTES

Ángel Ruiz-Moreno¹, Beatriz Herrera¹, Anna Quirant¹, María José Garzón¹, Antonio Pineda-Lucena^{2,3}, Nuria Gómez-Cebrián², Leonor Puchades-Carrasco², Carles Úbeda^{1,4}.

¹ (Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana - FISABIO, Valencia, España)

² (Drug Discovery Unit, Instituto de Investigación Sanitaria La Fe, Valencia, España)

³ (Molecular Therapeutics Program, Centro de Investigación Médica Aplicada, University of Navarra, Pamplona, España)

⁴ (Centers of Biomedical Research Network (CIBER) in Epidemiology and Public Health, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

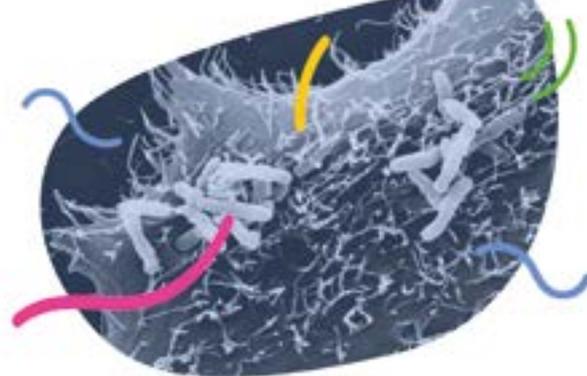
Los patógenos resistentes a antibióticos (PRAs) son un problema sanitario fundamental. La infección por PRAs, como los Enterococos vancomicina-resistentes (ERV), frecuentemente comienza por la colonización del intestino, un paso clave que en condiciones de homeostasis es impedido por la microbiota intestinal. Alteraciones en la microbiota inducidas por antibióticos permiten a PRAs colonizar y persistir en el intestino. Por ello se han comenzado a utilizar terapias basadas en la restauración de la microbiota (i.e. trasplante fecal) con el fin de disminuir la colonización por este tipo de patógenos. Este novedoso tratamiento, aunque prometedor, presenta una gran variabilidad en la tasa de erradicación de PRAs. Además, se desconocen las causas/factores que afectan a la eficacia del trasplante fecal. En este estudio, utilizando un modelo de ratón, hemos demostrado que la dieta del donante es un factor clave en la eficacia del trasplante fecal como terapia frente a ERV. Para ello, se simuló una situación clínica, tratando a ratones con vancomicina, lo que permite la colonización por ERV. Con el fin de reestablecer la microbiota y eliminar al patógeno, se realizó un trasplante fecal de ratones alimentados con dieta control (CD-TF) o una dieta occidental rica en grasas y azúcares simples (DO-TF). La dieta del donante influyó en la reconstitución de la microbiota lo que produjo diferencias significativas en la descolonización intestinal de ERV, siendo el trasplante CD-TF significativamente más efectivo. Experimentos ex vivo junto con análisis metabolómicos sugirieron que mecanismos directos por los cuales las bacterias de la microbiota inhiben ERV (i.e. competición por nutrientes, producción de sustancias inhibitorias) están involucrados en el impacto de la dieta en la eficacia del trasplante fecal. Nuestro estudio indica que la dieta del donante debería ser un factor a tener en cuenta en la utilización del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes.

Financiación

PID2020-120292RB-I00.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#218 DIFERENCIAS EN PATOGENICIDAD ENTRE SECUENCITIPOS DEL SEROTIPO 3 DE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE EN EL CONTEXTO DE LA ENFERMEDAD NEUMOCÓCICA INVASIVA

Covadonga Pérez García¹, Julio Sempere García¹, Sara De Miguel², Samantha Hita¹, Erick J. Vidal¹, Aída Úbeda¹, Pilar Membrillo³, Juan Carlos Sanz⁴, Mirian Domenech Lucas^{1,3}, Jose Yuste Lobo¹.

¹(Unidad de Neumococos. Laboratorio de Referencia e Investigación en Enfermedades Bacterianas Inmunoprevenibles. Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

²(Servicio de Epidemiología de la Comunidad de Madrid, Dirección General de Salud Pública, Madrid, España, Madrid, España)

³(Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Complutense de Madrid., Madrid, España)

⁴(Laboratorio Regional de Salud Pública de la Comunidad de Madrid, Madrid, España, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Pese a la disponibilidad de vacunas conjugadas y antibióticos, la Enfermedad Neumocócica Invasiva (ENI) sigue asociada a elevadas tasas de mortalidad y morbilidad, principalmente en población pediátrica y adultos ≥ 65 años. Existen 101 serotipos de neumococo de los que el serotipo 3, pese a estar incluido en la vacuna neumocócica conjugada 13-valente (VNC13), sigue siendo uno de los principales serotipos causantes de ENI en niños, y adultos. En este estudio, se han seleccionado 152 cepas de ENI por serotipo 3 de la Comunidad de Madrid desde 2007-2018 y se ha estudiado su genotipo mediante PCR-MLST, con el objetivo de ver si existe una asociación entre algún secuenciotipo y letalidad o comorbilidades previas. También se ha analizado si existen diferencias entre secuenciotipos y la interacción con el epitelio respiratorio o evasión del sistema inmunitario. Se llevaron a cabo experimentos de adhesión con la línea celular A549, ensayos de opsonofagocitosis (OPA) con la línea celular HL-60 diferenciada a neutrófilos y de depósito del componente C3, medido mediante citometría de flujo, para ver diferencias en OPA. También se estudió la formación de biofilm. Los resultados muestran que el genotipo mayoritario es el ST180 (48,7%) seguido del ST260 (23,4%), pero no se encontró asociación significativa entre alguno de ellos y letalidad por ENI, pero sí mayor mortalidad en pacientes con problemas respiratorios y cardiovasculares. El ST180 presentaba una mejor adhesión y evasión de la OPA que el resto, pero era el que menos biofilm formaba. Los casos de exitus letalis dependerían de la existencia de comorbilidades previas más que por el secuenciotipo. La mejor adhesión y evasión inmunitaria del ST180 explicaría su aumento en los últimos años en detrimento del resto de genotipos cuya evolución ha ido disminuyendo a medida que ha ido implantándose el uso generalizado de la vacuna conjugada (VNC13).

Financiación

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad (PID2020-119298RB-I00).

Referencias

1 de Miguel, S. et al. (2021) CID 73(11), e3778-e3787

2 Sempere, J. et al. (2022) The Lancet. Microbe, 3(10), e744-e752.



#229 DETECCIÓN DE AMILOIDES PATOGENICOS EN LA MICROBIOTA INTESTINAL

Miriam Serrano , Alejandro Toledo-Arana , Jaione Valle.1

¹(Instituto de Agrobiotecnología (IdAB) - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Mutilva, España)

Resumen de la comunicación

La microbiota del tracto gastrointestinal constituye el biofilm más abundante del cuerpo humano (1). La composición de la matriz extracelular del biofilm varía entre las diferentes especies bacterianas y es susceptible a cambios ambientales. Estudios recientes han reconocido que los amiloides son elementos funcionales y estructurales de la matriz extracelular del biofilm de muy diversas bacterias. La presencia de amiloides funcionales proporciona integridad a la estructura del biofilm, favorece su estabilidad, media la interacción con otros componentes de la matriz y evita la degradación de proteínas del biofilm por proteasas y estreses externos. Por tanto, estas estructuras podrían considerarse como uno de los componentes mayoritarios del biofilm de la microbiota intestinal. Además, se postula que la presencia/ausencia, o cambios en la abundancia de los amiloides de la microbiota intestinal, podrían actuar como punto de inflexión en el desarrollo de enfermedades neurodegenerativas, gastrointestinales, autoinmunes o cáncer. Sin embargo, nuestros conocimientos actuales sobre amiloides bacterianos en el tracto gastrointestinal y, especialmente, durante una disbiosis intestinal, son limitados. En este trabajo, hemos puesto a punto un protocolo para purificar amiloides provenientes de muestras de microbiota fecal humana. Las muestras fecales fueron sometidas a un fraccionamiento por gradiente de densidad, centrifugación diferencial y lavados con detergentes. Además, haciendo uso de un ensayo de retención en filtro, hemos sido capaces de detectar estructuras amiloides formadas por la proteína Esp de *Enterococcus faecalis* en varias muestras fecales. Los aislados de *E. faecalis* productores de amiloides presentaban una elevada capacidad para formar biofilm (2). Asimismo, hemos determinado que la presencia de amiloides bacterianos provocaba cambios en la permeabilidad intestinal así como en la composición de la microbiota. Estos resultados sugieren que los amiloides bacterianos del biofilm intestinal pueden ser factores clave en el desarrollo de enfermedades en cuya patogenia se ha implicado a la microbiota intestinal.

Financiación

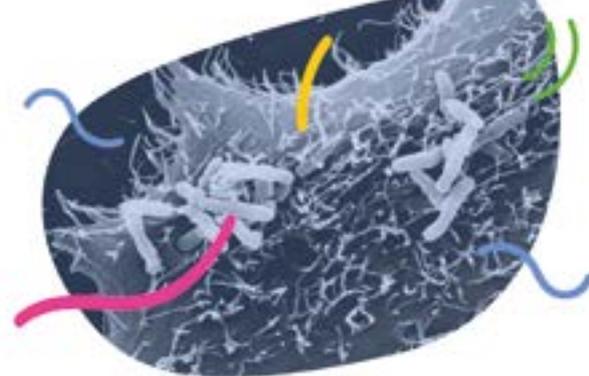
Gobierno de Navarra - Departamento de Universidad, Innovación y Transformación Digital. Ministerio de Ciencia e Innovación -PID2021-124248OB-I00

Referencias

1. Hanne L.P. Tytgat, Nobrega, F. L., van der Oost, J., & de Vos, W. M. (2019). Bowel Biofilms: Tipping Points between a Healthy and Compromised Gut? *Trends in Microbiology*, 27(1), 17–25. <http://doi.org/10.1016/j.tim.2018.08.009>
2. Taglialegna, A., Matilla-Cuenca, L., Dorado-Morales, P., Navarro, S., Ventura, S., Garnett, J. A., et al. (2020). The biofilm-associated surface protein Esp of *Enterococcus faecalis* forms amyloid-like fibers. *NPJ Biofilms and Microbiomes*, 1–12. <http://doi.org/10.1038/s41522-020-0125-2>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#233 PRODUCTOS NATURALES DERIVADOS DE HONGOS ASOCIADOS A LÍQUENES XEROFÍTICOS CON ACTIVIDAD FRENTE AL FITOPATÓGENO PECTOBACTERIUM CAROTOVORUM

Pilar Sánchez Muñoz, Víctor González Menéndez, Ignacio Fernández Pastor, Jesús Martín, Carlos Justicia, Fernando Reyes, Olga Genilloud, Rosario Fernández, Mercedes De La Cruz.¹

¹(Fundación MEDINA, Granada, España)

Resumen de la comunicación

La agricultura es crítica para el desarrollo y la subsistencia de la sociedad humana, por lo que es fundamental proteger la producción mundial de cultivos frente a plagas y agentes fitopatógenos, que causan pérdidas del 20-40% cada año. El uso de sustancias agroquímicas puede tener efectos perjudiciales a nivel medioambiental y de salud. Una alternativa segura puede ser el biocontrol mediante el uso de agentes microbianos o de sus metabolitos secundarios. El objetivo de este estudio es encontrar nuevas moléculas procedentes de extractos de hongos asociados a líquenes xerofíticos capaces de inhibir a *Pectobacterium carotovorum*, fitopatógeno que afecta a las patatas a nivel postcosecha, específicamente durante su almacenamiento. Con este fin, se desarrolló un ensayo in vitro basado en el cribado de alto rendimiento o HTS (High Throughput Screening) para determinar la capacidad inhibitoria del crecimiento de 1840 extractos procedentes de 584 cepas de hongos, frente a *P. carotovorum*. Se establecieron las condiciones óptimas de HTS, incluyendo el uso de placas multipocillo, medio de cultivo (MHII), tiempo y temperatura de incubación (16-18 horas a 25°C) y curva dosis-respuesta de streptomina usada como antibacteriano control de referencia. La actividad se midió mediante fluorescencia utilizando resazurina. Los extractos activos fueron sometidos a desreplicación mediante cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (HR-LCMS) en combinación con búsquedas en las bases de datos internas de la Fundación MEDINA y el diccionario de productos naturales. De los 1840 extractos ensayados se seleccionaron 16 (0.87% hit-rate) por presentar una actividad $\geq 50\%$. El análisis por HR-LCMS mostró que la mayoría de ellos contenían compuestos como el ácido ciclopiazónico, enniantinas, nemanolona o terrein. Sin embargo, no se encontraron coincidencias conocidas para dos de los extractos, en los que se está trabajando actualmente para elucidar su estructura y estudiar su aplicabilidad en la protección de los cultivos de patata.

Financiación

Proyecto de Excelencia de la Junta de Andalucía PY18-RE-0027 y Fundación MEDINA.



#253 EVOLUCIÓN DE LOS SEROTIPOS EMERGENTES NO VACUNALES 22F Y 33F CAUSANTES DE ENFERMEDAD NEUMOCÓCICA INVASIVA EN ESPAÑA

Samantha Hita Díaz¹, Covadonga Pérez García¹, Erick Joan Vidal Alcántara¹, Aída Úbeda Trillo¹, Pilar Membrillo Solbes¹, Victoria Moreno¹, Elena Andrés Galván¹, Mirian Domenech², José Yuste³, Julio Sempere³.

¹(Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

²(Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid; CIBER de Enfermedades Respiratorias, Madrid, España)

³(Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III; CIBER de Enfermedades Respiratorias, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

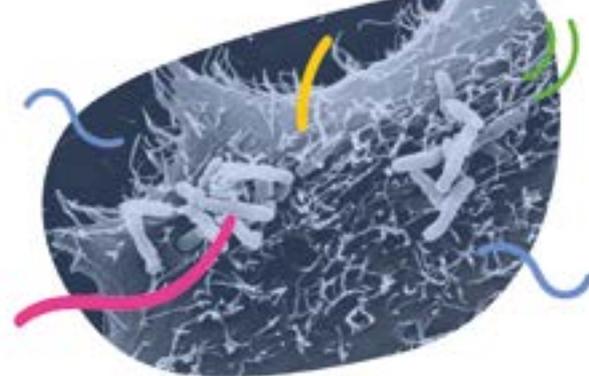
Una de las principales causas de mortalidad a nivel mundial son las infecciones respiratorias, cuyo principal agente etiológico bacteriano es *Streptococcus pneumoniae* (neumococo). Este patógeno humano puede causar enfermedades no invasivas como otitis y neumonías y enfermedades neumocócicas invasivas (ENI) como meningitis y bacteriemia. La enfermedad neumocócica es prevenible por vacunación, siendo la mejor estrategia para luchar contra la resistencia antibiótica y controlar la ENI. Desde la introducción de las vacunas conjugadas neumocócicas (VCNs), ha surgido el fenómeno de reemplazo de serotipos, haciendo necesaria la vigilancia de serotipos emergentes y el desarrollo de vacunas con mayor valencia. En este estudio se ha caracterizado la carga de enfermedad de los serotipos 22F y 33F incluidos en las nuevas vacunas VCN15 y VCN20, así como los genotipos circulantes, mediante serotipado por dot blot y PCR-secuenciación y, genotipado por MLST. Además, se ha analizado el impacto de la VCN13 y la COVID-19 en los casos de ENI por ambos serotipos. Los resultados indican que desde la introducción de la VCN13 existe un incremento en la incidencia de estos dos serotipos no-VCN13 en población pediátrica y adulta ≥ 65 años desde 2009 al 2019. Debido a la COVID-19 y a las medidas no farmacológicas en el periodo 2020-21 se observa un descenso de la incidencia de estos serotipos, existiendo un repunte en 2022 alcanzando cifras similares al periodo pre-pandémico. A nivel de clones circulantes, el serotipo 22F tiene dos grupos diferenciados entre población pediátrica y adulta, sin embargo, el serotipo 33F se manifiesta en un único grupo homogéneo siendo los genotipos principales el ST43322F y ST71733F. La administración de vacunas antineumocócicas en la población pediátrica y adulta es crucial para combatir la ENI, las nuevas vacunas que incluyen estos dos serotipos, ayudarán a frenar el reemplazo de serotipos no vacunales causantes de ENI.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (MICINN). (PID2020-119298RB-100)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#255 IDENTIFICATION OF THE PSEUDOMONAS AERUGINOSA σ HASI AND σ HXUI REGULONS

Ana Sánchez Jiménez, Francisco Javier Marcos Torres, Marian Llamas Lorente.¹

¹(Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Granada, España)

Resumen de la comunicación

Iron is an essential nutrient for all living organisms. Pathogens have developed several strategies to obtain iron during infection, including using iron-containing molecules from the host. The vast majority of the iron pool in vertebrates is complexed with heme. The human pathogen *Pseudomonas aeruginosa* possesses three different systems for heme acquisition named Phu, Has and Hxu [1]. The Has and Hxu systems are not only heme acquisition systems but also signalling systems that activate expression of heme response genes [1]. They are composed of an outer-membrane receptor (HasR and HxuA, respectively) that senses the presence of the heme-HasAp hemophore complex (HasR) or free heme (HxuA) in the extracellular medium and initiate a signalling cascade that triggers the activation of an σ ECF factor in the cytosol (σ HasI and σ Hxul, respectively) [1]. Upon activation, the σ ECF factor binds the RNA polymerase and initiates transcription of target genes. By RNAseq using mutants in the receptor and σ ECF factor genes, and strains overexpressing σ HasI or σ Hxul, we have identified the regulons of the Has and Hxu signalling systems. These analyses show that the Has system regulates, besides the Has system itself, the expression of pyoverdine and rhamnolipids synthesis genes. Interestingly, activation of the Hxu systems leads to the expression of several virulence factors, including phenazine synthesis genes, type III secretion system (T3SS) structural and effector proteins, and the LasB elastase. Direct regulation of these genes by the σ HasI or σ Hxul factor has been analysed by electrophoretic mobility shift assay (EMSA). Our results show that there is no overlap in the genes regulated by the Has and the Hxu systems, and that while the main function of the Has system is the regulation of iron acquisition, the Hxu system is used by *P. aeruginosa* to trigger expression of virulence genes in response to heme.

Financiación

This work has been funded by the PAIDI-2020 program of Junta de Andalucía/FEDER with project P18-FR-1621 and the MCIN/AEI/10.13039/501100011033 Spanish agency with project PID2020-115682GB-I00.

Referencias

[1] Otero-Asman JR, García-García AI, Civantos C, Quesada JM & Llamas MA (2019). *Pseudomonas aeruginosa* possesses three distinct systems for sensing and using the host molecule haem. *Environ Microbiol*, 21: 4629–4647.



#258 COMBINACIONES DE VIEJOS POLIPÉPTIDOS FRENTE A CEPAS CLÍNICAS DE ESCHERICHIA COLI MDR

Francina Alajarin¹, Marta Jorba¹, Isabel Perez-Guillen¹, Paula Espinal¹, Teresa Vinuesa¹, Sonia Suarez¹, Miguel Viñas¹, Ester Fusté^{1,2}, Josep Maria Sierra¹.

¹(Department of Pathology and Experimental Therapeutics, Faculty of Medicine and Health Sciences, Campus Bellvitge, University of Barcelona, Barcelona, España)

²(Department of Public Health, Mental Health and Maternal and Child Health Nursing, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

El incremento de la resistencia a los antimicrobianos constituye un grave problema de salud global, de manera que la OMS lo incluye su lista de prioridades. En este sentido y debido al incremento constante y preocupante de la resistencia a los antibióticos, una de las propuestas, ampliamente aceptada, para combatir la multiresistencia, es la búsqueda de combinaciones de antibióticos ya aprobados por las agencias de medicamentos para su uso en clínica. Un grupo de antibióticos, entre los que se encuentran la colistina (COL), gramicidinas (GRAM) y nisina (NIS), son polipéptidos antimicrobianos cuyo mecanismo de acción está mediado por la interacción con estructuras de las membranas bacterianas, provocando su disrupción, alterando la permeabilidad y/o el balance iónico de las propias membranas, formando canales y finalmente causando la muerte celular. Este mecanismo de acción hace de estos antimicrobianos un grupo muy interesante para usar en combinaciones entre ellos. El objetivo de este trabajo es estudiar la actividad biológica de nuevas combinaciones atípicas de antimicrobianos con el fin de aumentar la actividad frente a las cepas MDR.

Métodos: Para evaluar la actividad antimicrobiana in vitro, se ha determinado la actividad de los antimicrobianos por sí solos, COL, GRAM y NIS, y posteriormente en combinación COL-GRAM y COL-NIS mediante checkerboard assay y curvas de letalidad.

Resultados: Las combinaciones mostraron un aumento significativo de la actividad, reduciendo los valores de MIC. Los índices de concentración inhibitoria fraccional (FICI) obtenidos mediante la combinación COL-GRAM demuestran sinergismo en todos los casos con valores entre 0,1 y 0,3. Por otro lado los FICI obtenidos para la combinación COL-NIS fueron entre 0,3 y 0,5

Conclusión: El aumento de actividad de GRAM y NIS, cuando se combinan con colistina, plantea la posibilidad de recuperar estos péptidos usándolos de forma combinada, para el tratamiento de infecciones causadas por cepas MDR

Financiación

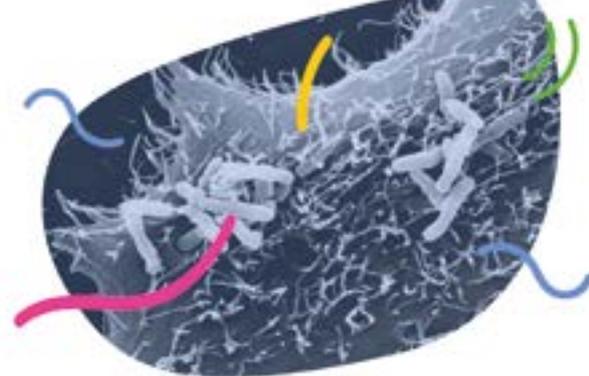
BARNAPA from Marató TV3 Foundation (to M.V.).

Referencias

Armengol E, Domenech O, Fusté E, Pérez-Guillén I, Borrell JH, Sierra JM, Vinas M. Efficacy of combinations of colistin with other antimicrobials involves membrane fluidity and efflux machinery. *Infect Drug Resist.* 2019 Jul 11;12:2031-2038. doi: 10.2147/IDR.S207844. PMID: 31372011; PMCID: PMC6628955.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#259 CARACTERIZACIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE HUMORAL EN MUCOSAS FRENTE A LA COLONIZACIÓN INTESTINAL POR CANDIDA ALBICANS

Isabel Cortés Prieto, Daniel Prieto Prieto, Susana Hidalgo Vico, Marina Álvaro Moya, Alejandro Sanz Rodríguez, Rebeca Alonso Monge, Jesús Pla Alonso, Elvira Román González.¹

¹(Departamento de Microbiología y Parasitología-IRYCIS, Facultad de Farmacia, UCM, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Candida albicans es un microorganismo comensal que forma parte del microbioma humano intestinal, origen de la mayoría de las infecciones sistémicas en situaciones de inmunosupresión. En los últimos años, nuestro equipo se ha enfocado en investigar qué factores le permiten colonizar el tracto gastrointestinal y en desarrollar nuevas estrategias para tratar la enfermedad sistémica. La respuesta inmunitaria mediada por IgAs es esencial para controlar los niveles de colonización por *C. albicans*. Dicha respuesta está dirigida preferentemente a proteínas que se expresan en la forma filamentosa. Nuestro objetivo es identificar las dianas frente a las que se dirige dicha respuesta mediante dos aproximaciones. Primero, hemos sobreexpresado los genes ALS1, ALS3, ALS9, HWP1, HYR1, RBT1 e IFF4 en la levadura *Sacharomyces cerevisiae*, que no es reconocida por las IgAs anti-*Candida* generadas en un modelo de colonización intestinal en ratón. Los resultados de microscopía de fluorescencia y citometría de flujo, tras la incubación con extractos fecales enriquecidos en IgAs (slgAeF) procedentes de ratones previamente colonizados con la cepa silvestre SC5314, muestran que Als3 es la principal adhesina frente a la que se dirige dicha respuesta. Segundo, estamos identificando todas las dianas de estas IgAs intestinales mediante un rastreo genético en *S. cerevisiae*. Para ello, estamos construyendo una genoteca genómica de *C. albicans* a partir de fragmentos de entre 3-10 kpb en el plásmido YEP352. La identificación se va a realizar mediante separación celular por FACS de aquellos clones reconocidos por las IgAs tras la incubación con slgAeF. Actualmente estamos poniendo a punto el protocolo para la correcta separación, aislamiento e identificación de clones mediante secuenciación.

La identificación de los principales inmunógenos podría servir para generar levaduras recombinantes con potencial inmunomodulador para la prevención y/o tratamiento de candidiasis y enfermedades asociadas a una mayor colonización por este hongo como la enfermedad de Crohn.

Financiación

PID2021-122648NB-I00. Ministerio de Ciencia e Innovación. Proyectos de Generación de Conocimiento.

Referencias

Alonso-Monge, Rebeca et al. "Candida albicans colonization of the gastrointestinal tract: A double-edged sword." *PLoS pathogens* vol. 17,7 e1009710. 22 Jul. 2021, doi:10.1371/journal.ppat.1009710

Doron, Itai et al. "Mycobiota-induced IgA antibodies regulate fungal commensalism in the gut and are dysregulated in Crohn's disease." *Nature microbiology* vol. 6,12 (2021): 1493-1504. doi:10.1038/s41564-021-00983-z

Ost, Kyla S et al. "Adaptive immunity induces mutualism between commensal eukaryotes." *Nature* vol. 596,7870 (2021): 114-118. doi:10.1038/s41586-021-03722-w



#263 EFECTO SINÉRGICO DE N-ACETIL-L-CISTEINA Y CEFDITOREN EN BIOFILMS DE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE MULTIRRESISTENTE

Mirella Llamosi Fornés^{1,2}, Julio Sempere^{1,2}, Pilar Coronel³, Mercedes Gimeno³, Jose Yuste^{1,2}, Mirian Domenech^{4,1,2}.

¹ (Centro Nacional de Microbiología - ISCIII, Madrid, España)

² (CIBER de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, España)

³ (MEJJI Pharma, Madrid, España)

⁴ (Universidad Complutense de Madrid - Facultad de Ciencias Biológicas, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El biofilm de *Streptococcus pneumoniae* está asociado a la colonización del tracto respiratorio superior, incluyendo el estado de portador, así como en infecciones respiratorias crónicas en pacientes con neumonía, enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC), otitis media o sinusitis. El uso de antibióticos cada vez es más complicado para tratar estas infecciones crónicas causadas por biofilms, por el carácter recalcitrante de estos biofilms. Por ello es conveniente el desarrollo de nuevas estrategias que combinen estos antibióticos con otros compuestos como enzibióticos o antioxidantes y obtener tratamientos más efectivos. En este trabajo, demostramos que la cefalosporina oral de tercera generación cefditoren (CDN) y el antioxidante N-acetil-L-cisteína (NAC) muestran un efecto sinérgico frente al biofilm neumocócico. Esta combinación produce la inhibición del crecimiento bacteriano tanto de células planctónicas como de células del biofilm, además de la destrucción de la biomasa del biofilm. En términos de viabilidad, tanto en ensayos de inhibición (prevención) como de desagregación (tratamiento), la combinación del antibiótico CDN con el antioxidante NAC también es efectiva. Así mismo, este efecto sinérgico antimicrobiano se puede observar frente a *S. pneumoniae* multiresistentes que colonizan el epitelio pulmonar ya que el uso combinado de CDN y NAC es capaz de reducir la adhesión bacteriana a las células epiteliales humanas. Por último, en un modelo de infección por neumonía neumocócica aguda multiresistente en ratones, la administración de CDN+NAC es capaz de eliminar las bacterias de las vías respiratorias en comparación con el tratamiento individual. En general, nuestros resultados demuestran que la combinación de CDN+NAC, es una estrategia prometedora para prevenir y tratar los biofilms respiratorios causados por *S. pneumoniae*, reducir la adhesión al epitelio pulmonar y tratar la neumonía neumocócica.

Financiación

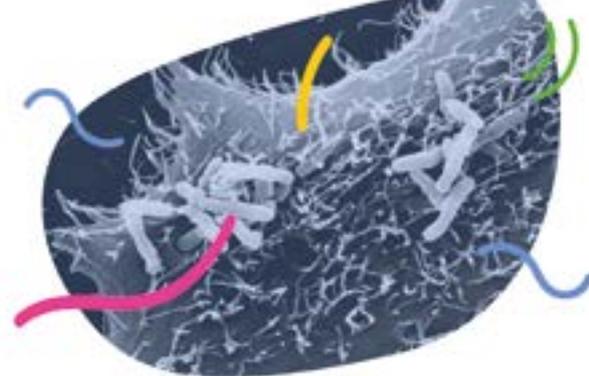
Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (MICINN) (PID2020-119298RB-I00) y por Meiji Pharma España (MVP 119/20).

Referencias

Llamosi y col (2022) *Microbiol. Spectr.* 10(6): e0341522.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#276 UNA NUEVA HERRAMIENTA PARA ESTUDIAR LA RESISTENCIA QUE CONFIERE LA MICROBIOTA INTESTINAL FRENTE A PATÓGENOS MULTIRRESISTENTES

Cintya González Torres¹, Candela Fuster González¹, Ángel Ruiz Moreno¹, Carles Ubeda^{1,2}.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana, Valencia, España)

²(Centro de investigación Biomédica en Red (CIBER) Epidemiología y Salud Pública, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los patógenos resistentes a antibióticos (PRAs) son un problema fundamental para la salud pública. Los PRAs, incluyendo el *Enterococo* vancomicina-resistente (EVR) o las Enterobacterias multirresistentes, frecuentemente comienzan las infecciones colonizando el intestino. En condiciones de homeostasis, la microbiota intestinal inhibe la colonización intestinal. Por ello, alteraciones en la microbiota inducidas por la dieta y los antibióticos facilitan la colonización por PRAs y posteriores infecciones. A pesar de la relevancia de este proceso, se desconocen en gran medida las bacterias de la microbiota que son clave para conferir resistencia frente a PRAs y los mecanismos que la confieren. En este estudio hemos implementado una nueva metodología *in vitro* con el fin de poder estudiar la resistencia a la colonización por PRAs. Para ello hemos crecido, en condiciones de anaerobiosis, muestras fecales humanas en un medio que imita las condiciones nutricionales del intestino (Li, *Nat Comm*, 2019). Dicho medio es renovado cada 12 horas. Pasadas 48 horas, se inocular el patógeno ERV y se monitoriza su crecimiento durante 48 horas mediante cultivos en medios selectivos. Además, la diversidad de la microbiota fue analizada mediante secuenciación masiva del gen 16s rRNA. Mediante esta aproximación fuimos capaces de cultivar una microbiota intestinal diversa, incluyendo 29 géneros bacterianos pertenecientes a los filos más abundantes de la microbiota (*Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria*). La composición de la microbiota se mantuvo estable durante todo el experimento. Además, la microbiota intestinal mantenida *in vitro* fue capaz de inhibir el crecimiento de EVR, tal y como ocurre en individuos sanos. Teniendo en cuenta los resultados obtenidos, planteamos esta novedosa metodología como una herramienta de fácil utilización y escaso coste para estudiar mecanismos de resistencia a la colonización e identificar nuevos probióticos para prevenir infecciones por patógenos multirresistentes.

Financiación

PDC2021-121808-I00.

Referencias

Li y col. (2019) *Nature communications* 10:4146.



#279 ESTUDIO DE LA MICROBIOTA ORAL EN MOLARES TEMPORALES SANOS EN COMPARACIÓN CON MOLARES RESTAURADOS CON CORONAS DE ACERO INOXIDABLE

Andrea Rubio Pérez^{1,2}, Tania Pereira¹, Felipe Aguilera^{1,3}, Gracia Ballester¹, Marta Jorba¹, Guadalupe Jimenez¹, Josep Maria Sierra¹, Juan Ramón Boj², Teresa Vinuesa¹.

¹(Lab Microbiología. Dep de Patología y Terapéutica Experimental. Idibell. Fac Medicina y Ciencias de la Salud. Universidad de Barcelona., Barcelona, España)

²(Dep Odontoestomatología. Fac Medicina y Ciencias de la Salud. Universidad de Barcelona., Barcelona, España)

³(Instituto de Odontoestomatología. Facultad de Medicina. Universidad Austral de Chile., Valdivia, Chile)

Resumen de la comunicación

Introducción: Las coronas de acero inoxidable son un tratamiento restaurador muy utilizado en molares temporales con grandes lesiones de caries en Odontopediatría. Estas se ajustan subgingivalmente lo que podría influir en la microbiota del surco gingival. Sin embargo, existen pocos estudios que analicen la microbiota oral en presencia de estas coronas en la población infantil.

El objetivo del estudio es evaluar la presencia y adhesión de bacterias en molares temporales sanos en comparación con molares temporales restaurados con coronas de acero inoxidable.

Material y método: Se seleccionaron 17 pacientes de 4 a 10 años con un molar temporal restaurado con corona de acero inoxidable y un molar sano. De dichos molares, se recogió una muestra de placa subgingival con cureta estéril y se introdujo en un Eppendorf con 'Reduced transport fluid' (RTF). En el laboratorio se siembran dichas muestras en medios sólidos selectivos y se incuban a 37°C durante 48 horas en atmosfera con 5% de CO₂ y durante 7 días a 37°C en condiciones anaerobias (Cámara Don Withley DG 250, 10% CO₂ 10% H₂ 80% N₂). Posteriormente, se realiza el recuento de bacterias y se identifican mediante tipo de hemólisis y pruebas bioquímicas.

Resultados: En la mayoría de la muestra estudiada, se aprecia mayor presencia de estreptococos (*S. mutans*, *S. salivarius*, *S.mitis/sanguis*) y bacterias anaerobias (*Porphyromonas gingivalis*, *Campylobacter rectus*) en dientes sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable.

Conclusiones: En los molares restaurados se observa una disbiosis con disminución del número de estreptococos y bacterias anaerobias en comparación con molares temporales sanos. Son precisos estudios in vitro investigando adhesión a las distintas superficies para valorar nuestro hallazgo.

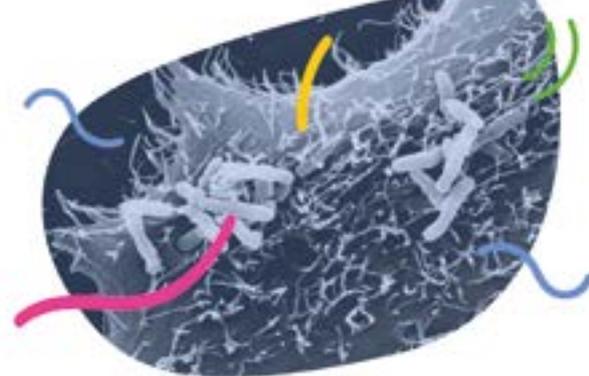
Referencias

Seale NS, Randall R. The use of stainless steel crowns: a systematic literature review. *Pediatr Dent.* 2015;37(2):145-60.

Marsh P, Martin M, Lewis M, Williams D. *Oral microbiology. 5th ed.* Churchill Livingstone Edinburgh: Elsevier.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#280 LA MICROBIOTA INTESTINAL FACILITA LA GENERACIÓN DE NUEVAS CEPAS MULTIRRESISTENTES MEDIANTE LA TRANSFERENCIA DE PLÁSMIDOS CONJUGATIVOS

Candela Fuster González¹, Beatriz Herrera¹, María José Garzón¹, Asmus Kalckar Olesen², Clara Megías¹, Blanca Martín¹, Soren Johannes Sorensen², Carles Ubeda^{1,3}.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (FISABIO), Valencia, España)

²(Departamento de Biología, Universidad de Copenhague, Copenhague, Dinamarca)

³(Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER) Epidemiología y Salud Pública, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La diseminación de genes de resistencia mediante plásmidos conjugativos es un mecanismo fundamental de generación de cepas multirresistentes. Esta diseminación se podría producir de manera eficiente en el intestino debido a la elevada densidad y diversidad bacteriana existente (la microbiota intestinal). A pesar de su importancia, se desconocen los factores que promueven la diseminación de plásmidos conjugativos en la microbiota intestinal, así como las bacterias que participan en adquirirlos, conservarlos y transferirlos. En este estudio hemos implementado una nueva metodología que nos permite estudiar la diseminación de plásmidos conjugativos desde una cepa donadora (*Escherichia coli*) a bacterias de la microbiota. Concretamente, hemos introducido en un plásmido conjugativo un gen que codifica para la proteína verde fluorescente y un gen que confiere resistencia a cloranfenicol. La expresión de ambos genes es controlada por un mismo promotor. De esta manera, no se expresan en la cepa donadora, ya que contiene un represor del promotor, pero sí en las cepas receptoras. Mediante citometría de flujo, crecimiento en medios selectivos y secuenciación del gen 16S demostramos *ex vivo* la transferencia y persistencia del plásmido conjugativo en múltiples bacterias comensales; principalmente pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae y en menor medida a la clase Bacteroidia. Más aun, mediante un modelo de ratón en el cual simulamos la colonización por enterobacterias multirresistentes tras el tratamiento antibiótico y la restauración de la microbiota mediante el trasplante fecal, demostramos que esta terapia es efectiva en la eliminación de enterobacterias multirresistentes pero promueve la generación de nuevas bacterias multirresistentes mediante la diseminación de plásmidos a las bacterias trasplantadas. Nuestros resultados demuestran la transferencia de genes de resistencia a través de plásmidos conjugativos entre bacterias de la microbiota intestinal e indican un potencial efecto negativo de terapias basadas en la restauración de la microbiota: la generación de nuevas cepas multirresistentes.

Financiación

PID2020-120292RB-I00.



#283 EL ORGANISMO, UNA INESPERADA AUTOPISTA BACTERIANA

Jose Luis Lavin Trueba¹, Aize Pellon², Sarai Varona³, Leticia Abecia⁴, Carlos Garbisu¹, Juan Anguita¹, Hector Rodriguez⁴.

¹(NEIKER, Derio, España)

²(King's College London, London, Reino Unido)

³(Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

⁴(CIC bioGUNE, Derio, España)

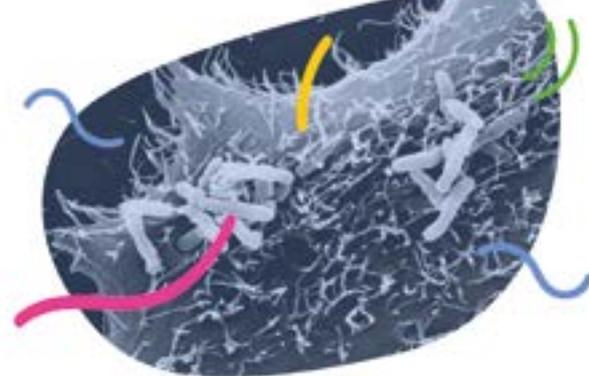
Resumen de la comunicación

Ateniéndonos al dogma de la esterilidad, la presencia bacteriana en el organismo de un individuo humano sano debería restringirse a unos nichos determinados. No obstante, han salido a la luz diferentes evidencias que apuntan a la posibilidad de que a través del proceso de translocación, las bacterias, puedan colonizar zonas corporales distantes, que previamente se consideraban estériles; con las consiguientes implicaciones para la salud del hospedador. Se puede ejemplificar este evento con el caso de la colonización del intestino por parte de patógenos orales los cuales se consideran un factor de riesgo en desordenes como la Enfermedad Inflamatoria Intestinal o el cáncer colorrectal, lo que hace hincapié en los mecanismos de translocación boca- intestino.

Se baraja la posibilidad de que ciertas bacterias sean capaces de utilizar las células inmunitarias como vehículo de su deslocalización, siendo para ello clave la capacidad sobrevivir en el interior de estas. Puede establecerse un paralelismo entre esta capacidad de supervivencia, y la de ciertos patógenos intracelulares. En base a esto hipotetizamos sobre la posible existencia de un perfil genético análogo. Para contrastar esta hipótesis, se obtuvo de la Virulence Factor Database (VFDB), un set de genes de las categorías Inmunomodulación, Resistencia al estrés, Invasión y Sistema de liberación de efectores, en base a cuya presencia/ausencia (mediante análisis de ortologías) generamos un modelo de Inteligencia Artificial capaz de predecir la potencial facultad de supervivencia intracelular y/o translocación de una cepa bacteriana tras analizar su genoma/proteoma.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#287 ACEITES ESENCIALES Y GLUCOSA OXIDASA EN NUTRICIÓN ANIMAL: EFECTO ANTIMICROBIANO IN VITRO SOBRE PATÓGENOS ZONÓTICOS SALMONELLA Y CAMPYLOBACTER

Jose L. Píriz¹, Pablo Pacheco², María Gil-Molino³, María Ugarte⁴, Lucas Domínguez⁴, Alberto Quesada², M. Isabel Igeño², Francisco González⁵.

¹(Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Internacional de Valencia., Valencia, España)

²(Departamento de Bioquímica y Biología Molecular y Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

³(Unidad de Patología Infecciosa, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

³(VISAVET Health Surveillance Centre, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

³(Departamento Producción Animal y Ciencia de los alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

Resumen de la comunicación

El uso de antibióticos como promotores de crecimiento y profilaxis en producción animal ha contribuido a la aparición de cepas bacterianas resistentes a los antibióticos. Por ello es necesario buscar alternativas naturales y sostenibles, como aceites esenciales y enzimas¹. Además de ser compuestos bioactivos con propiedades antibacterianas, diversos aceites esenciales producen efectos beneficiosos para la salud animal, mejorando la digestibilidad de los alimentos, reduciendo la inflamación y mejorando el estado inmunitario. Los aceites esenciales utilizados en este estudio fueron carvacrol, cinamaldehído, timol y eugenol, cuya actividad antimicrobiana se ha comprobado mediante la técnica de microdilución en agar entre pH 6 y 8, evitando así los problemas de insolubilidad inherentes a estas sustancias y simulando el rango de valores de pH del intestino. Por otro lado, también se ha valorado la CMI (concentración mínima inhibitoria) para distintas formulaciones de la combinación GOD (glucosa oxidasa)/glucosa, que en presencia de O₂ genera H₂O₂, una especie tóxica con actividad antimicrobiana, resultando efectivas para inhibir el crecimiento bacteriano tanto en medio líquido como en medio semisólido. En este trabajo se presentarán los resultados obtenidos con los agentes antimicrobianos mencionados, incluyendo la valoración de posibles sinergias² entre ellos, sobre cepas con potencial zoonótico de Salmonella y Campylobacter.

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto PID2020-118405RB-I00 y contrato de formación predoctoral asociado (P.P.); Junta de Extremadura, proyecto IB20181 y ayuda al grupo de investigación CTS059.

Referencias

¹Pei y col (2009) *J Food Sci* 74:M379-83.

²Pillai y col (2005) *Antibiotics In Laboratory Medicine (5th ed.)*, Lorian V (ed.), Philadelphia: Lippincott Williams and Wilkins, pp. 365-441.



#288 ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF (WR)3F, A NOVEL SYNTHETIC CATIONIC PEPTIDE

Maria Alós-Palacios¹, Eric Fernández-De La Cruz¹, Jessica T. Mhlongo², Beatriz G. De La Torre², Isabel Pérez-Guillen¹, Alexandra Merlos¹, Teresa Vinuesa¹, Miguel Viñas¹, Ester Fusté^{1,3}, Paula Espinal¹.

¹(Department of Pathology and Experimental Therapeutics, Faculty of Medicine and Health Sciences, Campus Bellvitge, University of Barcelona, Barcelona, España)

²(College of Health Science, University of KwaZulu-Natal, Westville, Durban, Africa do Sur)

³(Dept. Public Health, Mental Health and Maternal and Child Health Nursing. University of, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Synthetic antimicrobial peptides (SAMPs) are alternative molecules to combat the increasing worldwide antimicrobial resistance [1]. The aim of this work was to study the antimicrobial activity and to explore the mechanisms of action of the cationic peptide (WR)3F. Methodology: Antibacterial activity of (WR)3F was studied by determining the minimum inhibitory concentrations, growth kinetics and time-kill assays. *Escherichia coli* ATCC 25922, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853 and *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 strains were used [2]. Studies on artificial reconstituted black lipid bilayers (BLB technique) and acridine orange accumulation assays were performed to explore the mechanism of action [3]. Morphology alterations of the bacterial surface were visualized by atomic force microscopy (AFM). Cytotoxicity assays were performed in HepG2 hepatocytes. Results: (WR)3F showed antimicrobial activity for *E. coli* and *P. aeruginosa* at a concentration of 32 and 16 µg/mL, respectively, but no activity was observed on *S. aureus*. Time-kill curves of *E. coli* in the presence of (WR)3F revealed a complete bactericidal effect at 32 µg/ml, and a reduction of four logarithms at 16 µg/mL after 24h. In *P. aeruginosa*, a bacteriostatic effect after 4 h at 16 and 8 µg/mL was observed. (WR)3F appeared as non-active in channel formation in lipid bilayers. The single channel conductance experiments did not display electrophysiological events worthy to be mentioned. In the presence of (WR)3F, efflux pumps in *E. coli* and *P. aeruginosa* were slightly inhibited. AFM imaging displayed morphological changes in bacterial surface. (WR)3F was not toxic on hepatocytes. Conclusions: (WR)3F is a good antimicrobial agent against Gram-negative bacteria *E. coli* and *P. aeruginosa*. Preliminary results suggest that efflux pumps and permeability alterations in membrane are not the main targets for (WR)3F.

Financiación

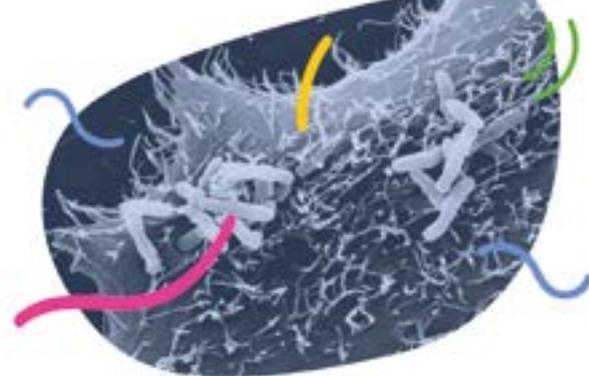
This project has been financed by BARNAPA from Marató TV3 Foundation (to M.V.).

Referencias

1. Sierra, J. M., Fusté, E., Rabanal, F., Vinuesa, T., & Viñas, M. (2017). An overview of antimicrobial peptides and the latest advances in their development. *Expert Opinion on Biological Therapy*, 17(6), 663–676. <https://doi.org/10.1080/14712598.2017.1315402>
2. Rudilla, H., Fusté, E., Cajal, Y., Rabanal, F., Vinuesa, T., & Viñas, M. (2016). Synergistic antipseudomonal effects of synthetic peptide AMP38 and carbapenems. *Molecules*, 21(9), 1223. <https://doi.org/10.3390/molecules21091223>
3. Armengol, E., Domènech, O., Fusté, E., Pérez-Guillén, I., Borrell, J. H., Sierra, J. M., & Viñas, M. (2019). Efficacy of combinations of colistin with other antimicrobials involves membrane fluidity and

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



efflux machinery. Infection and Drug Resistance, Volume 12, 2031–2038.
<https://doi.org/10.2147/idr.s207844>

#291 DETERMINACIÓN, EN ESCHERICHIA COLI RESISTENTE A COLISTINA, DEL EFECTO ANTIMICROBIANO DE COMPUESTOS ALTERNATIVOS A LOS ANTIBIÓTICOS EN NUTRICIÓN PARA GANADO.

Pablo Pacheco Domínguez¹, Francisco González Vega^{2,3}, María Ugarte⁴, Lucas Domínguez⁴, Alberto Quesada Molina¹, M^a Isabel Igeño González¹.

¹(Departamento de Bioquímica y Biología Molecular y Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

²(Departamento Producción Animal y Ciencia de los alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

³(Técnica Ganadera SL, Barcelona, España)

⁴(VISAVET Health Surveillance Centre, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las polimixinas se han utilizado en producción animal como profiláctico de infecciones gastrointestinales, lo que ha motivado la movilización de genes de resistencia en plásmidos (*mcr*). Desde una perspectiva global (One Health) y en colaboración con integrantes del sector industrial dedicado a la elaboración de suplementos alimenticios para el ganado, se ha estudiado el efecto antimicrobiano in vitro de aceites esenciales y mezclas, con el objetivo de reemplazar los antibióticos en este entorno de forma efectiva y segura. De esta forma, reduciendo su presión selectiva y comprendiendo la evolución de la resistencia, se podrán implementar las medidas de prevención y las terapias antimicrobianas más adecuadas. Este trabajo ha supuesto una innovación tecnológica de los ensayos de aceites esenciales para conocer su efecto antimicrobiano, mediante el desarrollo de un método de crecimiento en medio semi-sólido suplementado con aceites esenciales, con el objetivo de explorar el efecto antimicrobiano de estas sustancias sobre cepas de *E. coli* con diferentes determinantes que confieren resistencia a la colistina (genes *mcr1*) movilizados en un mismo fondo genético derivado de la cepa K12 (J53). Se ha resuelto la concentración mínima inhibitoria (CMI) de los cuatro aceites esenciales más habitualmente utilizados en producción animal (cinamaldehído, carvacrol, timol y eugenol)², observándose un orden creciente de actividad para eugenol, timol, cinamaldehído y carvacrol, así como una influencia positiva de la reducción de pH. Por otra parte, no se ha observado evidencia de que la expresión de los determinantes de resistencia empleados (genes *mcr*) interfiera en los efectos antimicrobianos de los aceites esenciales, cuyas posibles interacciones también se han analizado (checkboxboard test) de acuerdo con su concentración inhibitoria fraccional (índice FIC₃).

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto PID2020-118405RB-I00 y contrato de formación predoctoral asociado (Pablo Pacheco); Junta de Extremadura, proyecto IB20181 y ayuda al grupo de investigación CTS059.



Referencias

1 Zhang y col (2019) *Trends Biochem Sci* 44:973-988.

2 Pei y col (2009) *J Food Sci* 74:M379-83.

3 Pillai y col (2005) *Antibiotics In Laboratory Medicine (5th ed.)*, Lorian V (ed.), Philadelphia: Lippincott Williams and Wilkins, pp. 365-441.

#292 INTERACCIONES POSITIVAS ENTRE PLÁSMIDOS DE RESISTENCIA: OTRO ARMA PARA LAS SUPERBACTERIAS.

Paula Ramiro Martínez¹, Laura Jaraba Soto¹, Carlos Sánchez^{2,3}, Guillermo Martín Gutiérrez^{4,5}, Jerónimo Rodríguez Beltrán^{1,6}.

¹ (Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRyCIS), Madrid, España)

² (Computational Medicine Platform, Andalusian Public Foundation Progress and Health-FPS, 41013, Sevilla, España)

³ (Institute of Biomedicine of Seville, IBiS, University Hospital Virgen del Rocío/CSIC/University of Seville, 41013, Sevilla, España)

⁴ (Clinical Unit of Infectious Diseases, Microbiology and Parasitology, University Hospital Virgen del Rocío, Sevilla, España)

⁵ (Department of Health Sciences, Loyola Andalucía University, Sevilla, España)

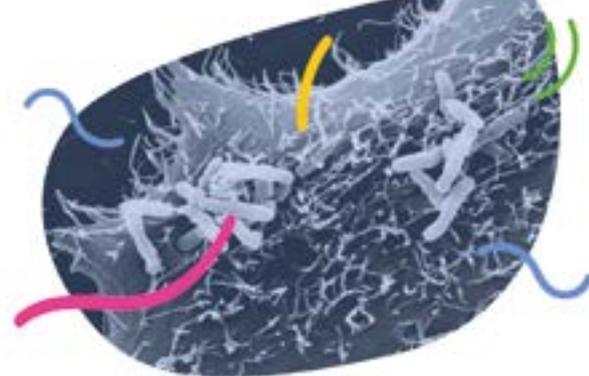
⁶ (Centro de Investigación Biológica en Red de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los plásmidos —moléculas de ADN que se replican de forma autónoma al cromosoma— destacan como impulsores clave de la evolución procariota, ya que se propagan rápidamente y son uno de los mayores transmisores de resistencia a antibióticos. Aún a pesar de las ventajas adaptativas que pueden proporcionar, en ausencia de selección también suponen una reducción del crecimiento para las células (coste biológico). La teoría evolutiva predice que portar varios plásmidos supondría un coste demasiado grande para las bacterias. Pero, ¿y si esto no fuera cierto? En la naturaleza es bastante común encontrar coexistencia de plásmidos dentro de una misma célula, por lo que probablemente existen interacciones entre plásmidos que aumentan los beneficios asociados o disminuyen el coste. Este fenómeno se conoce como epistasis, y ha sido muy estudiada en los últimos años entre mutaciones cromosómicas y plásmidos conjugativos que confieren resistencia a los antibióticos. Sin embargo, hay relativamente pocos estudios que hayan investigado este fenómeno entre plásmidos y no hay apenas evidencias in vivo. En el presente trabajo se aislaron y caracterizaron 17 cepas de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* causantes de infecciones recurrentes en un mismo paciente y se analizó la dinámica de los plásmidos que portaban. En ellos se observa, no solo la transferencia horizontal de genes que se da en un ambiente natural, sino que también se ve epistasis in vivo entre dos plásmidos naturales portadores de dos de los genes de resistencia más importantes en ambiente hospitalario: blaOXA-48 y CTX-M-15. Esto evidencia la existencia de interacciones genéticas complejas que influyen en la supervivencia y evolución de las bacterias portadoras de plásmidos. Estos hallazgos proporcionan una comprensión más profunda de la dinámica de los plásmidos en las infecciones bacterianas, al tiempo que arrojan luz sobre los mecanismos evolutivos que facilitan la aparición de superbacterias.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#309 IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS MOLECULAR DE ESCHERICHIA COLI CON DETERMINANTES MOVILIZABLES DE RESISTENCIA A LA COLISTINA EN JABALÍ Y LINCE IBÉRICO

Alejandro Gallardo¹, Pablo Pacheco¹, María María Gil-Molino², Laura Becerro², Joaquín Rey², Pedro Fernández-Llario³, Jorge Peña⁴, M. Isabel Igeño¹, Alberto Quesada¹.

¹(Departamento de Bioquímica y Biología Molecular y Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

²(Unidad de Patología Infecciosa, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

³(Innovación en Gestión y Conservación de Ingulados SL (INGULADOS), Cáceres, España)

⁴(Innovación en DGMA, Junta de Extremadura Consejería de Medio Ambiente y Rural, Políticas Agrarias y Territorio, Mérida, España)

Resumen de la comunicación

La utilidad de la colistina como antibiótico de último recurso frente a microorganismos gram- está severamente comprometida por la dispersión de determinantes de resistencia mcr ("movilizable colistin resistance"), destacando el papel de E. coli como vehículo para su transferencia horizontal y/o vertical¹. Después de analizar el potencial de dispersión de estos determinantes en la microbiota de humanos y animales de uso ganadero², ahora nos enfocamos en entornos centinela de la fauna silvestre, concretamente en el jabalí (*Sus scrofa*) y el lince ibérico (*Lynx pardinus*), por su posible papel como reservorio de genes de resistencia frente a los antibióticos.

En muestras de jabalí abatidos en monterías del centro, oeste y sur de España a lo largo de la campaña 2021/2022, hemos detectado una única cepa de E. coli resistente a la colistina y portadora del gen mcr-1, que denominamos Ec134. El análisis fenotípico, bioquímico y genómico de la cepa Ec134 ha revelado que esta bacteria pertenece al perfil MLST69, presenta dos únicos replicones de las familias IncX4 y Col156, y no se detecta ningún otro determinante de resistencia relevante. El gen mcr-1 de esta cepa ha sido localizado en el plásmido IncX4, de 33 Kb, y conjuga con la receptora universal J53 de manera muy eficiente ($>10^{-2}$).

En muestras de lince ibérico (unos 200) obtenidas durante su seguimiento, identificamos una única cepa de E. coli, denominada H1b, que presenta resistencia moderada a la colistina siendo negativa a todos los determinantes conocidos hasta el momento, incluyendo la serie de genes mcr-1 hasta mcr-8 y mutaciones en el sistema regulador pmrAB2. Esta cepa pertenece al MLST394 y no transfiere la resistencia a la colistina por conjugación, no presenta genes de resistencia conocidos frente a los antibióticos relevantes, aunque dispone de varios replicones potenciales cuyas estructuras están siendo analizadas mediante PFGE y NGS.

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto PID2020-118405RB-I00 y contrato de formación predoctoral asociado (P.P.); Junta de Extremadura, proyecto IB20181 y ayuda al grupo de investigación CTS059

Referencias

1 Zhang y col (2019) *Trends Biochem Sci* 44:973-988.

2 Gallardo y col (2021) *Antimicrob Ag Chemother* 65:e00091-21



#312 ESTUDIO DE LA MICROBIOTA NASOFARÍNGEA ASOCIADA A SALUD Y A ENFERMEDAD EN PROCESOS RESPIRATORIOS VINCULADOS A INFECCIÓN POR STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE

Ana Adrados Planell¹, María Cisneros Pérez^{2,3}, Claudia Pascual Tomàs¹, Desirée Henares^{2,3}, María D Ferrer¹, Carmen Muñoz Almagro^{2,3,4}, Álex Mira¹.

¹(Laboratorio de Microbioma Oral, Departamento de Genómica y Salud, Fundación FISABIO, Valencia, España)

²(Grupo de Enfermedades Infecciosas y Microbioma, Institut de Recerca Pediàtrica Sant Joan de Déu, Hospital Sant Joan de Deu, Barcelona, España)

³(Centro de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Instituto de Salud Carlos III., Madrid, España)

⁴(Departamento de medicina, Universitat Internacional de Catalunya, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

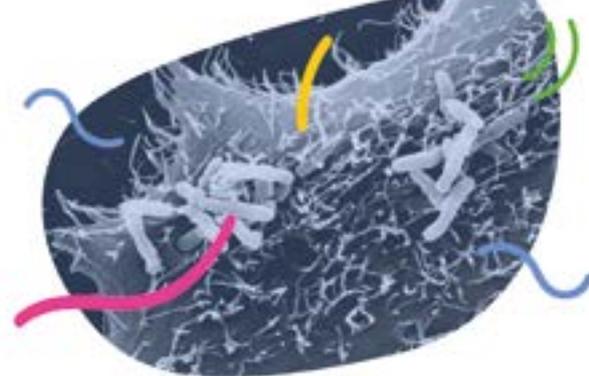
Las infecciones del tracto respiratorio inferior (ITRI) son una de las principales causas de mortalidad infantil en menores de 5 años, especialmente cuando se presenta como enfermedad neumocócica invasiva (ENI). La microbiota asociada a la cavidad oral y nasofaringe puede jugar un papel importante en el curso de la infección, con efecto protector o bien agravando la enfermedad¹. En trabajos previos, se ha observado un aumento de la diversidad bacteriana en muestras respiratorias con ENI en comparación con individuos sanos, con una sobre-representación de géneros bacterianos asociados a la cavidad oral, especialmente en niños que habían tomado antibióticos². Ese aumento de diversidad también se observa en la enfermedad periodontal, caracterizada por disbiosis e inflamación crónica vinculada a una desregulación inmunitaria. En el contexto de disbiosis en el nicho nasofaríngeo, los patógenos orales podrían tener la capacidad de colonizar y favorecer el desarrollo o agravamiento de la enfermedad. Por el contrario, una microbiota sana puede proveer resistencia local a la colonización. En ese marco, investigaciones recientes han asociado la bacteria *Dolosigranulum pigrum* a salud en el contexto de la ENI y de ITRI causadas por rinovirus y enterovirus³. Los objetivos de este trabajo son el aislamiento e identificación de bacterias orales patógenas en pacientes pediátricos con ENI, y el aislamiento de *D. pigrum* en individuos sanos y el estudio de su posible efecto antagonista frente a bacterias asociadas a ITRI. Para ello, se han cultivado muestras nasofaríngeas de pacientes con ENI en medios con distinta selectividad bajo condiciones anaerobias y se ha procedido a la identificación mediante secuenciación del gen 16S, confirmando la presencia de bacterias orales viables en el tracto respiratorio. A su vez, se han obtenido aislados de *D. pigrum* y se ha demostrado su capacidad de inhibición frente a *S. pneumoniae* en modelos in vitro de co-cultivo.

Referencias

1. Steenhuijsen P. et al. (2015). *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 370(1675):20140294.
2. Camelo-Castillo A. et al. (2019). *Front Microbiol.* 28; 10:11.
3. Penela-Sánchez, D. et al. (2023). *Pediatr Pulmonol.* 1- 10.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#314 RESISTENCIA FRENTE A LOS ANTIBIÓTICOS EN AISLADOS DE ESCHERICHIA COLI PROCEDENTES DE PERROS CON INFECCIÓN DEL TRACTO URINARIO

Laura Becerro¹, Ángel Leo¹, Sofía G. Zurita¹, Juan M. Alonso¹, Alberto Quesada Quesada², María Gil-Molino¹.

¹(Unidad de Patología Infecciosa, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

²(Departamento de Bioquímica, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Cáceres, España)

Resumen de la comunicación

La preocupación actual en la salud pública por las resistencias antimicrobianas (RAM) motiva su rastreo entre los principales patógenos, incluyendo agentes zoonóticos de las mascotas¹. La infección del tracto urinario (ITU) en la especie canina es considerada la patología con mayor prescripción antibiótica en la práctica clínica, por lo que este trabajo se ha centrado en el estudio de la RAM en *E. coli* de orina de perros (n=50) con esta patología, incluyendo la definición de su resistoma. El 92% de aislados fueron resistentes fenotípicamente al menos a un antimicrobiano y el 43% mostró multiresistencia (>4). Los antimicrobianos que mostraron un mayor índice de sensibilidad fueron imipenem y colistina (100%), antibióticos de último recurso en entornos hospitalarios. Por el contrario, las resistencias más frecuentes se expresaron frente a cefalexina (76%), ampicilina (54%) y amoxicilina-clavulánico (52%). El resto de cefalosporinas presentaron porcentajes de sensibilidad elevados (> 65%), con un total de 6 (12%) cepas productoras de BLEE. El siguiente grupo antibiótico con mayor número de resistencia son las tetraciclinas (doxiciclina, 26%). El resto de antimicrobianos testados presentaron niveles de resistencia inferiores al 20%. En lo relativo a los genes de resistencia analizados, se observó que el gen blaTEM fue el más prevalente (32%), seguido de sul1 (12%), tetA (10%) y tetB (6%). El resto de determinante génicos aparecieron en una única cepa o estuvieron ausentes. Por otro lado, las resistencias frente a las fluoroquinolonas se asociaron a la doble mutación (S83L/D87N) en gyrA. Respecto a los factores de movilización analizados, int1 fue detectado en 9 cepas, aunque solo 4 contenían casetes con genes de resistencia. Estos resultados ponen de manifiesto la prevalencia de la RAM en mascotas, el riesgo de transmisión a sus dueños y la importancia de analizarla para controlar la dispersión de genes de resistencia a los antibióticos.

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto PID2020-118405RB-I00; Junta de Extremadura, proyecto IB20181 y ayuda al grupo de investigación CTS059.

Referencias

¹Bourély y col (2020) *J Antimicrob Chemother* 75: 1525–1529



#315 LACTOBACILLUS COOPERA CON CLOSTRIDIALES PARA RESTRINGIR LA COLONIZACIÓN INTESTINAL POR ENTEROBACTERIAS MULTIRRESISTENTES.

Ana Djukovic ¹, María José Garzón ¹, Cecile Canlet ², Vitor Cabral ³, Rym Lalaoui ⁴, Marc García-Garcerá ⁵, Julia Rechenberger ⁶, Marie Tremblay-Franco ⁷, Iván Peñaranda ¹, Carles Ubeda ¹.

¹ (Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana, Valencia, España)

² (University of Toulouse, Toulouse, Francia)

³ (Instituto Gulbenkian de Ciência, Oeiras, Portugal)

⁴ (Marseille University, Marseille, Francia)

⁵ (University of Lausanne, Lausanne, Suiza)

⁶ (University of Munich, Munich, Alemania)

⁷ (Toulouse University, Toulouse, Francia)

Resumen de la comunicación

Las Enterobacterias multiresistentes (EMR) son una seria amenaza para la salud de los pacientes. Infecciones producidas por EMR con frecuencia comienzan por una colonización del intestino. E condiciones de homeostasis esta colonización es inhibida por la microbiota intestinal. Sin embargo, el tratamiento con antibióticos daña la microbiota permitiendo la colonización por EMR a niveles extremadamente altos, lo que le permite diseminarse al torrente sanguíneo y causar una infección potencialmente mortal en el paciente. A pesar de la importancia de este problema, las bacterias comensales concretas y los mecanismos que restringen la colonización por EMR siguen siendo en gran parte desconocidos. En este trabajo (1), realizamos un estudio prospectivo multiómico de pacientes hospitalizados que, combinado con distintos modelos experimentales con ratones, nos ha permitido demostrar que *Lactobacillus* es clave, aunque no suficiente, para restringir la colonización intestinal por EMR. *Lactobacillus rhamnosus* y *murinus* promueven la expansión de bacterias Clostridiales, lo que induce un entorno hostil para el crecimiento de EMR a través del aumento de los niveles de butirato y la reducción de fuentes de nutrientes. Este mecanismo de resistencia a la colonización, que implica una cooperación entre dos miembros fundamentales de la microbiota, está conservado en ratones y pacientes. Nuestros resultados resaltan la importancia de explotar las interacciones del microbioma para desarrollar probióticos eficaces que prevengan las infecciones en pacientes hospitalizados.

Financiación

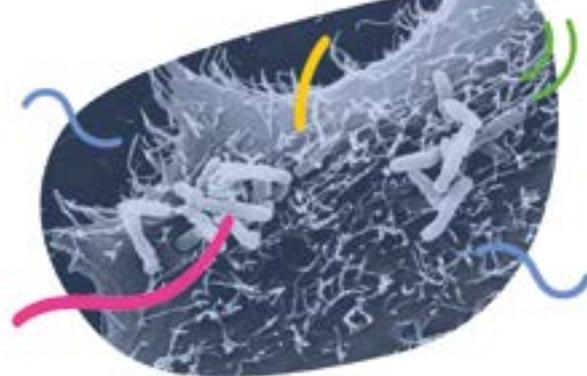
InfectERA-ERANET-Acciones complementarias [PCIN-2015-094] del Ministerio de Economía y Competitividad (España) y el 7th Research framework program de EU. Conselleria d'Innovació, Universitats, Ciència i Societat Digital [AICO/2019/266, CIPROM/2021/053] y el Ministerio de Ciencia e Innovación [PID2020-120292RB-I00].

Referencias

1. A. Djukovic, G. M. José, C. Canlet, V. Cabral, R. Lalaoui, M. García-Garcerá, J. Rechenberger, T.-F. Marie, I. Peñaranda, L. Puchades-Carrasco, A. Pineda-Lucena, E. M. González-Barberá, M. Salavert, J. L. López-hontangas, M. Á. Sanz, J. Sanz, B. Kuster, J. Rolain, L. Debrauwer, K. B. Xavier, J. B. Xavier, C. Ubeda, *Lactobacillus* supports Clostridiales to restrict gut colonization by multidrugresistant Enterobacteriaceae. *Nature Communications*, 5617 (Sept, 2022).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#317 FACTORES EPIGENÉTICOS IMPLICADOS EN LA RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS EN EL GONOCOCO

Paz Guillén-Martín ¹, Iñaki Comas ^{2,3}, Leonor Sánchez-Busó ^{1,3}.

¹ (Área de Genómica y Salud, Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunidad Valenciana (FISABIO-Salud Pública), Valencia, España)

² (Unidad de Genómica de la Tuberculosis, Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV-CSIC), Valencia, España)

³ (CIBER de Epidemiología y Salud Pública, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La gonorrea es la infección de transmisión sexual (ITS) causada por *Neisseria gonorrhoeae*. Se trata de una de las ITS más común en todo el mundo, habiendo causado 82,4 millones de casos en 2020 y su tratamiento se está volviendo cada vez más difícil a causa de las resistencias a antimicrobianos (RA). La secuenciación de ADN y ARN ha resultado ser una poderosa herramienta para profundizar en la biología y patogenicidad de patógenos humanos como *N. gonorrhoeae*, permitiendo estudiar, entre otros, los determinantes genéticos que causan la RA. Sin embargo, existe evidencia científica de que modificaciones sobre el material genético (epigenéticas) también podrían estar implicadas. La importancia de la epigenética en el desarrollo de RA en *N. gonorrhoeae* es todavía un aspecto que está por estudiar a pesar de que sí que se conoce la estructura y composición de sus 13-15 sistemas de restricción-modificación, altamente conservados entre sublinajes, así como su relevancia en la generación de diversidad genética y aumento de la supervivencia del gonococo. Además, en otras *Neisseria*, metiltransferasas de ADN como ModA11 o ModA12 se han relacionado con una mayor susceptibilidad a ciprofloxacino y otros antibióticos. Este trabajo incluye un estudio de evolución experimental de 5 cepas de gonococo de referencia de la OMS en presencia de tres antibióticos (azitromicina, ceftriaxona y ciprofloxacino), utilizando dos estrategias de inoculación del antimicrobiano: independiente y secuencial. Mediante una combinación de tecnologías de secuenciación de alto rendimiento de ADN y ARN, el objetivo es identificar nuevas dianas terapéuticas para tratar la gonorrea, actualizar las bases de datos y, en definitiva, comprender mejor la resistencia a los antimicrobianos.

Financiación

SEJIGENT CISEJI/2022/66.



#339 SISTEMA EXPORTADOR DE Zn^{2+} ZNTA-ZNTR: PAPEL EN LA HOMEOSTASIS DE METALES Y EN LA VIRULENCIA DE BRUCELLA OVIS

Beatriz Tartilán Choya, Carmen Tejedor, Nieves Vizcaíno.¹

¹ (Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Brucella ovis es un patógeno intracelular facultativo que produce principalmente infertilidad en carneros y es responsable de importantes pérdidas económicas en el sector ganadero. Actualmente no existe una vacuna específica frente a *B. ovis*, por lo que descifrar sus mecanismos de virulencia e identificar cepas atenuadas presenta gran interés. La homeostasis de Zn adquiere especial relevancia en patógenos intracelulares ya que el hospedador puede emplear mecanismos tanto para restringir su disponibilidad como para intoxicar la bacteria. En este trabajo se han construido y caracterizado, en la cepa virulenta *B. ovis* PA, mutantes para los genes *zntA* y *zntR*, que codifican una ATPasa de tipo P exportadora de Zn^{2+} en diversas bacterias y un regulador transcripcional de *zntA* sensible a la concentración intracelular de Zn. En presencia de $ZnCl_2$ 5mM el mutante $\Delta zntR$ mostró defectos de crecimiento mientras que el mutante $\Delta zntA$ fue incapaz de crecer, restableciéndose el fenotipo parental tras la complementación con el gen *zntA* silvestre. Con $CdCl_2$ 0,2mM los mutantes presentaron defectos de crecimiento similares a los descritos con $ZnCl_2$, aunque el efecto en el mutante $\Delta zntA$ fue más acusado ya que la cepa parental toleró una concentración de $CdCl_2$ 2000 veces superior, mientras que el caso del $ZnCl_2$ fue 100 veces superior. También se ha observado la implicación de ZntA en la detoxificación de Co^{2+} y en menor grado de Cu^{2+} y Ni^{2+} . A pesar de la relevancia del sistema ZntA-ZntR para el control de la toxicidad por metales en *B. ovis* PA, ninguno de los dos mutantes presentó atenuación de la virulencia ni en macrófagos ni en modelo murino. Aunque la intoxicación por metales no parece encontrarse entre los mecanismos relevantes empleados por el hospedador para el control de la infección por *B. ovis*, no puede descartarse una situación diferente en el hospedador natural.

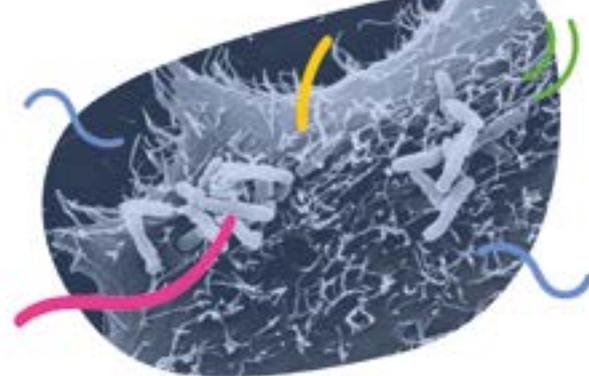
Financiación

Este trabajo es parte del Proyecto PID2019-107601RBC33 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (Agencia Estatal de Investigación, Ministerio de Ciencia e Innovación, España).

Beatriz Tartilán-Choya también es beneficiaria del Programa Investigo del Servicio Público de Empleo Estatal (convocatoria de la Universidad de Salamanca) financiado por la Unión Europea-NextGenerationEU en el marco del plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#347 DETECCIÓN Y SEROPREVALENCIA DE LEPTOSPIRA SPP. EN COLONIAS FELINAS DE LA COMUNIDAD DE MADRID

Adriana Ripa López- Barrantes¹, Tania Ayllón Santiago², Marga Goris ³, Ahmed Ahmed A ³, Marta Mateo Barrientos⁴.

¹(Facultad de Veterinaria. Universidad Alfonso X el Sabio, Madrid, España)

²(Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

³(Department of Medical Microbiology, OIE and National Collaborating Centre for Reference and Research on Leptospirosis., Amsterdam, Países Bajos)

⁴(Departamento de Microbiología y Parasitología. Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La leptospirosis es una enfermedad zoonótica de distribución mundial, causada por bacterias spiroquetas del género *Leptospira* spp., que afecta mayoritariamente a animales salvajes, perros y ganado, pero puede afectar a otros mamíferos. Cursa con una gran variedad de signos clínicos, pero también de forma asintomática, transformando a esos animales en portadores capaces de transmitir la bacteria a través de la orina. Los gatos de colonias felinas son animales que pueden tener riesgo elevado de entrar en contacto con esta bacteria, por la depredación de roedores o por contacto con aguas estancadas contaminadas (1). El objetivo del estudio fue determinar la seroprevalencia frente a *Leptospira*, y la presencia de ADN en sangre y/o orina de gatos de colonias felinas sometidos al método CER (Captura, Esterilización y Retorno) de la Comunidad de Madrid. Se realizó la prueba de ELISA para la detección de anticuerpos frente a *Leptospira* spp., la microaglutinación (MAT) de los seropositivos para la determinación de las serovares implicados (2), y la detección de ADN de leptospirosis patógenas mediante qPCR TaqMan en sangre y orina (3). Se detectaron anticuerpos en 22/168 (13%) gatos mediante la prueba de ELISA, y en esos 22 gatos mediante la prueba MAT se detectaron 13 cepas pertenecientes a los siguientes serovares: Bratislava, Ballum, Grippotyphosa type Duyster, Proechymis, Bataviae, Mini, Canicola, Icterohaemorrhagiae, Celledoni, Shermani, Tarassovi, Patoc, Andamana. Se detectó ADN de *Leptospira* patógenas en el 4,1% (7/168) de las sangres y en el 0,7% (1/136) de las orinas. En este estudio se pudo detectar al menos 13 serovares diferentes y eliminación de *Leptospira* patógena en una orina felina, por ello se deberían establecer más estudios epidemiológicos en los gatos de colonia para determinar su posible papel en la propagación de esta zoonosis.

Referencias

1. Murillo, A., Goris, M., Ahmed, A., Cuenca, R., & Pastor, J. (2020). *Leptospirosis in cats: Current literature review to guide diagnosis and management. Journal of feline medicine and surgery*, 22(3), 216-228.
2. Murillo, A., Cuenca, R., Serrano, E., Marga, G., Ahmed, A., Cervantes, S., ... & Pastor, J. (2020). *Leptospira detection in cats in Spain by serology and molecular techniques. International journal of environmental research and public health*, 17(5), 1600.
3. Ahmed, A. A., Goris, M. G., & Meijer, M. C. (2020). *Development of lipL32 real-time PCR combined with an internal and extraction control for pathogenic Leptospira detection. Plos one*, 15(11), e0241584.



#355 CARACTERIZACIÓN DE CEPAS DE CANDIDA PARAPSILOSIS RESISTENTE A AZOLES CAUSANTE DE BROTES EN HOSPITALES DE ESPAÑA DURANTE LA PANDEMIA COVID-19

Alba Torres Cano, Nuria Trevijano Contador, Laura Alcázar Fuoli, Diego Megías Vázquez, Óscar Zaragoza Hernández.¹

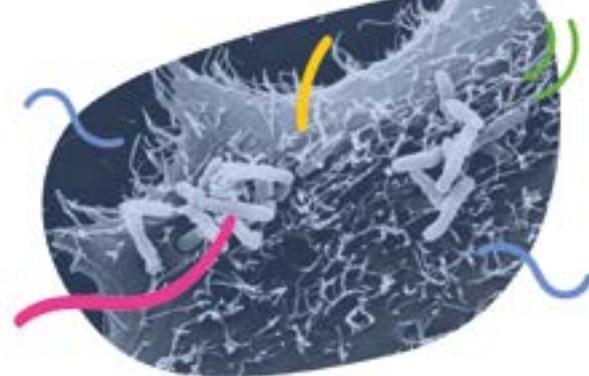
¹(Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, España)

Resumen de la comunicación

Candida parapsilosis es una levadura patógena oportunista causante de candidemia, por detrás de *C. albicans* y *C. glabrata*. Se caracteriza por estar asociada a instrumentación médica, ya que forma biopelículas en superficies bióticas y abióticas. Esto sumado a su capacidad de transmisión horizontal desde el ambiente facilita la producción de brotes nosocomiales en hospitales. En el Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología (LRIM) del Centro Nacional de Microbiología (CNM) desde el 2020, coincidiendo con la pandemia COVID-19, se recibieron una gran cantidad de cepas de *C. parapsilosis* resistente a fluconazol y voriconazol, procedentes de distintos hospitales de España. Tras haber observado una dispersión clonal de la resistencia en un estudio genético previo, realizamos una caracterización fenotípica para evaluar si existía una ventaja selectiva más allá de la resistencia. Los experimentos consistieron en microscopía en tiempo real para observar el desarrollo morfológico, ensayo de XTT para cuantificar la biopelícula, invasión en el agar y microfluídica para ver la producción de la biopelícula de manera dinámica. Aunque los resultados en las cepas sensibles fueron variables, la mayoría de ellas filamentaban, formaban biopelículas (tanto estática como dinámicamente), e invadían el agar. En cuanto a las cepas resistentes, los resultados fueron opuestos y casi la totalidad de las cepas no sufría ningún cambio morfológico; no invadían el agar; y apenas formaban biopelícula de manera estática. Curiosamente, en condiciones dinámicas, las levaduras resistentes fueron capaces de adherirse, pero la biopelícula producida era inestable y al cabo del tiempo dejaba de estar adherida a la superficie. Por tanto, concluimos que la resistencia a azoles en las cepas analizadas está asociada a un defecto de filamentación y a la formación de biopelículas inestables. Creemos que estos hallazgos pueden explicar por qué estas cepas tienen mayor facilidad de dispersión y diseminación en el ambiente hospitalario.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#356 ESTUDIO DE LA RATA TOPERA (ARVICOLA SCHERMAN) COMO RESERVORIO DE PATÓGENOS ZONÓNICOS EN EL NOROESTE PENINSULAR &NBSP;

Ana Del Cerro Arrieta¹, Alberto Espí Felgueroso¹, Tania García Limón¹, Ricardo López Alonso^{1,2}, Aitor Somoano García¹.

¹ (Área de Sanidad Animal, Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Gijón, España)

² (Departamento de Biología de Organismos y Sistemas, Área de Zoología, Universidad de Oviedo, Oviedo, España)

Resumen de la comunicación

Los roedores son potenciales reservorios de muchos patógenos humanos y animales, siendo importante conocer los que circulan de manera natural entre sus poblaciones. La rata topera (*Arvicola scherman*), es una especie de roedor que puede alcanzar elevadas densidades poblacionales en los agroecosistemas y que mantiene destacables intensidades de parasitación por ácaros y otros artrópodos hematófagos. Sin embargo, se conoce muy poco sobre el papel que juega en el mantenimiento y transmisión de los patógenos zoonóticos *Borrelia burgdorferi* s.l. y *Bartonella* spp. El objetivo de este trabajo fue determinar la importancia de la rata topera como potencial reservorio de estos dos patógenos en poblaciones del noroeste peninsular. Para ello, se necropsiaron 144 ejemplares de *A. scherman* capturados durante 2021-2022 en Asturias (n = 57) y Galicia (n = 87), y también se recogieron sus ectoparásitos. Se analizó la presencia de *Borrelia* (gen *flaB*) y *Bartonella* (región ITS) mediante PCR en muestras de oreja y bazo respectivamente. Las muestras positivas fueron secuenciadas y las secuencias obtenidas fueron utilizadas en el análisis filogenético. Se detectaron *B. burgdorferi* s.l. en el 4.86% (7/144) de las muestras y *Bartonella* spp. en el 13.88 % (20/144). No se detectaron infecciones mixtas. El análisis de las secuencias permitió la identificación de tres especies asociadas con casos clínicos humanos: *Borrelia afzelii*, *Borrelia lusitaniae* y *Bartonella doshiae*, y la especie vinculada a roedores *Bartonella taylorii*. Las mayores prevalencias de parasitación en estos roedores fueron por parte de *Laelápidos* (31/144, 21.52%) y pulgas (21/144, 14.6%). Ambos ectoparásitos estaban presentes en todos los individuos infectados con *Borrelia*, sin embargo, solamente se recogieron en el 40% de los ejemplares infectados con *Bartonella* spp. Estos resultados muestran la asociación de la rata topera con estos patógenos zoonóticos, no obstante sería necesario profundizar el papel de estos ectoparásitos en su transmisión.

Financiación

Contrato PTA 2020, Plan Estatal de Investigación Científica y Técnica y de Innovación 2017-2020 (Agencia Estatal de Investigación) Dirección General de Medio Natural y Planificación Rural del Principado de Asturias Consellería do Medio Rural de la Xunta de Galicia GRUPIN NYSA (IDI/2021/000102), Programa de Inversión 2021-000757



#366 MODELING CELLULAR LIFECYCLE OF +RNA VIRUSES SUGGESTS STRATEGIES FOR INHIBITING PRODUCTIVE CELLULAR INFECTION

Harsh Chhajer , Vaseef Rizvi , Rahul Roy.¹

¹(Indian Institute of Science, Bangalore, India)

Resumen de la comunicación

Positive-strand RNA (+RNA) viruses are responsible for many emerging and re-emerging infectious diseases, including but not limited to the current SARS-COVID19, Zika, Hepatitis C and Poliomyelitis. Despite differences in the strategies they employ, life cycle processes of +RNA viruses inside the host cell are broadly conserved. A quantitative and unified analysis of +RNA viruses can, thus, highlight bottlenecks common to +RNA viruses. We develop a generalized dynamical model to monitor cellular levels of viral molecules. We computationally explore the parameter space and estimate lifecycle determinants for several +RNA viruses. For a particular virus, the model identifies the effects of viral mutations, drugs and differences in host cell permissivity, on viral lifecycle dynamics. Stochastic simulations of the model demonstrate infection extinction if all seeding (inoculating) viral RNA degrade before establishing a robust replication machinery. We evaluate how the probability of establishment of productive infection, or 'cellular infectivity', is affected by virus–host processes and viral seeding. For example, an increase in cytoplasmic RNA degradation and delay in intracellular rearrangements (which facilitate viral replication) reduces cellular infectivity, more so when combined. Synergy among these parameters in limiting +RNA virus infection as predicted by our model suggests new avenues for inhibiting infections by targeting the early lifecycle bottlenecks.

Financiación

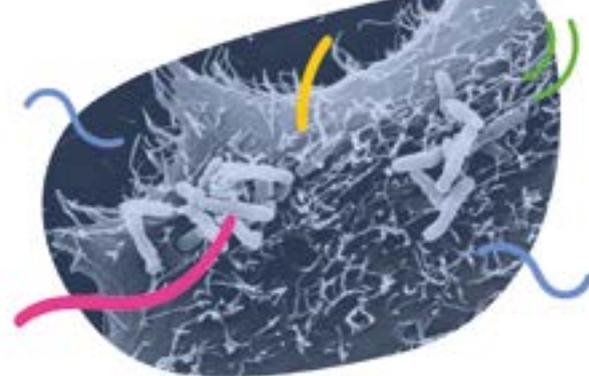
This work was supported by the Indian Institute of Science Bangalore (R.R.), Wellcome Trust—DBT India Alliance intermediate fellowship (R.R.), Council of Scientific and Industrial Research fellowship (V.R.) and the Prime Minister Research Fellowship (H.C.).

Referencias

Chhajer, H., Rizvi, V.A. and Roy, R., 2021. Life cycle process dependencies of positive-sense RNA viruses suggest strategies for inhibiting productive cellular infection. *Journal of the Royal Society Interface*, 18(184), p.20210401.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#371 L-CAPTOPRIL COMO INHIBIDOR DE METALO-BETA-LACTAMASAS: ESTRATEGIA DE RESTAURACION DE LA ACTIVIDAD DE CARBAPENEMICOS Y DE REPOSICIONAMIENTO DE FARMACOS

M^º José Valderrama Conde¹, Yuri Puglla Suqui², Esther Culebras López³, Icíar Rodríguez-Avial Infante³

¹(Dp. Genética, Fisiología y Microbiología. F. CC Biológicas. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

²(Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

³(Servicio de Microbiología. Hospital Clínico San Carlos, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

La prevalencia de las infecciones causadas por bacterias Gram negativas resistentes a antibióticos β -lactámicos ha crecido a un ritmo alarmante en los últimos años. Una de las estrategias de abordaje del problema consiste en la utilización de moléculas capaces de inhibir las enzimas hidrolíticas y de hecho en la actualidad se dispone ya de diversos inhibidores de las enzimas tipo serín- β -lactamasas. Sin embargo, aún no se cuenta con ninguno con actividad sobre las metalo- β -lactamasas, capaces de inhibir prácticamente a toda la familia, incluidos los carbapenémicos. Entre los compuestos en investigación, el captopril ha sido descrito como un potencial inhibidor, en particular el esteroisómero D-. En este trabajo se seleccionó el isómero L-captopril por tratarse de un fármaco en uso clínico como antihipertensivo, de modo que la posibilidad de emplearlo con otra utilidad farmacológica supondría una contribución al reposicionamiento de fármacos, impulsado en la actualidad por la Agencia Española del Medicamento y Productos Sanitarios. Se evaluó la actividad in vitro de L-captopril en combinación con los carbapenémicos imipenem, ertapenem y meropenem frente a 40 cepas de enterobacterias productoras de metalo- β -lactamasas tipo VIM, una de las enzimas de mayor distribución a nivel mundial. Se observó que el L-captopril tiene efecto inhibitorio a una concentración de 400 $\mu\text{g}/\text{mL}$ frente a todas las cepas ensayadas de *Citrobacter freundii*, *Escherichia coli*, *Enterobacter bugandensis*, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter kobei*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca* y *Serratia marcescens*. Estos resultados son prometedores e indican que la combinación de L-captopril con los carbapenémicos podría ser una nueva opción terapéutica en pacientes con infección por microorganismos productores de metalo- β -lactamasas.



#380 ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE EXTRACTOS NATURALES FRENTE A STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE A METICILINA DE PUNTA DE CATETER

Alba Tribaldo ¹, Mario Romero ², Cristina Moraleja ³, Luna Ballesteros ², María Beltrán ³, Rosa Del Campo ^{2,4}, José Avendaño-Ortiz ^{3,5}.

¹ (Universidad de Alcalá de Henares, Alcalá De Henares, España)

² (Servicio de Microbiología, Madrid, España)

³ (Hospital Ramón y Cajal, Madrid, España)

⁴ (CIBER de Enfermedades Respiratorias, Madrid, España)

⁵ (Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Introducción: Los catéteres intravasculares (CI) son dispositivos que requieren recambios frecuentes para evitar la colonización bacteriana, ya que son una puerta de entrada directa de microorganismos a sangre. Además de las molestias al paciente, los recambios de CI tienen un impacto sanitario y económico. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto inhibitorio y bactericida de extractos naturales que podrían usarse como recubrimiento de los CI para inhibir la colonización.

Métodos: Se utilizaron 37 cepas de Staphylococcus aureus resistentes a meticilina (SARM) aislados de CI mediante la técnica Maki, de los que se conocía su susceptibilidad frente a antibióticos de uso clínico. Como extractos naturales se utilizaron: 1)- Sanidermix® (composición protegida por patente), 2)- extracto de Allium sativum enriquecido en tiosulfatos (EAST, alicina: 7 mg/g de extracto), y 3)- extracto de Vitis vinifera enriquecido en proantocianidinas (EVVP, 92% proantocianidinas). Se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) mediante la técnica de microdilución en caldo con lectura a través densidad óptica y control de viabilidad con resaruzina. Posteriormente, se determinó la concentración mínima bactericida a partir de las células viables que se obtienen en pocillos con mayor concentración a la CMI. Como control bactericida se utilizó clorhexidina, desinfectante habitual en los hospitales.

Resultados: Ningún compuesto mostró actividad bactericida, y los valores de CMI fueron menores para EVVP (0,25-16 mg/mL), seguido de EAST (64-128 mg/mL). El compuesto Sanidermix® fue activo en diluciones del 0,1-0,2%, sin observarse tampoco actividad bactericida.

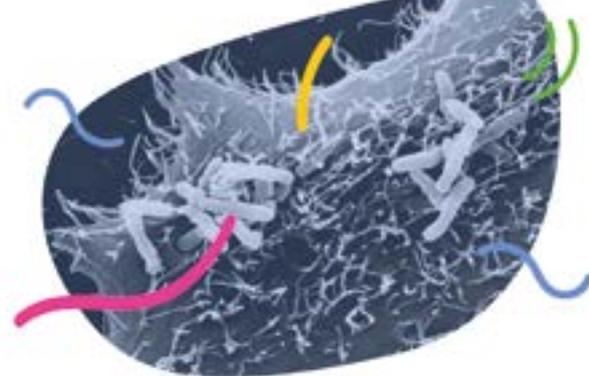
Conclusión: Todos los extractos naturales mostraron actividad bacteriostática frente a cepas de SARM aisladas de CI, aunque esta actividad microbicida fue considerablemente menor que la de clorhexidina, desinfectante habitualmente utilizado en los hospitales.

Financiación

ISCIII: PI20/00164, ICI21/00012, CD21/00059.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#384 EVALUACIÓN IN VITRO DE LA ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE LA COMBINACIÓN ÁCIDO 4-FENILBUTÍRICO Y UN COMPUESTO DENDRÍTICO FRENTE A STAPHYLOCOCCUS AUREUS

Marta Ortíz Reboloso, Natalia Gómez Casanova, Juan Soliveri De Carranza, Cristina Verdú Expósito, Irene Heredero Bermejo, José Luis Copa Patiño.¹

¹(Universidad de Alcalá, Alcalá De Henares, España)

Resumen de la comunicación

En los últimos años, el aumento descontrolado de bacterias multirresistentes a los antimicrobianos ha conllevado al incremento de las tasas de morbilidad y mortalidad asociadas con esos patógenos. Esta situación se debe, en gran parte, al mal uso de los compuestos antimicrobianos, a la aparición de mutaciones o a factores de patogenicidad como es la capacidad de formar biopelículas, entre otros. Estas biopelículas son comunidades microbianas que pueden formarse sobre superficies tanto abióticas como bióticas. Staphylococcus aureus es uno de los principales microorganismos multirresistentes en la actualidad y responsable de infecciones graves que incluso pueden provocar la muerte. La existencia de estas bacterias patógenas y la ineficacia de los antibióticos a la hora de erradicar a estos microorganismos resistentes ha llevado al estudio y desarrollo de nuevos compuestos como posibles alternativas para el tratamiento de los mismos. Además, la terapia combinada, que consiste en la combinación de distintos compuestos con diferente principio activo, se utiliza con frecuencia para evitar la aparición de resistencias. En este estudio se ha evaluado la actividad in vitro de dos compuestos: ácido 4-fenilbutírico (PBA) y un dendrón catiónico carboxilano (BDRC056). La actividad se evaluó frente a células planctónicas y células en la etapa previa a la formación de la biopelícula de S. aureus. Tras completar el estudio, se observó la capacidad antibacteriana de los compuestos estudiados de forma independiente y/o en combinación. Adicionalmente, se evaluó el efecto del pH en la actividad del PBA (pH7, pH6, pH5) y se determinó que su actividad aumentaba a pH6. La citotoxicidad de los compuestos se estudió frente a células HeLa. Los resultados indicaron la ausencia de citotoxicidad a concentraciones efectivas. Por ello, la combinación de estos compuestos es una alternativa interesante y que habría que confirmar con futuros estudios in vivo.

Financiación

MINECO (PID2020-113274RA-I00 / AEI/10.13039/501100011033); Comunidad de Madrid (CM/JIN/2021-029)



#386 LA PRODUCCIÓN DE SEÑALES QUORUM SENSING Y SU EFECTO SOBRE BIOFILM Y MOTILIDAD REPLANTEA EL CONOCIMIENTO ACTUAL EN K. PNEUMONIAE.

Sergio Silva Bea, Manuel Romero Bernardez, Azucena Mora Gutiérrez, Ana María Otero Casal.¹

¹(Universidad de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

K. pneumoniae fue clasificado en 2017 por la Organización Mundial de la Salud como un patógeno de máxima prioridad a la hora de desarrollar nuevas alternativas al uso de antibióticos. La formación de biofilm supone el principal factor de virulencia agravante de las infecciones que facilita la transmisión de resistencias¹. En *K. pneumoniae* existen discrepancias en la bibliografía en relación a la formación de biofilm y el papel regulador de señales Quorum Sensing (QS) tipo AHL (Acil-homoserina lactonas), ya que ciertos autores afirman que no las produce². Aclarar estas discrepancias posibilitaría el desarrollo de nuevos métodos anti-biofilm basados en degradación de señales QS que podrían suponer nuevas alternativas terapéuticas, como ya se ha demostrado para *Acinetobacter baumannii*³.

Métodos

La producción de señales AHL fue estudiada en la cepa ATCC13883T más en 3 cepas clínicas de *K. pneumoniae* bajo diferentes condiciones de aireación y agitación. El efecto de señales QS y enzimas que degradan señales de QS (enzima Aii20J) fue estudiado sobre la motilidad en agar 0.25%, y sobre la formación de biofilm en microaerobiosis con/sin glucosa mediante método Active Attachment en la cepa ATCC13883T y una clínica.

Resultados

La producción de señal C6-HSL fue confirmada en todas las cepas estudiadas, fuertemente dependiente de la condición de cultivo en microaerobiosis y en agitación. La señal C6-HSL y la enzima Aii20J mostraron tener el mismo efecto en la formación de biofilm con hiperformación, así como aumento de la motilidad en agar 0.25%.

Conclusiones

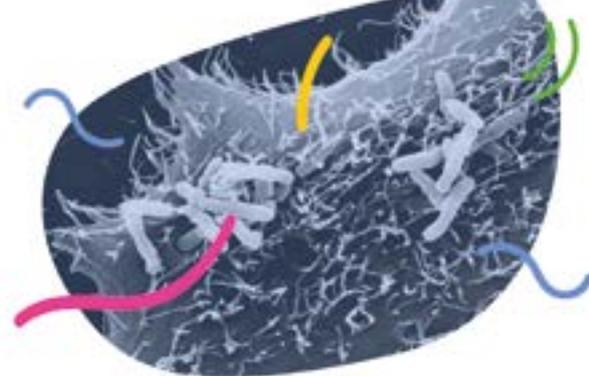
La producción confirmada de C6-HSL y su efecto sobre motilidad y biofilm replantea el conocimiento actual de los sistemas QS que regulan la formación de biofilm en *K. pneumoniae*. Los efectos observados de la enzima Aii20J en el aumento de la formación de biofilm y motilidad sugieren la posible existencia de otras señales de QS no descritas.

Financiación

Proyectos "AMR-BIOFILM. Seguridad alimentaria: estudio de clones de alto riesgo como candidatos vacunales y aplicación de estrategias anti-biofilm basadas en Quorum Sensing" (PID2019-104439RB-C21) y "Consolidación 2020 GPC GI-1209 Acuicultura e biotecnología - AQUABIOTEC" (ED431B 2020/13). Programa FPU "Formación de Profesorado Universitario" de la institución del gobierno de España "Ministerio de Educación y Formación Profesional" (FPU21/01147).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Referencias

1. Guerra MES, Destro G, Vieira B, et al. *Klebsiella pneumoniae* Biofilms and Their Role in Disease Pathogenesis. *Front Cell Infect Microbiol.* 2022;12:877995. doi:10.3389/fcimb.2022.877995
2. Pacheco T, Gomes AÉI, Siqueira NMG, et al. *SdiA*, a Quorum-Sensing Regulator, Suppresses Fimbriae Expression, Biofilm Formation, and Quorum-Sensing Signaling Molecules Production in *Klebsiella pneumoniae*. *Front Microbiol.* 2021;12:597735. doi:10.3389/fmicb.2021.597735
3. Mayer C, Muras A, Parga A, et al. Quorum Sensing as a Target for Controlling Surface Associated Motility and Biofilm Formation in *Acinetobacter baumannii* ATCC® 17978TM. *Front Microbiol.* 2020;11. doi:10.3389/fmicb.2020.565548

#389 DISTRIBUTION OF THE MOTILITY PHENOTYPE IN *CAMPYLOBACTER JEJUNI* ALONG THE PHYLOGENY

Irene Ortega Sanz, Beatriz Melero Gil, Jordi Rovira Carballido.¹

¹ (Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

Campylobacter jejuni is a zoonotic bacterium that resides primarily in the gastrointestinal tract of poultry. However, the bacteria can be transmitted between animals and humans causing campylobacteriosis. To colonize the mucous layer overlying the intestinal tract of the host, the bacteria are able to swim through this viscous environment in a movement driven by the flagella. This study aimed to examine the distribution of the motility phenotype across phylogeny in *Campylobacter jejuni*. A total of 136 *C. jejuni* strains were selected, 19 of which were nonmotile (< 0.3 cm), while the remaining 117 isolates were motile (> 1 cm). Isolates were Whole Genome Sequenced (WGS) and genomes were assembled and annotated following the in-house pipeline CamPype (<https://github.com/JoseBarbero/CamPype>). Phylogeny was constructed based on the pangenome of the *C. jejuni* isolates using Roary and visualized through FigTree. A total of 26 lineages (different combination of Sequence Type, ST, and Clonal Complex, CC) were found among the isolates. Besides, the distribution of the motility phenotype across the phylogeny showed that motile and nonmotile isolates were closely related, and even opposite motility abilities were observed among isolates of the same ST or/ and CC, including ST-441, ST-531, ST-2133, ST-19/CC21, ST-21/CC21, ST-50/CC21, ST-148/CC21, ST-760/CC21, ST-883/CC21, ST-3769/CC21, ST-443/CC443, ST-464/CC464 and ST-904/CC607. Therefore, the motility phenotype is widely distributed across the *C. jejuni* phylogeny with an important intra-lineage variation, especially in CC21. This evidences that the motility phenotype might be less likely to be predicted based only on the small number of target genes describing lineages. Future studies will include the study of SNPs affecting motility-associated genes to determine the genetic mechanisms defining *C. jejuni* motility.

Financiación

Irene Ortega received a predoctoral grant from the Junta of Castile and León, cofinanced by the Ministry of Education of the Government of Castile and León and the European Social Fund. The research leading to these results received funding from "La Caixa" Foundation and Caja Burgos Foundation.



#392 SWARMING MOTILITY OF CAMPYLOBACTER JEJUNI WITH DIFFERENT ORIGINS

Irene Ortega Sanz, Jordi Rovira Carballido, Beatriz Melero Gil.¹

¹(Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

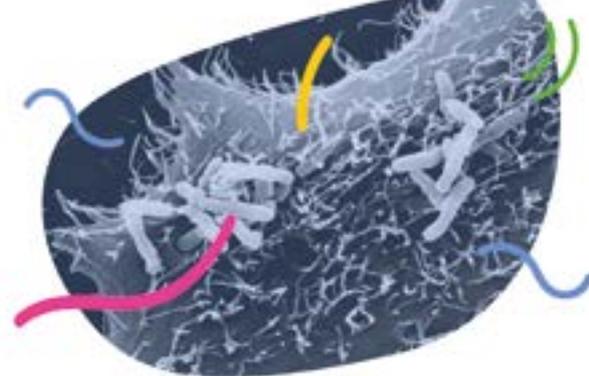
Campylobacter jejuni motility is essential for colonization of the host gastrointestinal tract for which the flagellum allows the bacteria to swim in viscous environment, that ultimately mediates virulence. The aim of this study was to evaluate the swarming motility of 136 *Campylobacter jejuni* strains isolated at different stages of the poultry food chain (farm, slaughterhouse, poultry processing plant and retail), and from human hosts. To assess the motility of the strains, the bacteria were stabbed into a semi-solid Mueller-Hinton 0.4 % (w/v) agar plate, and, after microaerobic growth at 37 °C for 48 h, the diameter of the halo of growth around the point of inoculation was measured. Isolates with mean halo diameter ≥ 0.6 cm were classified as motile, while < 0.6 cm were classified as nonmotile. A total of 19 isolates were classified as nonmotile (< 0.3 cm), while the remaining 117 isolates swarm more than 1 cm and were motile. Among the motile isolates, the swarming motility ranged from 1.4 cm to 6.2 cm, with highest swarming distances observed for isolates from farm (4.2 ± 1.3 cm), that was the only group in which all isolates displayed motility, but shortest for the human isolates (3.4 ± 1.2 cm). The results revealed that the motility phenotype is highly variable with a high proportion of nonmotile isolates (14 %), despite *C. jejuni* is generally considered a motile bacterium, with a possible association between the motility performance and the source of isolation. Whole Genome Sequencing (WGS) would be further required to explain the variability of the motility phenotype in the *C. jejuni* strains.

Financiación

Irene Ortega received a predoctoral grant from the Junta of Castile and León, cofinanced by the Ministry of Education of the Government of Castile and León and the European Social Fund. The research leading to these results received funding from "La Caixa" Foundation and Caja Burgos Foundation.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#399 CHARACTERIZATION OF THE IMPLICATION OF SIX DIFFERENT IRON UPTAKE SYSTEMS IN THE VIRULENCE OF ENTEROBACTER CLOACAE

Gabriela Ortiz Millán¹, Carla Robles Bellart¹, Marc Gaona Soler¹, Pau Conill Bonet¹, María Pérez Varela¹, Carlos Balsalobre Parra², Jordi Barbé Garcia¹, Susana Campoy Sánchez¹.

¹(Grup de Microbiologia Molecular, Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola Del Vallès, España)

²(Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística, Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicació

Enterobacter spp. is a nosocomial pathogen that belongs to the ESKAPE group, which comprises major antimicrobial-resistant bacterial pathogens [1]. This pathogen can cause various infections such as urinary tract infections, bacteremia, lower respiratory tract infections, and surgical site infections. Additionally, it can also colonize intravascular devices, among other manifestations [2]. Recent surveillance studies have demonstrated an increase in multidrug-resistant and even pan-drug-resistant strains, confirming that *Enterobacter* spp. is becoming an emerging threat to public health [3]. This represents a serious economic and public health issue for clinical healthcare. Nevertheless, despite being classified as a critical priority pathogen [4], the pathogenicity and virulence of this bacterium persist not being studied in depth.

Iron is an essential trace element required for bacterial physiology, pathogenicity, and metabolism. Due to its limited availability within the host, pathogenic bacteria develop high-affinity iron uptake systems (IUSs) to ensure their survival. In this study, we have determined the association of 12 different IUSs with the virulence of *E. cloacae* ATCC 13047. Defective mutants of each IUS were constructed and their virulence assayed using a *Caenorhabditis elegans* invertebrate animal model and a mammalian cell invasion assay optimized for *E. cloacae* using T24 human bladder cells. Furthermore, we studied the biofilm production and motility of all defective strains and characterized the antigenicity of the receptor component of the IUSs and its expression on the cell surface.

Our findings highlight the redundancy of iron uptake systems in this pathogen, and the direct involvement of six different IUSs in the virulence of *E. cloacae* ATCC 13047. These new targets and their demonstrated role in the virulence of this pathogen have the potential for the development of novel therapeutic strategies against *Enterobacter* spp.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto 201806 10 de La Marató de TV3. Gabriela Ortiz goza de una beca CONACYT para estudios de Doctorado en el Extranjero del Gobierno de México. Marc Gaona y Pau Conill tienen un contrato predoctoral financiado por la Generalitat de Catalunya y la Universidad Autónoma de Barcelona, respectivamente .

Referencias

[1] Rice, L.B. (2008) *The Journal of Infectious Diseases*, 197: 1079–1081

[2] Davin-Regli, A., et al. (2019) *Clin Microbiol Rev.* 32.

[3] Karakonstantis, S. et al. (2020) *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 75: 271–282

[4] Tacconelli, E., et al. (2018) *The Lancet Infectious Diseases*, 18: 318-327



#410 ANÁLISIS DE EXTRACTOS OBTENIDOS DE PLANTAS AROMÁTICAS CONTRA LOS PATÓGENOS MULTIRRESISTENTES STREPTOCOCCUS SUIS Y NEISSERIA GONORRHOEAE & NSBP;

Paula Jurado Romero^{1,2}, Víctor López Ramos^{2,3}, Juliana Navarro Rocha^{2,4}, Sara Martínez Pérez¹, Sofía Gil Urbano¹, Elena Lain⁵, Antonio Rezusta López⁵, Jesús Arenas Busto^{1,2}.

¹(Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España)

²(Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza, España)

³(Departamento de Farmacia, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad San Jorge, Zaragoza, España)

⁴(U Departamento de Ciencia Vegetal, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Zaragoza, España)

⁵(Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España)

Resumen de la comunicación

Streptococcus suis es una bacteria Gram positiva que puede actuar como agente patógeno causando elevadas pérdidas económicas en porcino. *Neisseria gonorrhoeae* es un patógeno Gram negativo causante de la gonorrea en humanos, segunda enfermedad de transmisión sexual más común globalmente. El tratamiento de ambos microorganismos se basa en el uso de antibióticos, sin embargo, se ha reportado un incremento alarmante en las tasas de resistencias a diversas familias de antibióticos en los últimos años.

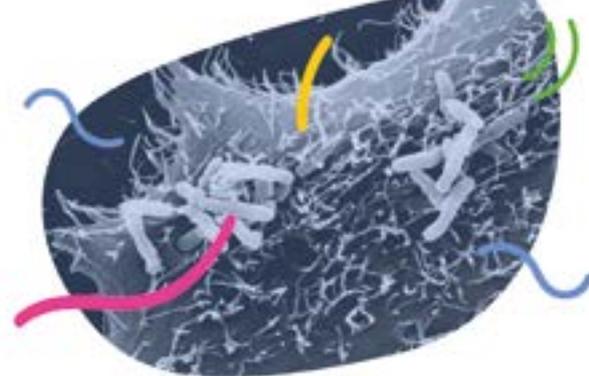
El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad bactericida y antibiofilm de 6 aceites esenciales de *Pinus sylvestris*, *Citrus limon*, *Origanum vulgare*, *Salvia blancoana*, *Thymus vulgaris* y *Satureja montana* frente a las cepas de referencia *S. suis* P1/7 y *N. gonorrhoeae* FA1090 y 5 aislados de cada especie resistentes a antibióticos. Todos los aislados procedieron de diferentes linajes genéticos y mostraron diferente patrón de resistencias. La actividad bactericida de los aceites se determinó mediante la concentración mínima inhibitoria, siguiendo el método de microdilución en caldo. Los valores oscilaron entre 0,18-2,87 mg/ml en *N. gonorrhoeae* y entre 2,8-10,7 mg/ml en *S. suis*. A continuación, se evaluó su capacidad para dispersar biofilms preformados sobre superficies abióticas. Los aceites mostraron diferente capacidad dispersante, reduciendo entre el 10-50% y 30-50% la biomasa de *S. suis* y *N. gonorrhoeae*, respectivamente. Análisis mediante microscopía electrónica de los biofilms de *Neisseria* tratados con los dos extractos más prometedores (*Pinus sylvestris*, *Citrus limon*) mostró alteración de las asociaciones entre microcolonias. Finalmente, se analizaron la actividad bactericida de componentes purificados presentes en los extractos, y se identificaron a α -pineno, β -pineno y D-limoneno como responsables de la actividad bactericida observada. En su conjunto, los datos muestran que los aceites de *Thymus vulgaris* y *Citrus limon* podrían ser útiles para tratar infecciones causadas por *S. suis* o *N. gonorrhoeae*, respectivamente.

Financiación

Proyecto TRANSIT (Ref. LMP58_21) de I+D+i de la Dirección General de Aragón.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#413 DECIPHERING THE MAP OF TRANSCRIPTIONAL OVERLAP BETWEEN NEIGHBOURING GENES: THE EXCLUDON FINDER & NBSP;

Álvaro San Martín Bernal, Pablo Iturbe Sanz, Iñigo Lasa Uzcudun.¹

¹ (NAVARRABIOMED, Pamplona, España)

Resumen de la comunicación

Since the introduction of high-throughput methods for RNA profiling, it is well known that the transcriptional space of a gene very often invades the space of a neighboring gene, creating large regions of overlapping transcription. This overlap could work as a fine-tuning regulatory system in bacteria, where the expression of two sets of neighboring genes can become mutually exclusive under certain environmental conditions. This can happen if the transcription of their mRNAs overlaps, so that each mRNA is used to produce the proteins it codes for, but acts as an antisense RNA for the neighboring genes. This genetic organization is called an excludon. Until now, there has been no tool that can be used to objectively identify this newly described genetic structure. Here, we have developed ExcludonFinder, a bioinformatic tool for annotating excludons present in bacterial genomes using RNA sequencing.

Our results indicate that each bacterium has several hundred excludons based on overlap in the 3' UTR regions and several tens of excludons based on overlap in the 5' UTR regions. Given the large number of excludons in the bacterial genome, we speculate that we are at the beginning of the discovery of a new level of gene regulation between neighbouring genes, in addition to regulation by co-expression of genes in the same transcript, exclusion of the expression of other genes by antisense RNA mechanisms.

Financiación

This work was financially supported by the Economic Department of Navarra government (Microbiomics, RESOLUCIÓN 49E/2021) to I.L.

Referencias

Toledo-Arana, A., & Lasa, I. (2020). Advances in bacterial transcriptome understanding: From overlapping transcription to the excludon concept. *Molecular Microbiology*, 113(3), 593-602.

Sesto, N., Wurtzel, O., Archambaud, C., Sorek, R., & Cossart, P. (2013). The excludon: a new concept in bacterial antisense RNA-mediated gene regulation. *Nature Reviews Microbiology*, 11(2), 75-82.

Chia, J. Y., Khoo, K. S., Ling, T. C., Croft, L., Manickam, S., Yap, Y. J., & Show, P. L. (2021). Description and detection of excludons as transcriptional regulators in gram-positive, gram-negative and archaeal strains of prokaryotes. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 32, 101933.



#415 INFECCIONES PARASITARIAS EN ANIMALES EN CAUTIVIDAD: PREVENCIÓN Y BIENESTAR ANIMAL. &NBSP;

Tania Ayllón Santiago^{1,4}, Ángela Díez Velasco¹, Marta Mateo Barrientos², Michael Morales Luís³, Jaime de Urioste Rodríguez³.

¹(Facultad de Veterinaria, Universidad Alfonso X el Sabio, Madrid, España)

²(Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, España)

³(Centro de Recuperación de Fauna, Fundación Neotrópico, Santa Cruz de Tenerife, España)

⁴(Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las enfermedades infecciosas constituyen una amenaza importante para la salud pública y animal en todo el mundo, Aproximadamente tres cuartas partes de las enfermedades zoonóticas se atribuyen a la fauna silvestre. En animales en casos de parasitaciones por diferentes patógenos, incluyendo protozoos ciliados, flagelados e intracelulares, amebas, ascáridos, entre otros^{1,2,3,4,5,6}. Dado que estos patógenos se transmiten principalmente por vía fecal-oral, el análisis concentración de heces por flotación se consideran herramientas útiles de diagnóstico. El objetivo de este estudio fue patógenos en heces de animales mantenidos bajo condiciones controladas (reptiles, mamíferos y aves) alojados en el de la Fundación Neotrópico (CRF NEOTRÓPICO, Santa Cruz de Tenerife, España). Los ejemplares proceden de intervenciones Autoridades Competentes en la lucha contra el tráfico ilegal, captura de especies exóticas asilvestradas o depósito por patógenos se determinó por observación directa de heces al microscopio y mediante análisis por flotación, tras disgregar separarlas de otros elementos. Se observó la presencia de protozoos ciliados (*Nyctotherus* spp. / *Balantidium* spp.), protozoos en 13 (18,6%) de las 70 muestras analizadas de distintas especies animales. Dado que muchos patógenos pueden transmitirse personas, en el centro se toman las medidas preventivas necesarias para evitar la infección⁷, incluyendo protección individual, desinfección. Adicionalmente, en el centro se llevan a cabo controles veterinarios de los animales para garantizar su prevenir la propagación de infecciones entre ellos y proteger la salud de los profesionales de estos centros^{8,9}.

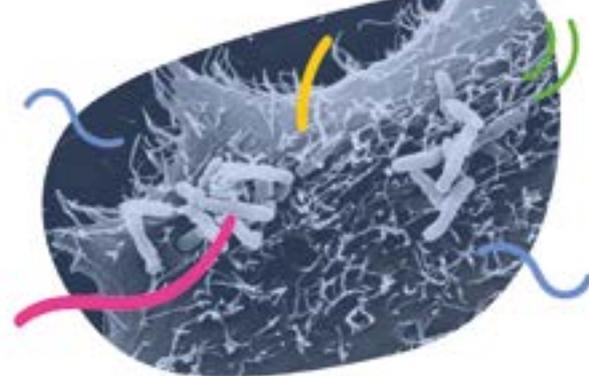
Palabras clave: patógenos; coprológico; centros de recuperación de fauna; zoonosis; prevención.

Referencias

- (1) Miñana-Morant O, Ponce-Gordo F. Prevalence of intestinal parasites in captive tortoises and analysis of risk factors. (2): 79 -90
- (2) Sibaja Morales, KD. Identificación de los parásitos gastrointestinales y ectoparásitos de animales silvestres en cautiverio doctoral. 2006.
http://purl.org/coar/resource_type/c_7a1f
- (3) Justiniano PA. Prevalencia de parásitos gastrointestinales en mamíferos del zoológico municipal de fauna sudamericana Santa Cruz, periodo 2020. Tesis doctoral, 2021. Disponible en:
<chrome-extension://efaidnbmninnbpcjpcglclefindmkaj/https://www.difuciencia.com/files/original/31c98926f446be19122fd275be6c78633486b737>.
- (4) Lim YA, Ngui R, Shukri J, Rohela M, Mat Naim HR. Intestinal parasites in various animals at a zoo in Malaysia. 2008;157(1-2):154-9. doi: 10.1016/j.vetpar.2008.07.015.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



(5) da Silva Barbosa A, Pissinatti A, Dib LV, de Siqueira MP, Cardozo ML, Fonseca AB, de Barros Oliveira A, da Silva Amendoeira MR. *Balantidium coli* and other gastrointestinal parasites in captives non-human primates of the Rio de 2015 Feb;44(1):18-26. doi: 10.1111/jmp.12140.

(6) Cano-Terriza D, Almería S, Caballero-Gómez J, Jiménez-Martín D, Castro-Scholten S, Dubey JP, García-Bocanegra

gondii in zoo animals in Spain. *Prev Vet Med.* 2020 Mar;176:104930. doi: 10.1016/j.prevetmed.2020.104930.

(7) Parkar U, Traub RJ, Vitali S, Elliot A, Leveck B, Robertson I, Geurden T, Steele J, Drake B, Thompson RC. Molecular *Blastocystis* isolates from zoo animals and their animal-keepers. *Vet Parasitol.* 2010 Apr 19;169(1-2):8-17. doi: 10.1016/j.vetpar.2010.03.008

(8) Soto Piñero CJ, Bert E. Valoración sanitaria de los criaderos de aves ornamentales REDVET. *Revista Electrónica [citado 15 de marzo de 2023];13(7):1-35* Disponible en: <http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n070712.html>.

(9) Fajardo-Sánchez JE, Lasso-Narváez AM, Mera-Eraso CM, Peña-Stadlin J, Zapata-Valencia JI, Rojas-Cruz C. Potential in animals in captivity at the Zoo in Cali, Colombia. *Neotrop. Helminthol.* 2014;8(2):279-290.

#540 AISLAMIENTO Y SECUENCIACIÓN GENÓMICA DE CEPAS DE PSEUDOMONAS SP. DEGRADADORAS DE FURANOS DESDE LA MICROBIOTA INTESTINAL DE SALMÓN DEL ATLÁNTICO

Carla Gárate-Castro ^{1,2,3,4}, Mario Tello Reyes ², Danilo Pérez-Pantoja ^{3,4}.

¹(Universidad de Chile, Facultad de Ciencias, Santiago, Chile)

²(Universidad de Santiago de Chile, Departamento de Biología, Centro de Biotecnología Acuícola, Santiago, Chile)

³(Universidad Tecnológica Metropolitana, Programa Institucional de Fomento a la I+D+i (PIDi), Santiago, Chile)

⁴(Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Santiago, Chile)

Resumen de la comunicación

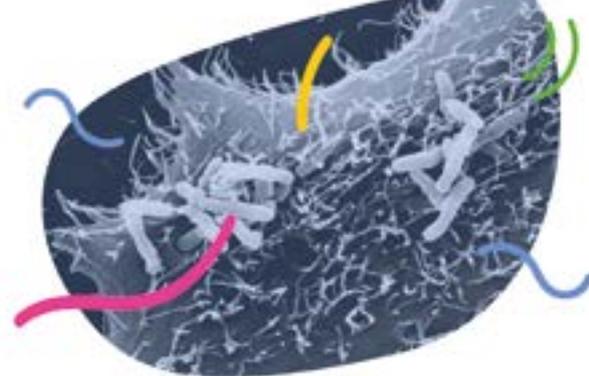
Los salmónidos mantenidos en piscifactorías pueden encontrarse expuestos a derivados de furano, ya sea por su incorporación inadvertida en la dieta o por la administración incontrolada de antibióticos basados en nitrofurano. Es presumible que esta exposición podría favorecer la ocurrencia de microorganismos capaces de metabolizar estos compuestos en el microbioma de salmónidos; sin embargo, a la fecha no se ha realizado ningún estudio evaluando su presencia. El propósito de este trabajo fue aislar y caracterizar bacterias degradadoras de furanos desde la microbiota intestinal de una de las especies de salmónidos más relevantes comercialmente, el Salmo del Atlántico (*Salmo salar*). Para ello, se recolectaron muestras de microbiota intestinal de 6 especímenes e inoculadas en medio mínimo mineral suplementado con ácido 2-furoico (FA) 3 mM, como única fuente de carbono y energía, durante 5 días a 16°C o 30°C. Estos enriquecimientos fueron sujetos a sucesivos procedimientos de re-inoculación en medio fresco, y finalmente transferidos a placas de medio agar suplementando con 3 mM de FA para la obtención de colonias aisladas. Se obtuvieron dos cepas con la capacidad de utilizar FA como única fuente de carbono y energía, siendo denominadas IAF-1 y SSA-FA1, y cuya identificación taxonómica por secuenciación parcial del gen 16S rRNA reveló su relación con el género *Pseudomonas*. La secuenciación del genoma completo de ambas cepas permitió la identificación de agrupamientos de genes *hmf/psf*, cuya participación en la degradación



de furanos ha sido confirmada previamente. La organización de los agrupamientos génicos fue ligeramente diferente entre ambas cepas. Al analizar el perfil de uso de sustratos se pudo constatar que el 5-hidroximetilfurfural, el ácido 5-hidroximetil-2-furanocarboxílico, el ácido 5-formilfurano carboxílico y el ácido 2,5-furanodicarboxílico también sustentaron el crecimiento de ambas cepas. Estos resultados sugieren que la microbiota intestinal del Salmón del Atlántico es un nicho idóneo para bacterias degradadoras de furanos, las que comparten sistemas genéticos similares a los descritos en bacterias aisladas desde entornos terrestres.

Financiación

Este trabajo fue financiado por Corfo 19CVID-118939, FONDECYT 1201741, ANID PIA/BASAL FB0002, UTEM LE19-05, y el Programa de Becas ANID DOCTORADO NACIONAL 2020 – 21200819 del Estado de Chile.



COMUNICACIONES PÓSTER

Microbiología de los Alimentos

#5 GENERANDO BIODIVERSIDAD EN LACTOCOCCUS LACTIS MEDIANTE EVOLUCIÓN ADAPTATIVA

Beatriz Martínez Fernández.

¹ (IPLA-CSIC, Villaviciosa, España)

Resumen de la comunicación

Lactococcus lactis y Lactococcus cremoris son el componente principal de los cultivos iniciadores mesófilos utilizados en la elaboración de productos lácteos fermentados, fundamentalmente queso. Son responsables de la acidificación de la leche y contribuyen al desarrollo de las propiedades organolépticas del producto final. Teniendo en cuenta que el éxito de una fermentación industrial depende de la viabilidad y actividad de los cultivos microbianos utilizados, se demandan cepas robustas que resistan las condiciones adversas, inherentes a estos procesos industriales, para mejorar su competitividad. Esto unido a la creciente demanda de productos con características organolépticas distintivas propicia la búsqueda de nuevas estrategias para aumentar la diversidad de cepas disponibles que presenten nuevos fenotipos y funcionalidades. Nuestro grupo de investigación ha evaluado la viabilidad de la evolución adaptativa como estrategia de grado alimentario para diversificar los cultivos iniciadores lácticos disponibles. Concretamente, aplicamos la bacteriocina Lcn972 que inhibe la síntesis de la pared celular como agente selectivo debido a que la integridad de la pared celular es un factor determinante para garantizar la supervivencia. Los resultados mostraron que, concomitante a la selección de mutantes resistentes a la bacteriocina, es posible seleccionar fenotipos de interés tanto en cepas de laboratorio como aquellas de uso industrial sin alterar sus aptitudes tecnológicas más importantes. También se identificó la pérdida de plásmidos como uno de las principales desventajas de la evolución adaptativa. Por otro lado, la comparación de genomas y análisis transcripcionales nos permitió determinar los principales mecanismos moleculares implicados en la respuesta al daño de la pared celular en *L. lactis*. En su conjunto, los resultados obtenidos confirman la plasticidad de *L. lactis* en su adaptación al estrés sobre la pared celular y avala la utilidad de la evolución adaptativa para generar diversidad funcional en *L. lactis* sin hacer uso de la tecnología del ADN recombinante.

Financiación

PID2020-119697RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033



#11 ESTUDIO DE LA ACTIVIDAD SINÉRGICA DE DERIVADOS DE SALICILALDEHÍDO Y BIOCIDAS PARA EL CONTROL DE MICROORGANISMOS PATÓGENOS ALIMENTARIOS

Elena Ortega Morente¹, María Belén Iglesias Valenzuela¹, Alfonso Alejo Armijo², Sofía Salido Ruíz², Joaquín Altarejos Caballero², Antonio Cobo Molino^{1,3}.

¹(Área de Microbiología. Departamento de Ciencias de la Salud. Universidad de Jaén, Jaén, España)

²(Área de Química Orgánica. Departamento de Química Inorgánica y Orgánica. Universidad de Jaén, Jaén, España)

³(Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

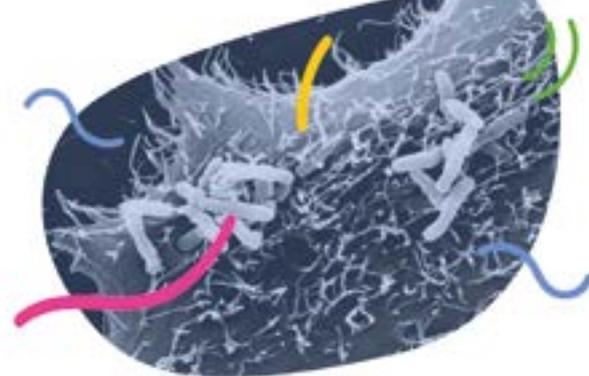
En el presente trabajo hemos evaluado los posibles efectos sinérgicos entre dos derivados del salicilaldehído (5-bromo-2-hidroxibenzaldehído y 2-hidroxi-5-nitrobenzaldehído) y biocidas habitualmente empleados en la industria alimentaria (triclosán, cloruro de benzalconio, bromuro de didecil dimetil amonio y clorhexidina), con el objetivo de detectar combinaciones eficaces a bajas concentraciones de ambos tipos de compuestos frente a patógenos alimentarios. Dicho efecto sinérgico se evaluó sobre una colección de 6 cepas bacterianas Gram positivas. Tres de ellas fueron previamente aisladas en nuestro laboratorio (Grupo de Investigación AGR-230) a partir de alimentos ecológicos, siendo identificadas y caracterizadas como tolerantes a biocidas y resistentes a antibióticos, mientras que las otras tres pertenecen a la Colección Española de Cultivos Tipo. Los resultados observados muestran que la combinación de 5-bromo-2-hidroxibenzaldehído con el biocida cloruro de benzalconio es efectiva frente a todas las bacterias Gram positivas ensayadas, incluso a bajas concentraciones (50 µg/mL). Cuando estudiamos la sinergia en la combinación entre 5-bromo-2-hidroxibenzaldehído y el biocida clorhexidina, también observamos buenos resultados, reduciéndose el crecimiento de todas las cepas ensayadas de las especies *Staphylococcus aureus* y *Bacillus cereus*. En cuanto al compuesto 2-hidroxi-5-nitrobenzaldehído, en combinación con el biocida cloruro de benzalconio, también reduce el crecimiento de la cepa de la especie *S. aureus* ensayada a concentraciones bajas (10 µg/mL). De estos ensayos se deduce que 5-bromo-2-hidroxibenzaldehído presenta mejor actividad biológica en combinación con los biocidas ensayados, por lo que puede emplearse como base de estudio para posteriores ensayos en la posible aplicación de éste y/o sus derivados en combinación con biocidas como antimicrobianos eficaces en la industria alimentaria.

Financiación

Estudio financiado por el Programa Operativo FEDER Andalucía 2014-2020, convocatoria 2020 de ayudas a proyectos de I+D+i (Ref. 1380669).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#12 ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE DERIVADOS DE SALICILALDEHÍDO EN COMBINACIÓN CON CONSERVANTES ALIMENTARIOS FRENTE A MICROORGANISMOS PATÓGENOS EN ALIMENTOS.

Antonio Cobo Molinos^{1,2}, Javier Rodríguez López², Alfonso Alejo Armijo³, Sofía Salido Ruíz³, Joaquín Altarejos Caballero³, Elena Ortega Morente².

¹(Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada. Campus La Cartuja s/n, CP 18071, Granada, Granada, España)

²(Área de Microbiología, Departamento de Ciencias de la Salud, Facultad de Ciencias Experimentales, Universidad de Jaén. Campus Las Lagunillas s/n, CP 23071 Jaén, Jaén, España)

³(Área de Química Orgánica, Departamento de Química Inorgánica y Orgánica, Facultad de Ciencias Experimentales, Universidad de Jaén. Campus Las Lagunillas s/n, CP 23071 Jaén, Jaén, España)

Resumen de la comunicación

Hemos evaluado dos derivados del salicilaldehído con actividad antimicrobiana previamente demostrada (5-bromo-2-hidroxibenzaldehído y 2-hidroxi-5-nitrobenzaldehído) frente a microorganismos patógenos transmitidos por alimentos. Ambos compuestos se han seleccionado en base a nuestra experiencia previa en el estudio de los productos de origen natural y sus derivados con actividad antioxidante y antimicrobiana. Su actividad en este caso se ha evaluado en combinación con conservantes habitualmente empleados en la industria alimentaria, tales como ácido cítrico, sorbato potásico, nitrito de sodio y ácido 4-hidroxibenzoico. Para llevar a cabo el estudio del posible efecto sinérgico entre derivados del salicilaldehído y los conservantes alimentarios, se emplearon como dianas una colección de cepas bacterianas Gram positivas, tanto procedentes de la Colección Española de Cultivos Tipo (CECT) como cepas aisladas en nuestro laboratorio de investigación de la Universidad de Jaén (Grupo de Investigación AGR-230) a partir de alimentos ecológicos, identificadas y caracterizadas como cepas tolerantes a biocidas y resistentes a antibióticos. Como resultado más significativo se observó que el 5-bromo-2-hidroxibenzaldehído muestra efecto sinérgico en combinación con sorbato potásico y con ácido 4-hidroxibenzoico frente a *Staphylococcus aureus* CECT 976, *Lactobacillus casei* UJA35h y *Listeria innocua* CECT 910 a la mínima concentración ensayada. En cuanto a la combinación con el nitrito sódico y el ácido cítrico, no se observaron resultados significativos para ninguna de las cepas estudiadas. En cuanto a los estudios con el otro derivado, 2-hidroxi-5-nitrobenzaldehído, sólo la combinación con ácido cítrico mostró efecto sinérgico frente a la cepa *S. aureus* CECT 976. Estos resultados abren la posibilidad del empleo de estos compuestos en la industria alimentaria, en combinación con conservantes, siendo la base de estudio para posteriores ensayos que permitan esta aplicación.

Financiación

Estudio financiado por el Programa Operativo FEDER Andalucía 2014-2020, convocatoria 2020 de ayudas a proyectos de I+D+I (Ref. 1380669).



#13 BIOACTIVACIÓN DE LOS FITOESTRÓGENOS POR LA MICROBIOTA INTESTINAL

José Ma Landete iranzo, José Antonio Curiel Gámiz, Ángela Peirotén Herrero, Ana Ruiz De La Bastida.

¹ (INIA-CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

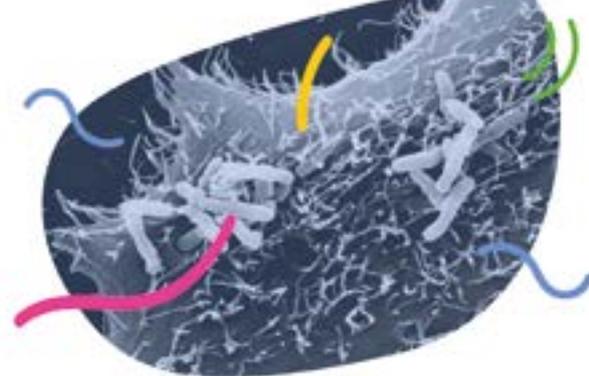
Los fitoestrógenos (FEs) son polifenoles con estructura similar al 17β -estradiol que les confiere actividad estrogénica y antiestrogénica. Isoflavonas, lignanos y elagitaninos son los tres principales grupos de FEs y están presentes en alimentos de consumo común como soja, cereza, granada, fresas, semillas de lino y calabaza. El consumo de FEs es asociado con efectos beneficiosos en la salud, aunque existen discrepancias entre los estudios. Los FEs se encuentran en forma no biodisponibles en la naturaleza y con escasa actividad biológica, tras la ingestión, las isoflavonas, lignanos y elagitaninos sufren modificaciones metabólicas por acción de la microbiota intestinal que conducen a la formación de una serie de FEs bioactivos entre los que destacan equol (isoflavona), enterolignanos (lignanos) y urolitinas (elagitaninos). Estos compuestos de origen microbiano presentan mayor biodisponibilidad y bioactividad que sus precursores, pudiendo presentar actividad antiinflamatoria, antineoplásica y/o apoptótica, además de estrogénica/antiestrogénica y antioxidante, y son los principales responsables de los efectos beneficiosos en la menopausia, enfermedad cardiovascular y cánceres. La discrepancia antes comentadas entre los estudios, y las diferentes efectos en la salud que muestran los alimentos ricos en FEs en la población, se deben principalmente a las diferencias que existen entre la microbiota intestinal de los individuos para metabolizar los FEs. Así por ejemplo, podemos diferenciar individuos productores de equol de individuos no productores de equol. En el Grupo de Alimentos Funcionales del INIA trabajamos en la selección, identificación y posterior utilización de bacterias lácticas y bifidobacterias capaces de producir estos FEs bioactivos de manera natural, o mediante ingeniería genética. La utilización de estas bacterias en la fermentación de alimentos vegetales como la bebida de soja y de lino, nos ha permitido desarrollar bebidas vegetales enriquecidas en FEs bioactivos, y en concentraciones adecuadas, para mostrar efectos beneficioso en modelos animales de menopausia y fertilidad.

Financiación

PID2020-11960RB-I00 Ministerio de Ciencia e Innovación, Plan Nacional.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#45 CARACTERIZACIÓN MICROBIOLÓGICA DE MACROALGAS RECOGIDAS EN LA COSTA VASCA CON FINES GASTRONÓMICOS

Inés Arana Basabe^{1,2}, Maite Orruño Beltrán^{1,2}, Arkaitz Almaraz Herce², Marina Salido Velázquez^{3,4}, Sergio Seoane Parra^{3,4}, Endika Quintano Erraiz^{3,4}, José María Gorostiaga Garay^{3,4}, Nestor Etxebarria Loizate^{3,5}, Urtzi Izaguirre Aramayona^{3,6}, Manuel Soto López^{3,6}.

¹(Centro de Investigación en Biología y Biotecnología Marinas Experimentales (PiE UPV/EHU), Plentzia, España)

²(Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Leioa, España)

³(Centro de Investigación en Biología y Biotecnología Marinas Experimentales (PiE UPV/EHU), Plentzia, España)

⁴(Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Leioa, España)

⁵(Departamento de Química Analítica, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Leioa, España)

⁶(Departamento de Zoología y Biología Celular Animal, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU), Leioa, España)

Resumen de la comunicación

Los movimientos vida healthy y realfooding, de creciente interés en los últimos años, tienen como objetivo promover unos hábitos de vida saludables. En este contexto, los productos y prácticas gastronómicas a base de algas resultan de interés. El objetivo del proyecto SLOW ALGA es aprovechar las características físicas y biológicas de algas de la Costa Vasca para explorar la posibilidad de crear nuevos productos o aditivos kilómetro "0", que permitieran generar alimentos saludables, de calidad y alto valor nutritivo a partir recursos marinos no explotados. Como punto de partida, se recogieron 7 especies de macroalgas bentónicas comunes en la Costa Vasca y pertenecientes a los siguientes grupos: verdes (Clase Ulvophyceae, *Ulva rigida* y *Codium fragile*), pardas (Clase Phaeophyceae, *Bifurcaria bifurcata* y *Halopteris scoparia*) y rojas (Div. Rhodophyta, *Halopithys incurva*, *Chondracanthus acicularis*, *Porphyra linearis*). Junto con la caracterización nutricional y análisis de contaminantes químicos y pigmentos, se realizó una caracterización microbiológica de las algas, recogidas en diferentes localizaciones, para determinar su idoneidad para el consumo humano. Para ello, se realizaron recuentos de bacterias mesófilas e indicadoras de contaminación y la detección de vibrios patógenos, de acuerdo con las normativas UNE-ISO pertinentes. Asimismo, se seleccionaron algunas algas para analizar cómo afectan a los recuentos microbianos tratamientos habituales en su procesado, como son la congelación y el lavado. En general, en las algas de las especies *C. acicularis* y *U. rigida* se detectó un mayor número de bacterias mesófilas (10^3 - 10^4 UFC/g), mientras que en *B. bifurcata* los recuentos fueron los más bajos (10^2 UFC/g). El tratamiento previo mediante lavado y/o congelación (-20°C) provocó una reducción generalizada en las densidades bacterianas. Aunque no se detectaron vibrios patógenos y, en general, los recuentos de microorganismos indicadores de contaminación fueron bajos, este análisis permitió seleccionar las localizaciones idóneas para la recogida de algas.

Financiación

Gobierno Vasco - Dpto de Desarrollo Económico, Sostenibilidad y Medio Ambiente. 00002-INA2022-33.



#47 POTENCIAL DEL PLASMA FRÍO EN LA OBTENCIÓN DE PÉPTIDOS BIOACTIVOS A PARTIR DEL PROCESADO DE ARTHROSPIRA PLATENSIS (SPIRULINA)

Consuelo Esteve Sánchez, Neus Ricós Muñoz, María Consuelo Pina Pérez.

¹(Dpto. Microbiología y Ecología. Facultad de Ciencias Biológicas (Universitat de València), Burjassot, España)

Resumen de la comunicación

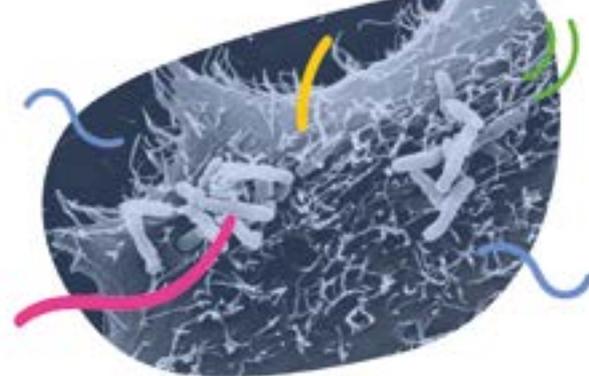
En la actualidad, *Arthrospira platensis* (Spirulina) es uno de los ingredientes de mayor valor en los sectores alimentario y farmacéutico. Sin embargo, a pesar de su riqueza en proteínas, lípidos y polisacáridos con potencial prebiótico, se trata de un ingrediente no estéril en su formato en polvo. La esterilización de matrices en polvo, continúa siendo hoy un reto para la industria. La tecnología de plasma frío (PF), un gas ionizado a temperatura ambiente, emerge como alternativa efectiva en la inactivación de esporas bacterianas en pocos minutos, válida para el procesamiento de matrices sólidas, líquidas y en polvo. Sin embargo, el impacto que la tecnología puede tener sobre aspectos de calidad organoléptica y nutricional, se encuentra escasamente estudiado en alimentos. En el presente estudio se procesaron muestras de Spirulina en polvo, a diferentes intensidades de PF (1.1 W, 1.7 W, 2.2 W y 3.3 W, durante 5 minutos). El polvo de Spirulina, no tratada y tratada bajo diferentes condiciones, se utilizó en concentración 1 mg/mL para suplementar el medio de referencia Man Rogose Sharpe broth (MRSB), evaluando el perfil peptidómico obtenido tras fermentación del sustrato por bacterias lácticas (*Limosilactobacillus reuteri* and *Lactocaseibacillus rhamnosus* GG). Se obtuvieron 21 secuencias individuales diferenciadas de péptidos a partir de la hidrólisis de proteínas C-ficocianina (CFC) y aloficocianina (AFC). El perfil peptidómico obtenido para ambas bacterias fue muy similar. Las diferencias detectadas en peptidómica entre la fermentación de muestras de Spirulina no tratadas y tratadas por PF revela que, si bien para tratamientos de baja intensidad, el perfil de péptidos bioactivos generado no se ve afectado, post-tratamiento/post-fermentación; para la intensidad de 3.3 W-5 min de tratamiento por PF, ciertos péptidos (secuencias: SLGTPIEAVAEGVR, EVTAGLVGADAGK, MQDAITSVINSSDVQGK, ADSLISGAAQAVYNK, DIGYYLR, MKTPLTEAVSIADSQGR) dejan de ser generados. Se requiere, por tanto, una optimización de tratamientos proceso-producto para evitar la pérdida de bioactivos

Financiación

El presente estudio ha sido desarrollado en el marco del proyecto de I+D+I orientada a los Retos de la Sociedad, con referencia PID2020-116318RA financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#63 EPICOCCUM SP. COMO AGENTE CAUSAL DE MANCHAS MARRÓN-ROJIZAS EN LA SUPERFICIE DE UN QUESO DURO DE LECHE CRUDA DE OVEJA

Javier Rodríguez Álvarez^{1,2}, Lucía Vázquez Iglesias^{1,2}, Ana Belén Flórez García^{1,2}, Baltasar Mayo Pérez^{1,2}.

¹(Instituto de Productos Lácteos de Asturias, Villaviciosa, España)

²(Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias, Oviedo, España)

Resumen de la comunicación

Los defectos de color en queso pueden afectar a la apariencia, el sabor, la seguridad alimentaria y al precio. En este estudio se comunica la identificación de cinco aislados de hongos en una planta quesera en la que los quesos presentan durante la maduración en cámara fría unas manchas patentes de coloración marrón-rojizas. Uno de estos aislados se obtuvo directamente de queso, mientras que los otros procedían de salmuera (dos) y de la leche de oveja almacenada en los tanques de recepción (dos). La identificación molecular de los aislados se llevó a cabo mediante amplificación parcial, secuenciación y comparación en las bases de datos de la secuencia concatenada de los genes que codifican la subunidad grande de la ARN polimerasa II (RPB2), la β -tubulina (β -TUB), el ARNr 28S (LSU), y las secuencias internas transcritas (ITS) de los operones ribosomales. Los cinco aislados se asignaron a las especies *Epicoccum layuense* (uno procedente del queso), *Epicoccum italicum* (uno de salmuera y otro de leche) y *Epicoccum mezzettii* (uno de salmuera y otro de leche). Las cepas de las especies *E. layuense* y de *E. italicum* recrearon las manchas en el laboratorio en lonchas de queso tipo Gouda, lo que vincula de manera clara a estos hongos con el defecto de color en el queso. Varias de las especies del género *Epicoccum* son ampliamente reconocidas como patógenos de plantas, en las que produce manchas en las hojas y otros tejidos. En leche y queso, *Epicoccum* se ha detectado solo muy ocasionalmente y no se considera un agente de deterioro de los productos lácteos. Este género no está incluido tampoco en la lista de patógenos fúngicos prioritarios de la OMS, ni aparece en la literatura asociado a toxiinfecciones alimentarias.

Financiación

PID2019-110549RB-I00/AEI/10.13039/501100011033 (Agencia Española de Investigación). AYUD/2021/50916, AYUD/2021/57336 y BP19-098 (Principado de Asturias).



#96 FERMENTACIÓN MALOLÁCTICA DE LACTIPLANTIBACILLUS PLANTARUM EN MOSTO TINTO: CONSUMO DE ÁCIDO L-MÁLICO Y COMPATIBILIDAD CON LA FERMENTACIÓN ALCOHÓLICA

Aitor Balmaseda Rubina, Albert Bordons De Porrata-Doria, Nicolas Rozès, Cristina Reguant Miranda.

¹(Universitat Rovira i Virgili, Tarragona, España)

Resumen de la comunicación

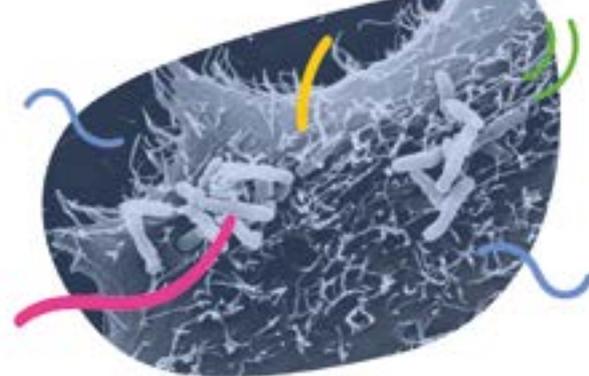
El vino es el resultado de la fermentación alcohólica (FA) del mosto de uva. Además de la FA, el vino puede desarrollar otro proceso microbiológico, la fermentación maloláctica (FML) realizada por bacterias lácticas (BAL), que consiste en la descarboxilación del ácido L-málico en ácido L-láctico. Entre ellas, destacan las especies *Oenococcus oeni* y *Lactiplantibacillus plantarum*. Si bien, *O. oeni* es la BAL que realiza la FML en vino, *L. plantarum* puede desarrollarla simultáneamente a la FA. En la actualidad, el uso de cultivos iniciadores de *L. plantarum* ha aumentado, incrementando su presencia en el mercado enológico. Así, el objetivo de este trabajo fue la caracterización de la FML desarrollada por *L. plantarum* — con dos cepas comerciales — en mosto tinto. Se monitorizó el consumo de ácido L-málico con concentraciones crecientes de bacteria — 10⁶, 10⁷ y 10⁸ CFU/mL —. También, se estudió la FML realizada por la bacteria en presencia de *S. cerevisiae* en el mismo mosto, coinoculando las dos especies, o bien, *L. plantarum* 24 horas después de la levadura. Cuando el inóculo de ambas cepas fue de 10⁸ CFU/mL, el consumo de ácido L-málico fue rápido, alrededor de un día. A concentraciones más bajas, el proceso tardó más, siendo en algunos casos más largo que la duración de la FA en el mismo mosto, pudiendo comprometer el proceso fermentativo por inhibición de etanol. Además, cuando ambas especies fueron coinoculadas, el ácido L-málico se consumió en 24h, mientras que cuando la bacteria se inoculó después, el proceso total de ambas FA y FML duró 96 horas. En conclusión, concentraciones menores a 10⁸ CFU/mL de *L. plantarum* parecen no ser suficientes para acabar la FML antes que la FA, y la coinoculación de la bacteria y la levadura favorecen un consumo de ácido L-málico más rápido.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2021-124943OB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación. Aitor Balmaseda es investigador postdoctoral Margarita Salas (2021URV-MS-25) del Ministerio de Universidades financiado por la Unión Europea- NextGenerationEU.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#98 PROTEOMIC CHARACTERIZATION OF LISTERIA MONOCYTOGENES GROWN IN UHT MILK

Inmaculada López Almela¹, Alba Espí Malillos¹, Carla Palacios Gorba¹, Pilar Ruiz García², María Carmen López Mendoza², Francisco García Del Portillo³, María Graciela Pucciarelli^{3,4}, Alexandra Moura^{5,6}, Marc Lecuit^{5,6,7}, Juan José Quereda Torres¹.

¹(Grupo de investigación Intracellular Pathogens: Biology and Infection. Departamento Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities, Valencia, España)

²(U Departamento Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities, Valencia, España)

³(Laboratory of Intracellular Bacterial Pathogens, National Centre for Biotechnology (CNB)-CSIC, Madrid, España)

⁴(Department of Molecular Biology, Universidad Autónoma de Madrid, Centre of Molecular Biology 'Severo Ochoa' (CBMSO CSIC-UAM), Madrid, España)

⁵(Institut Pasteur, National Reference Centre and WHO Collaborating Centre for Listeria, París, Francia)

⁶(Institut Pasteur, Université de Paris, Inserm U1117, Biology of Infection Unit, París, Francia)

⁷(Necker-Enfants Malades University Hospital, Division of Infectious Diseases and Tropical Medicine, Institut Imagine, APHP, París, Francia)

Resumen de la comunicación

Listeria monocytogenes (Lm) is the causative agent of the food-borne illness listeriosis, a severe invasive infection with high hospitalization and fatality rates in humans (20-30%). Of the 1,876 confirmed listeriosis cases in 2020, 780 led to hospitalization and 167 to death. Although a wide variety of ready-to-eat foods can mediate listeriosis, approximately half of the outbreaks are linked to contaminated dairy products. Ultra High Temperature (UHT) milk contamination with Lm is attributed to poor sanitation post-pasteurization practices. Our hypothesis is that Lm may have the ability to remodel the cell wall and membrane proteome during growth in dairy products. Here, proteomic techniques were used to identify Lm proteins differentially expressed when grown in UHT milk compared to Brain Heart Infusion (BHI). The cell wall and membrane/cytosol proteins of Lm grown in UHT milk and BHI were characterized using Liquid Chromatography and Mass Spectrometric analysis (LC-MS). Based on proteomic analysis, bacteria grown in milk exhibited upregulated and downregulated proteins compared to BHI. Proteins responsible for virulence, metabolism, and stress response were upregulated. Importantly, novel antibacterial agents that target these metabolic pathways could be used to restrict Lm growth in dairy products.

Financiación

This work was supported by Generalitat Valenciana (Project reference AICO/2021/278) (JJQ), the Spanish Ministry of Science and Innovation (Project references PID2019-110764RA-I00/AEI/10.13039/501100011033 (JJQ), PGC2018-096364-B-I00/AEI /10.13039/501100011033/FEDER (MGP), and Universidad CEU Cardenal Herrera Programa INDI 21/46 (JJQ), Institut Pasteur, Inserm, and Santé Publique France (ML). J.J. Quereda is supported by a

“Ramón y Cajal” contract of the Spanish Ministry of Science, Innovation, and Universities (RYC-2018-024985-I). Alba Espí-Malillos and Carla Palacios-Gorba are supported by a Predoctoral contract from the Universidad Cardenal Herrera-CEU. The funders had no role in study design, data collection, and interpretation, or the decision to submit the work for publication.



#155 DEVELOPMENT OF A CLOSTRIDIUM SPECIES PREDICTIVE MODEL FOR THE EVALUATION OF NITRITE SUBSTITUTE ADDITIVE IN COOKED MEATS

Amparo De Benito Armas¹, Alexandra Roijals Sansano², Monica Stepheson ², Raquel Almarcha Vela ¹, Sonia Porta Banderas¹, Genoveva Arques Verdú¹, Javier Gonzalez ², Javier García Pina².

¹ (AINIA, Valencia, España)

² (CHEMITAL Food Techniques, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

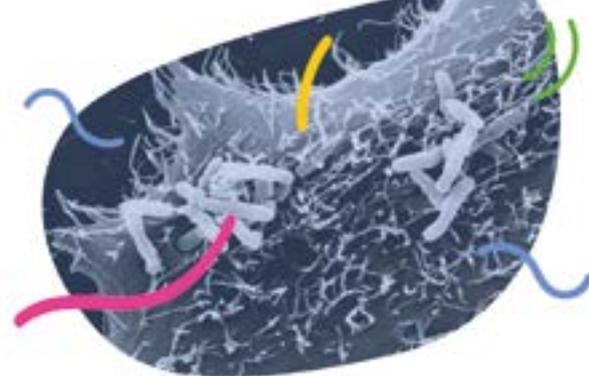
Nitrite is still widely used as a curing ingredient in meat industries, however, when nitrite reacts with amino acids present in the meat, potentially carcinogen nitrosamines are produced. International Agency for Research on Cancer (IARC) reported that ingested nitrite from processed meat can lead to colorectal cancer in humans so alternatives to the use of nitrites in cured meats are necessary to reduce health risks. Research on substituting the chemical additive nitrite has led to the exploring of the use of nitrate rich plant extracts such celery, spinach, radish. In this work, an additive substitute to nitrite and nitrate free (INBAC NF) was developed and evaluated against non-proteolytic Clostridium botulinum and Clostridium algidicarnis, a psychrotrophic microorganism isolated from spoiled cooked meat. To obtain the predictive models for both microorganisms, tests were done in cooked meat product that was produced with the addition of different doses of the INBAC NF (0,025 to 0,3%). Cooked meat products were inoculated with spores from both microorganisms in separated experiments. The meat was then sliced, vacuum packed and stored for least 120 days under different temperatures (5oC-25oC). Analysis of samples to estimate the growth of the Clostridium species was done at several time intervals and the time for a 0,5 log increase was calculated for each case. The response surface model obtained showed that INBAC NF was very effective in the inhibition of both Clostridium species. Growth of C. botulinum was inhibited for at least 120 days of incubation at 15-25 oC when using $\geq 0,2\%$ of INBAC NF and C. algidicarnis was inhibited at 5-15oC with $\geq 0,15\%$ of INBAC NF. A user-friendly software was obtained to get predictions at different levels of INBAC NF and the storage temperature.

Financiación

Centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial (CDTI)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#174 HARINAS DE ARROZ Y MIJO COMO FUENTES DE CULTIVOS INICIADORES CON POTENCIAL PARA MEJORAR LA PANIFICACIÓN SIN GLUTEN.

Alicia Alonso Hernando^{1,2}, Jose Alejandro Morán Pérez², Eduardo Téllez Jiménez², Ana Pascual Maté², Laura Ramos³, Nuria Antón Fidalgo².

¹(Universidad de León, León, España)

²(Universidad Isabel I, Burgos, España)

³(Instituto Cajal, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las masas madre de tipo I para la fermentación panaria suelen albergar una diversidad microbiana característica de las harinas empleadas, siendo dependiente de otros factores ambientales. Las masas madre elaboradas a partir de harinas de cereales exentos de gluten tienen interés para una panificación sin gluten, evitando así el empleo de aditivos, y mejorando las características sensoriales y nutritivas del pan. En este trabajo se investigó la presencia de bacterias acidolácticas (BAL) en masas madre elaboradas con harina de arroz (*Oryza sativa*, L.) y harina de mijo (*Panicum miliaceum* L.) en experimentos de fermentación separados, mediante técnicas dependientes e independientes de cultivo. Se aislaron un total de ocho cepas de presuntas BAL en harina de arroz y un total de 7 cepas en harina de mijo. La técnica de MALDI-TOF confirmó la identidad de 6 cepas como *Pediococcus pentosaceus*, y mediante técnicas de secuenciación se confirmó esta misma identidad para el resto de las cepas, salvo por la presencia de una cepa de *Lactobacillus curvatus*. Dada la capacidad de *P. pentosaceus* para segregar exopolisacáridos que podrían mimetizar la acción del gluten en las masas panarias sin estas proteínas, ambas harinas podrían ser fuentes interesantes de nuevos cultivos iniciadores para mejorar la panificación sin gluten.

Financiación

Proyecto FUI1-011 titulado «Estudio de la microbiota de masas madre procedentes de harinas sin gluten seleccionadas», enmarcado en la tercera edición del «Programa de ayudas a proyectos de investigación en el ámbito de las Ciencias de la Vida y la Salud», financiado por la Fundación La Caixa y Fundación Caja de Burgos y con la colaboración de la Fundación Universidad Isabel I (Burgos).

Referencias

Ramos L, Alonso-Hernando A, Martínez-Castro M, Morán-Pérez JA, Cabrero-Lobato P, Pascual-Maté A, Téllez-Jiménez E, Mujico JR. (2021). Sourdough Biotechnology Applied to Gluten-Free Baked Goods: Rescuing the Tradition. *Foods*. 10(7): 32. <https://doi.org/10.3390/foods10071498>
Franco, W.; Pérez-Díaz, I.M.; Connelly, L.; Diaz, J.T. Isolation of Exopolysaccharide-Producing Yeast and Lactic Acid Bacteria from Quinoa (*Chenopodium Quinoa*) Sourdough Fermentation. *Foods* 2020, 9, 337. <https://doi.org/10.3390/foods9030337>



#181 ESTIMACIÓN DEL RECUENTO DE MICROORGANISMOS AEROBIOS MESÓFILOS EN CARNE FRESCA MEDIANTE VISIÓN HIPERESPECTRAL

Sonia Porta Banderas¹, José Belenguer Ballester¹, Beatriz Jiménez Gómez², Verónica Zango Mostazo², Ana I. Rodríguez Retamar², Luis Calvo Adiego², Amparo De Benito Armas¹, Genoveva Arques Verdú¹, Alejandro Jordán Del Moral², Erica Muela Garrido².

¹ (AINIA, Paterna, España)

² (INCARLOPSA, Tarancón, España)

Resumen de la comunicación

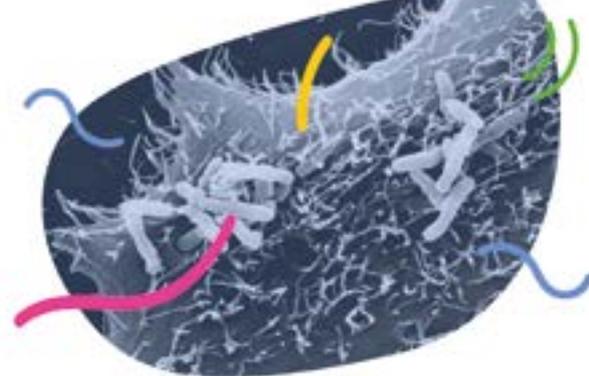
Uno de los retos más importantes de la industria cárnica es asegurar la calidad microbiológica de los alimentos frescos. Para ello, las empresas pueden desarrollar planes de control que incluyan el análisis de grupos microbianos indicadores. Estos análisis pueden reflejar la condición microbiológica general- de los alimentos, equipos o entornos de producción- de una forma más amplia que los dirigidos a microorganismos específicos. La visión hiperespectral es una tecnología de inspección con un gran potencial y con un número creciente de aplicaciones en el sector alimentario. De manera resumida, combina las propiedades de la visión artificial y de la espectroscopia para ofrecer información fisicoquímica sobre el elemento bajo estudio. El objetivo de este estudio ha sido evaluar la capacidad de la visión hiperespectral para predecir el recuento de microorganismos aerobios mesófilos en la superficie de cintas de lomo de cerdo. Para ello se analizaron, a lo largo de varios días, diferentes piezas que se dejaron evolucionar de manera natural junto con otras que fueron inoculadas con microorganismos aislados de la microbiota presente en los lomos. Por un lado, se caracterizó la evolución de las muestras de las piezas tomadas en un laboratorio de análisis microbiológico. Durante el periodo de estudio, los recuentos de aerobios mesófilos variaron entre $9,1E+01$ y $2,1E+08$ ufc/g y se observó la evolución de los microorganismos psicrotrofos dominantes (*Pseudomonas* de distintas especies) en la carne fresca. Paralelamente, se midieron otras muestras tomadas de las mismas piezas con un sistema de visión hiperespectral. Se desarrolló un modelo de regresión por mínimos cuadrados parciales cuyos valores del coeficiente de determinación y de la raíz cuadrada del error cuadrático medio de la predicción fueron 0,77 y 0,83 log ufc/g, respectivamente.

Financiación

El proyecto "Desarrollo de la tecnología de visión hiperespectral para el control de la calidad higiénica en la industria cárnica" (VISIONMEAT) ha sido financiado por el Centro para el Desarrollo Tecnológico Industrial (CDTI) a través de su programa de proyectos de investigación y desarrollo individuales (PID)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#185 ESTUDIO DE LOS PATRONES DE ENSAMBLAJE DE COMUNIDADES FÚNGICAS EN MOSTO DE UVA

Alicia Prior Blanco^{1,2}, Sandra Tomasi¹, Javier Ruiz¹, Miguel De Celis^{3,1}, Antonio Santos¹, Alicia Sánchez-Gorostiaga⁴, Luis Cayuela², Ignacio Belda¹.

¹(Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España)

²(Departamento de Biología y Geología, Física y Química inorgánica. Universidad Rey Juan Carlos, Madrid, España)

³(Departamento de Protección Vegetal. Instituto de Ciencias Agrarias (CSIC), Madrid, España)

⁴(Departamento de Investigación Agroambiental. Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Los viñedos albergan una gran diversidad de microorganismos, y las comunidades de levaduras que se desarrollan en las uvas son determinantes del proceso de fermentación del vino. Existen fuertes patrones biogeográficos que definen la composición y estructura de las comunidades microbianas en viñedos a escala global y regional, contribuyendo a definir la fracción biológica de un terroir vitivinícola. Sin embargo, no se conocen los mecanismos determinantes del ensamblaje de las comunidades a una escala local. Para ello, diseñamos un muestreo en un viñedo experimental, considerando 27 variedades de vid distintas, separadas entre sí, de 1 a 70 metros, asumiendo así que las poblaciones fúngicas que se desarrollen en las uvas proceden de una metacomunidad única. Tras confirmar esta premisa, evaluamos el posible efecto de la distancia filogenética de las variedades de vid y la distancia ambiental (composición físico-química) de los mostos de uva en los patrones de diversidad de sus comunidades fúngicas. Así, confirmamos que la distancia filogenética no explica los patrones de diversidad fúngica de sus mostos, mientras que la composición físico-química del mosto sí presenta un efecto significativo, aunque moderado, en dichos patrones. Confirmado esto, planteamos un experimento de ensamblaje dirigido de estas comunidades fúngicas en distintas condiciones físico-químicas, usando cuatro variantes de mosto sintético de uva (SGM): i) SGM-control; ii) SGM con concentración limitante de Nitrógeno orgánico; iii) SGM con concentración limitante de Nitrógeno inorgánico; SGM con pH elevado). Tras observar que la función de las comunidades se estabilizó tras 6 ciclos de crecimiento (24h de crecimiento por ciclo; dilución 1/100 entre cada ciclo), se compararon las comunidades iniciales con las presentes tras 9 ciclos de crecimiento. Las poblaciones iniciales y finales diferían notablemente, sin embargo, no se observaron diferencias significativas entre la composición de las comunidades ensambladas en las distintas condiciones ensayadas.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2019-105834GA-I00 (acrónimo Wineteractions), financiado por la Agencia Estatal de Investigación/Ministerio de Ciencia e Innovación (10.13039/501100011033).



#224 USO DE MANOPROTEÍNAS PARA MEJORAR LA SUPERVIVENCIA DE BACTERIAS LÁCTICAS EN FERMENTACIONES DE ACEITUNA DE MESA

Patricia Gil Flores¹, Amanda Vaccalluzzo², Alberto Martínez¹, Manuel Ramírez¹, Luis Miguel Hernández¹, Cinzia Randazzo², Joaquín Bautista Gallego¹.

¹(Universidad de Extremadura, Badajoz, España)

²(University of Catania, Catania, Italia)

Resumen de la comunicación

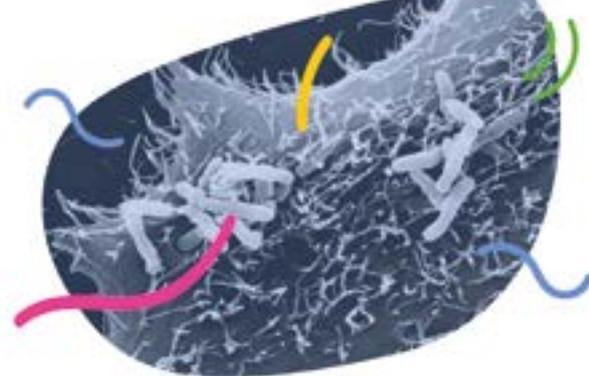
La aceituna de mesa es un sector muy importante en los países de la cuenca mediterránea, siendo un pilar vital para la economía del sur de Europa. Sin embargo, este producto presenta una serie de dificultades durante su elaboración, destacando entre ellas, la difícil imposición de los inóculos disponibles durante las primeras etapas de la fermentación. Para minimizar este problema, hemos evaluado el efecto de la adición de manoproteínas aisladas de diferentes levaduras pertenecientes a las especies *Wickerhamomyces anomalus*, *Candida boidinii* y *Lachancea thermotolerans*, sobre el crecimiento e imposición de bacterias lácticas (BAL) típicas de este tipo de elaboración. Primero se evaluó su efecto en medios de cultivo líquido sintético (MRS), posteriormente en salmueras de fermentación filtradas y rectificadas, y finalmente en fermentaciones de aceitunas verde estilo español o sevillano, con un cocido bastante agresivo, y que presentaban problemas para iniciar la fermentación. En todas estas pruebas, las manoproteínas se añadieron a una concentración de 200 mg/L y se usaron dos tratamientos control (sin la adición de manoproteínas y con la adición de un preparado comercial de manoproteínas Mannoplus®). Los resultados mostraron como todas las manoproteínas aumentaron el crecimiento de las BAL, destacando sobre todo los resultados obtenidos para las manoproteínas de *W. anomalus* F4.90.1. En el caso de la adición en fermentaciones de aceitunas, los tratamientos con manoproteínas volvieron a mostrar un desarrollo adecuado de las BAL inoculadas. Sin embargo, aquellos tratamientos sin la adición de manoproteínas tuvieron que ser reinoculados en dos ocasiones con el cultivo iniciador de BAL. Por lo tanto, la adición de manoproteínas en el momento de la inoculación de fermentaciones de aceituna de mesa podría mejorar considerablemente la implantación y desarrollo de BAL, abaratando los costes derivados de la reinoculación o paradas de fermentación.

Financiación

Proyecto PID2021-125864OA-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER "Una manera de hacer Europa". GR21062 financiado por la Consejería de Economía, Ciencia y Agenda Digital, Junta de Extremadura y la Unión Europea. Patricia Gil agradece su Ayuda predoctoral PD18051 financiada por Junta de Extremadura y FEDER.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#225 PROYECTO EU - H2020 - NOVATERRA: OPTIMIZACIÓN Y APLICACIÓN DE BIOFERTILIZANTES Y BIOESTIMULANTES EN LA FERTILIZACIÓN DE CULTIVOS MEDITERRÁNEOS

Gonzalo Sacristán ¹, Andrea Martín ¹, Carlos Rad ¹, Milagros Navarro ¹, Javier López ¹, Rocío Barros ¹, Raquel Abad ², Roberto Frías ³, Luis Carlos Moro ⁴, Felicidad De Herralde ⁵.

¹ (Universidad de Burgos, Burgos, España)

² (Corteva Agriscience Iberica, S.A., Madrid, España)

³ (Grupo La Rioja Alta S.A., Haro, La Rioja, España)

⁴ (Bodega Matarromera, S.L., Valladolid, España)

⁵ (Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias, IRTA, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

El Proyecto NOVATERRA pretende implementar prácticas agrícolas sostenibles en dos cultivos de gran importancia en el arco mediterráneo, el viñedo y el olivar. Como parte de este proyecto, la Universidad de Burgos lleva a cabo diversos ensayos en dichos cultivos en los que se están evaluando dos bioproductos con la finalidad de minimizar los riesgos ambientales asociados a la fertilización excesiva con fertilizantes nitrogenados. Se pretende evaluar la reducción de la fertilización inorgánica tradicional, incorporando un inhibidor de la nitrificación, Instinct con la tecnología Optynite™ (tesis OP30, con 70% de la fertilización, y OP40Bio, con 60% de la fertilización) en la cantidad y calidad de la cosecha. Además, en el tratamiento al 60% de reducción se incluye un formulado de base bacteriana como Bioestimulante (OP40Bio). Los ensayos en viñedo se han desarrollado en una parcela propiedad de Viñedos y Bodegas Áster, S.L. (D.O. Ribera del Duero) ubicado en Anguix (Burgos) durante las campañas 2021, 2022 y la presente 2023. En el caso del olivar se realizaron en la almazara OliDuero, de Bodega Matarromera (olivar ubicado en Quintanilla de Trigueros, Valladolid) durante la campaña 2022 y la presente 2023. En relación con el viñedo, la mayor producción en 2021 se obtuvo en el tratamiento OP30 (4.22 Kg/vid) mientras que en 2022 fue en el tratamiento OP40Bio (2.85 Kg/vid). En cuanto al olivar, el mayor valor de producción se obtuvo en el ensayo de fertilización inorgánica, IF (3.57 t/ha). Por tanto, de los resultados obtenidos, se desprende que la reducción en la carga fertilizante, tanto al 60 como al 70%, fue compensada por la aplicación de Instinct y/o el biostimulante, de forma que no se vio afectado el rendimiento ni la calidad de la producción de uva ni de la aceituna.

Financiación

The NOVATERRA project has received funding from the European Commission's Horizon 2020 Grant Agreement Number 101000554.



#252 SUPERVIVENCIA PATÓGENOS ALIMENTARIOS SOBRE SUPERFICIES DE ACERO INOXIDABLE: EVALUACIÓN DE LA EFICACIA DE UN RECUBRIMIENTO SUPERFICIAL ANTIBACTERIANO

Pilar López Abarquero¹, Lorena Horcajo Charzynska², Sagrario Ortiz Jareño¹, Cesar Maya Cerro³, Juan Luis Arqués Orobón¹, Joaquín Martínez Suárez¹.

¹ (INIA-CSIC, Madrid, España)

² (UCM, Madrid, España)

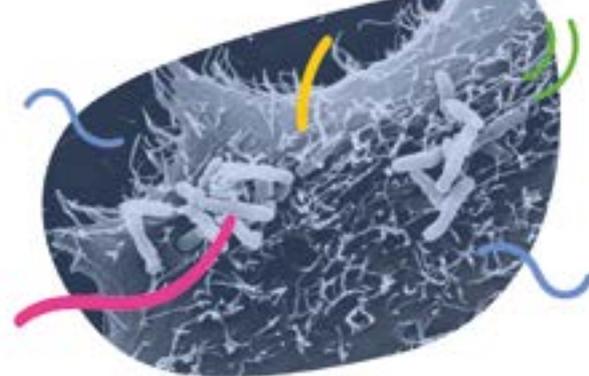
³ (UMBRELLA TECHNOLOGIES S.L., Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Se estudió la eficacia antibacteriana de un recubrimiento con certificado de “no migración en contacto con alimentos” (Umbrella-zero) evaluando la supervivencia de *Salmonella Typhimurium* sobre acero de grado alimentario. La eficacia antibacteriana se define como la capacidad de un recubrimiento de reducir el número de bacterias que se depositan sobre él y evitar su multiplicación. La eficacia del recubrimiento Umbrella-zero se determinó inicialmente mediante el recuento de células viables de *Staphylococcus aureus*, que es uno de los organismos incluidos en la Norma ISO 22196:2011 (Measurement of antibacterial activity on plastics and other non-porous surfaces). Siguiendo dicha Norma, se comparó el acero con recubrimiento antibacteriano con el acero control, tras la incubación a 35 °C durante 24 horas. Posteriormente se utilizó un organismo alternativo (*Salmonella Typhimurium*) y una temperatura similar a la utilizada en las plantas de procesamiento de alimentos (12 °C). En todos los casos se comprobó la eficacia del recubrimiento Umbrella-zero. Dado el número creciente de brotes de salmonelosis alimentarias, este ensayo de la eficacia bactericida de recubrimientos de acero inoxidable cobra especial relevancia, ya que permite evaluar nuevos métodos de control de la contaminación de los alimentos a partir de las superficies de contacto. Los recubrimientos bactericidas poseen el valor añadido de la reducción del uso de productos de limpieza y desinfección y del consumo de agua.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#286 ANÁLISIS METABÓLICO DE LEVADURAS HIBRIDABLES CON SACCHAROMYCES CEREVISIAE EN LA PRODUCCIÓN DE CERVEZA

David Roldán-López, Sandra Sánchez-Martí, Roberto Pérez-Torrado.

¹(Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Paterna, España)

Resumen de la comunicación

La cerveza es una de las bebidas alcohólicas más consumidas a nivel mundial. Se espera que en los próximos años se produzca un aumento en el consumo de cerveza con bajo contenido alcohólico debido a la nueva tendencia de los consumidores de seguir comportamientos más saludables. Una nueva vía para su obtención es el uso de levaduras no convencionales que muestren una menor producción de alcohol. Para ello, es necesario realizar estudios metabólicos en búsqueda de nuevos cultivos que presenten una menor producción de etanol pero que, a su vez, tengan un buen perfil fermentativo y aromático que haga posible su uso a nivel industrial.

En nuestro grupo se ha realizado un estudio metabólico sobre más de 300 cepas de levaduras que representan diferentes subpoblaciones dentro de las especies del género *Saccharomyces* (*S. cerevisiae*, *S. kudriavzevii*, *S. uvarum*, *S. eubayanus*, *S. paradoxus*, *S. jurei*, *S. mikatae* y *S. arboricola*) y dentro de otros géneros de la familia *Saccharomycetaceae* como *Kazachstania* y *Naumovozyma*. En definitiva, levaduras genéticamente cercanas a *S. cerevisiae* que puedan ser potencialmente hibridables con esta misma.

Las diferencias presentes en el consumo de los principales azúcares del mosto utilizado en la industria cervecera, la maltosa (~60%) y la maltotriosa (~20%), van a determinar las principales características del producto final. Se ha analizado el perfil fermentativo de las levaduras en estas condiciones mediante la medida de la producción de CO₂ y de los principales metabolitos. Este estudio ha revelado la variabilidad existente entre las diferentes poblaciones, lo que ofrece una amplia variedad de levaduras que podrían ser candidatas a ser explotadas industrialmente. Actualmente, las más interesantes se están utilizando en nuestro laboratorio para la generación de híbridos con el objetivo de conseguir la reducción del contenido alcohólico, generar nuevos perfiles aromáticos o solucionar otros problemas de la industria cervecera.

Financiación

Proyecto R + D + i PID2019-104113RB-I00, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 Ayuda para la formación de profesorado universitario 2020 Ref. FPU20/03119



#290 PREVALENCIA DE LISTERIA MONOCYTOGENES EN PLANTAS DE PROCESADO DE FRUTAS Y HORTALIZAS FRESCAS CORTADAS

Maria Isabel Gil , Pilar Truchado , Juan Antonio Tudela , Ana Allende.

¹(CEBAS-CSIC, Murcia, España)

Resumen de la comunicación

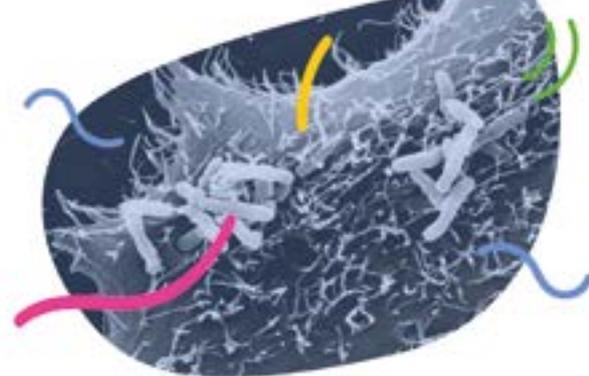
Listeria monocytogenes puede persistir en las plantas de procesamiento de frutas y hortalizas incluso tras los procedimientos estándares de limpieza y desinfección, contribuyendo a la contaminación del producto final. Con el fin de detectar posibles focos de contaminación ambiental de L. monocytogenes en las plantas de procesamiento de vegetales frescos, se realizó una monitorización ambiental (EM) en plantas de procesamiento de lechuga cortada, fruta cortada y ensaladas completas. En este caso, se optó por muestrear la línea después de terminar la jornada de trabajo, justo antes de su limpieza, con el fin de poder detectar aquellos puntos críticos de acumulación de la contaminación. La presencia de nichos de contaminación favoreció la transferencia de L. monocytogenes desde las superficies no en contacto directo con el alimento (non-FCS) a las superficies en contacto directo con el alimento (FCS). Se muestrearon 264 puntos en Zona 3, 132 puntos en Zona 2 y 195 puntos en la Zona 1. La prevalencia de L. monocytogenes fue del 51% (135/264), 14% (18/132) y del 13% (25/195) en la Zona 3, Zona 2 y Zona 1, respectivamente. La alta prevalencia de L. monocytogenes en FCS indicó la existencia de puntos de contaminación (cuchillas y tablas de corte), indicando que esta es una zona de alto riesgo. La secuenciación del genoma completo (WGS) de 100 aislados mostró dos secuencias tipo (ST6 y ST155), las cuales contienen genes de virulencia asociados a L. monocytogenes, siendo el serotipo ST155 el más abundante. La mayoría de los aislados del serotipo ST6, asociado con brotes de listeriosis en humanos, se asoció a la Zona 3. La alta prevalencia de L. monocytogenes en la Zona 3 indica las dificultades de limpieza y desinfección de estos puntos y la necesidad de mejorar las actividades de limpieza y desinfección del ambiente.

Financiación

Center for Produce Safety 2019CPS01, MICINN (PID2019-104931RB-I00) y Programa AGROALNEXT financiado por MCIN con fondos NextGenerationEU (PRTR-C17.11) y por la Fundación Séneca con fondos de la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia (CARM).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#301 RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN ENTEROCOCOS INTESTINALES AISLADOS DE HECES DE RATONES ALIMENTADOS CON DIFERENTES DIETAS ALTAS EN GRASA.

Natalia Andújar Tenorio¹, Antonio Cobo Molinos², Ana Ma Martínez Rodríguez¹, Marina Hidalgo Pestaña¹, Isabel Prieto Gómez¹, Antonio Gálvez Del Postigo Ruiz¹, Magdalena Martínez Cañamero¹.

¹(Universidad de Jaén, Jaén, España)

²(Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Previamente hemos comunicado estudios realizados en una colección de enterococos intestinales aislados en nuestro laboratorio a partir de un experimento de intervención nutricional en ratones Swiss Webster. Para ello se recogieron muestras de heces de cuatro grupos de ratones alimentados con diferentes dietas ricas en grasa (aceite de oliva virgen extra (AOVE), aceite de oliva refinado, mantequilla y otro grupo con dieta estándar) en tres tiempos (al inicio, a las seis y doce semanas desde el inicio del experimento (Prieto y col. 2018; Andújar-Tenorio y col. 2022)). A partir de estas muestras se han aislado e identificado diferentes cepas de enterococos y parte de esta colección fue publicada anteriormente (Sánchez y col. 2019). Con posterioridad, se ha aumentado el conjunto de cepas hasta un total de 75 con genotipado único y se han sometido globalmente a un estudio comparativo sobre la influencia de la dieta en la resistencia a antibióticos de los aislados. Todos los antibióticos evaluados presentaron resistencias y dos terceras partes de las cepas eran resistentes a cinco o más antibióticos. Para poder comparar el efecto de las distintas dietas, se calculó el porcentaje de antibióticos a los que cada cepa era resistente, se agruparon según dieta o tiempo de experimentación y se sometieron a un análisis de Kruskal-Wallis. Las cepas aisladas de ratones sometidos a dieta estándar presentaron menos resistencias que las dietas altas en grasas, siendo especialmente significativo en la comparación por pares con el aceite refinado ($p=0.008$) y al 10% con la mantequilla ($p=0.0621$). Estos resultados están en línea con los publicados previamente por nosotros y hacen más robusta nuestra hipótesis de que las dietas altas en grasa favorecen la selección de la resistencia a antibióticos en las cepas intestinales.

Financiación

Plan propio de la UJA (Acción 1b) y Junta de Andalucía PI Excelencia 2010_AGR 6340

Referencias

Andújar-Tenorio y col. (2022) *PLoS ONE* 17(8): e0271634 Prieto y col. (2018) *PLoS ONE* 13(1) e0190368 Sánchez y col. (2019) *Int. J. Mol. Sci.* 20, 4290



#305 SEPARATE STERILIZATION OF AGAR AND OTHER MEDIUM COMPONENTS REDUCING AGAR CONCENTRATION TO IMPROVE THE POUR PLATE METHOD

Ines Terrones Fernandez^{1,2}, Asuncion Lopez¹, Pedro Xavier Gámez³, Daniel Asensio⁴, Nuria Piqué⁵, Robert Castilla⁶, Sara Peiró⁷.

¹ (reactivos para diagnostico S.L., Sentmenat, España)

² (Universidad politecnica de Catalunya, terrassa, España)

³ (Universitat politècnica de Catalunya, Terrassa, España)

⁴ (Reactivos para diagnóstico S.L., Sentmenat, España)

⁵ (Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

⁶ (Universitat Politècnica de Catalunya, Terrassa, España)

⁷ (Reactivos para diagnóstico, Sentmenat, España)

Resumen de la comunicación

The pour plate method has been employed in microbiological quality control during centuries without changing the methodology which has many costs as in consuming media and staff. In this study, the modification of the culture medium by sterilizing separately the agar component and the nutrients and the reduction of the agar concentration (10 g/L) gave an insight of how it can be changed the format presentation without changing the performance of the medium. The new protocol was assessed in media frequently used in microbiological quality control of food, cosmetics, and pharmaceutical products, with tryptic soy agar (TSA), Sabouraud 4% dextrose agar (SDA), and violet red bile glucose agar (VRBG). The modifications significantly improved in every culture media. In SDA it was improved the growth of *Saccharomyces cerevisiae* while in TSA it was improved in *Staphylococcus aureus*, *Salmonella enterica* subsp. *Enterica* serovar *Typhimurium*, and *Candida albicans* in TSA. In VRBG the microorganisms which growth was improved were *Escherichia coli* ATCC 8739 and ATC 25922 and *S. Typhimurium*. The selectivity of VRBG was also enhanced for *Pseudomonas aeruginosa*. These modifications could facilitate the automation of this culture technique promoting the developing of an automated pour equipment.

Financiación

Doctorats industrials (2021 DI 42) from Generalitat de Catalunya

Referencias

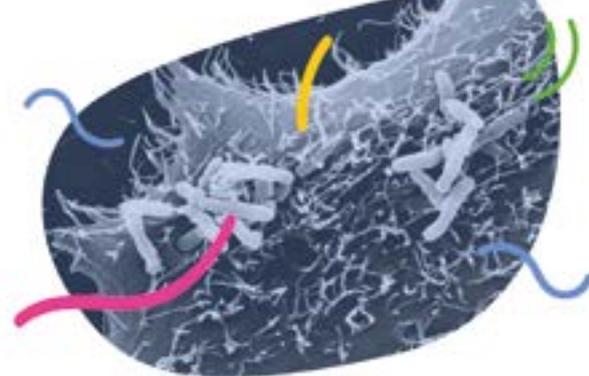
Terrones-Fernandez I, Casino P, López A, Peiró S, Ríos S, Nardi-Ricart A, García-Montoya E, Asensio D, Marqués AM, Castilla R, Gamez-Montero PJ, Piqué N. Improvement of the Pour Plate Method by Separate Sterilization of Agar and Other Medium Components and Reduction of the Agar Concentration. *Microbiol Spectr.* 2023 Feb 14;11(1):e0316122. doi: 10.1128/spectrum.03161-22. Epub 2023 Jan 10. PMID: 36625633; PMCID: PMC9927588.

Kato S, Yamagishi A, Daimon S, Kawasaki K, Tamaki H, Kitagawa W, Abe A, Tanaka M, Sone T, Asano K, Kamagata Y. Isolation of Previously Uncultured Slow-Growing Bacteria by Using a Simple Modification in the Preparation of Agar Media. *Appl Environ Microbiol.* 2018 Sep 17;84(19):e00807-18. doi: 10.1128/AEM.00807-18. PMID: 30030229; PMCID: PMC6146985.

Kato S, Terashima M, Yama A, Sato M, Kitagawa W, Kawasaki K, Kamagata Y. Improved Isolation of Uncultured Anaerobic Bacteria using Medium Prepared with Separate Sterilization of Agar and Phosphate. *Microbes Environ.* 2020;35(1):ME19060. doi: 10.1264/jsme2.ME19060. PMID: 32009018; PMCID: PMC7104283.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#306 PRINCIPALES AGENTES CAUSANTES DE LA MASTITIS CAPRINA: ANÁLISIS EN LECHE DE TANQUE Y ANIMALES INDIVIDUALES

Joaquín Rodríguez Pinilla¹, Felipe Roberto Molina Rodríguez², María Vizcaíno Rodríguez¹, Alfredo García Sánchez¹, Rafael Tabla Sevillano¹.

¹(Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura - Cicytex, Badajoz, España)

²(Universidad de Extremadura, Badajoz, España)

Resumen de la comunicación

Existen una gran variedad de microorganismos implicados en la aparición de infecciones intramamarias (IMIs) en pequeños rumiantes. Entre ellos son las especies pertenecientes al género *Staphylococcus* las más habitualmente asociados a la aparición de mastitis en cabras, siendo especialmente relevante *S. aureus*.

El objetivo de este trabajo ha sido analizar la presencia de los grupos bacterianos más comúnmente vinculados a la aparición de IMIs tanto en animales individuales como en la leche del tanque de la explotación. Asimismo, se realizó la tipificación de los aislados de *S. aureus* mediante métodos genotípicos y fenotípicos.

En el estudio de los animales individuales se evaluaron 157 muestras de leche procedentes de tres ganaderías mediante cultivo en medios selectivos cromogénicos para *Staphylococcus* spp., *Streptococcus* spp. y enterobacterias. Por otra parte, se llevó a cabo el análisis de la leche de tanque realizando tres muestreos durante un periodo de lactación en 9 ganaderías con antecedentes de IMIs. En este caso, la cuantificación de las poblaciones se realizó en medios de cultivo selectivos. A partir de los medios de cultivo selectivos frente a *Staphylococcus* spp. se aislaron las colonias con aspecto típico correspondiente a *S. aureus*, cuya identificación fue confirmada mediante test bioquímicos y PCR (nuc y 23S rRNA).

El 50,95% de las cabras evaluadas mostraron IMI por al menos uno de los grupos bacterianos analizados, siendo *Staphylococcus* spp. el más frecuente. En la leche de tanque fue este mismo grupo bacteriano el que mostró unas mayores poblaciones en los recuentos realizados. La mayoría de las cepas confirmadas como *S. aureus* se encontraron en la leche de tanque. El estudio de tipificación mediante fingerprinting de proteínas permitió clasificar las cepas de *S. aureus* en 18 grupos en base a la similitud de los patrones de bandas obtenidos. Asimismo el análisis RAPD-PCR resultó en 24 perfiles diferentes.

Financiación

Proyecto IB20113 (Mastitis en ganado caprino: identificación de los principales agentes causales y biocontrol de *Staphylococcus aureus*) de la Comunidad Autónoma de Extremadura. Cofinanciado por el Fondo europeo de Desarrollo regional.

Hipervínculo

https://drive.google.com/file/d/1-QQg02CvS2egvx6F3fZJtoN_DCiC7GQr/view?usp=share_link



#322 ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE EXTRACTOS DE HOJAS DE GUAVIDUCA (PIPER CARPUNYA)

Ana María Díez Maté¹, Jorge Felipe Reyes Bueno², Beatriz Melero Gil¹, Carolina Bocigas Martín¹, Jordi Rovira Carballido¹, Isabel Jaime Moreno¹.

¹(Universidad de Burgos, Burgos, España)

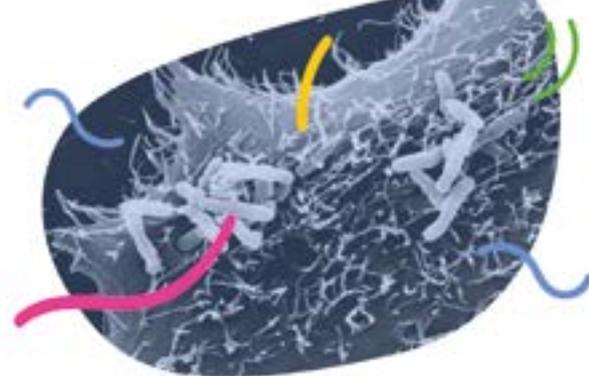
²(Universidad de Loja, Loja, Ecuador)

Resumen de la comunicación

Ecuador es un país con gran biodiversidad, siendo una inestimable fuente de recursos naturales. Algunas plantas como la Guaviduca (*Piper carpunya*) son utilizadas por algunos grupos étnicos ecuatorianos, que le atribuyen diversas propiedades, entre ellas un efecto antimicrobiano. En este trabajo, se evaluó el efecto de 4 extractos de esta especie frente a 20 cepas de microorganismos patógenos y deteriorantes de los alimentos. Las bacterias estudiadas fueron *Salmonella enterica*, *Escherichia coli*, *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, *Campylobacter jejuni*, *Listeria monocytogenes*, *Listeria innocua*, *Shigella sonnei*, *Yersinia enterocolitica*, *Vibrio alginolyticus*, *Shewanella putrefaciens*, *Shewanella sp.*, *Enterococcus faecalis*, *Aeromonas caviae*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Weissella viridescens*, *Pseudomonas putida*, *Pseudomonas fluorescens* y *Brochothrix thermosphacta*. Para determinar la actividad antimicrobiana, se utilizó el método de difusión en agar. Los cuatro extractos de *P. carpunya* fueron: extraído con agua y atomizado (PcATOM), extraído con agua y liofilizado (PcH₂O), extraído con etanol-agua 1:1 (PcETOH-H₂O) y extraído con etanol (PcETOH). Los dos últimos se evaporaron en rotavapor y se liofilizaron. La concentración del extracto fue 80 mg/mL (solución Agua:DMSO, 1:1). Posteriormente, para las cepas sensibles a los extractos se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI), con concentraciones de 40, 20, 10 y 5 mg de extracto/mL de solución. El extracto PcETOH presentó el mayor efecto antimicrobiano frente a *Bacillus cereus*, *Listeria innocua*, *Yersinia enterocolitica*, *Shewanella sp.*, *Shewanella putrefaciens*, *Clostridium perfringens* y *Campylobacter jejuni* (MIC 80, 80, 40, 20, 20, 10 y 20 mg/mL, respectivamente), seguido por PcETOH-H₂O con efecto sobre *Yersinia enterocolitica*, *Brochothrix thermosphacta*, *Clostridium perfringens* y *Campylobacter jejuni* (MIC 40, 80, 20, 80 mg/mL, respectivamente) y el extracto PcH₂O que afecta a *Bacillus cereus*, *Brochothrix thermosphacta* y *Clostridium perfringens* (MIC 40, 80 y 80, respectivamente). Se puede concluir, por tanto, que el extracto de *Piper carpunya* obtenido con etanol es el más prometedor para uso en industria alimentaria.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#337 ESTUDIO DEL EFECTO ANTIMICROBIANO DEL HOLLEJO DE UVA BLANCA ADICIONADO EN HAMBURGUESAS DE POLLO INOCULADAS CON CAMPYLOBACTER JEJUNI.

Inés Cuesta Gil.

¹(Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

La infección por *Campylobacter* es la mayor causa de gastroenteritis bacteriana humana en todo el mundo, suponiendo un importante coste económico y de salud pública. *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli* destacan por ser las principales especies responsables de la campilobacteriosis humana. Estos microorganismos están ampliamente distribuidos en el medio ambiente, siendo las aves su principal reservorio. Es por ello por lo que el consumo de carne de pollo supone la principal fuente de infección por *C. jejuni*. Además, esta enfermedad es característicamente estacional y en forma de casos aislados, lo que hace difícil su seguimiento y detección. Por todo ello, es importante encontrar una solución para controlar la distribución y el crecimiento de *Campylobacter* en los productos cárnicos, con especial énfasis en la carne de pollo. Una posible solución son los productos naturales con propiedades antimicrobianas, ya que cada vez el consumidor los demanda más por encima de otros de origen sintético, por lo que el uso de especias como el hollejo de uva blanca podrían ser bien aceptados, contribuyendo a su vez a disminuir los desechos derivados del proceso de vinificación. Sumadas a las ventajas medioambientales y económicas, al estudiar el efecto antimicrobiano de este subproducto mediante un challenge test de 19 días, se observó que se alargaba ligeramente la vida útil de hamburguesas de carne de pollo envasadas en atmósfera modificada al incluirlo como especia, además de reducirse el microorganismo *C. jejuni* inoculado por debajo del límite de cuantificación (1 log ufc/g) tras 15 días de refrigeración a 4 °C.



#337 INCIDENCIA DE HONGOS PRODUCTORES DE MICOTOXINAS EN UVAS ECOLÓGICAS

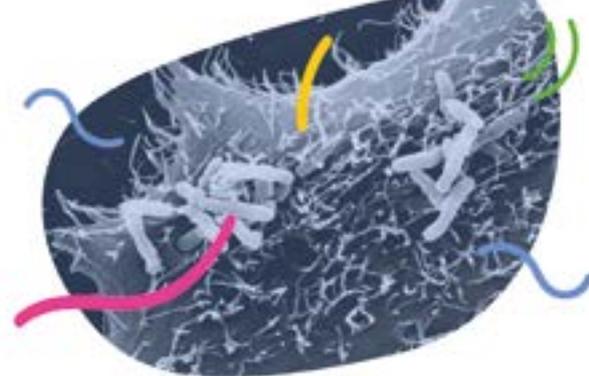
Clara Melguizo, Belén Patiño, Covadonga Vázquez, Jéssica Gil-Serna I.

¹(Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, España jgilsern@ucm.es)

Resumen de la comunicación

Las micotoxinas son metabolitos secundarios producidos por algunas especies fúngicas. Debido a su impacto sobre la salud humana y animal, sus niveles máximos están estrictamente legislados lo que supone grandes pérdidas económicas en las cosechas contaminadas. España cuenta con el 13% de las hectáreas de viñedo cultivado a nivel mundial, situándose en la cabeza del viñedo ecológico con casi el 27% de la producción. Las especies productoras de ocratoxina A *Aspergillus carbonarius* y *Aspergillus niger* han sido tradicionalmente las más frecuentemente encontradas en viñedo, siendo la ocratoxina A la única micotoxina legislada en vino. Sin embargo, el cambio climático podría alterar la presencia de las especies fúngicas aumentando la incidencia de otras como *A. flavus*, productora de aflatoxina B1. Hasta el momento no se había estudiado la contaminación por hongos toxígenos en viñedos de manejo ecológico en España.

En este estudio se analizó por PCR específica la presencia de seis de las especies toxígenas más importantes: *A. carbonarius*, *A. flavus*, *A. parasiticus*, *A. niger*, *A. westerdijkiae* y *A. steynii* en 61 muestras de uvas de viñedos ecológicos de distintas regiones de España del año 2021. La especie con el mayor porcentaje de incidencia fue *A. flavus* (70% de las muestras contaminadas) seguida de *A. parasiticus* y *A. niger* con una incidencia del 28% y 23%, respectivamente. El resto de las especies presentaron un porcentaje de incidencia menor al 20%, siendo *A. carbonarius* la especie menos frecuentemente detectada (12%). El 32% de las muestras presentaron al menos una especie fúngica, mientras que un 21% y un 18% del total de muestras fueron positivas para 2 o 3 especies fúngicas, respectivamente. Estos datos corroboran el cambio de tendencia en la incidencia de las especies toxígenas en el viñedo, con un incremento significativo de las especies aflatoxígenas *A. flavus* y *A. parasiticus*.



COMUNICACIONES PÓSTER

Microbiología de Plantas

#7 HONGOS FORMADORES DE MICORRIZAS ARBUSCULARES (HFMA) EN LA ABSORCIÓN NUTRICIONAL DE LA CAÑA DE AZÚCAR PARA LA PRODUCCIÓN DE PANELA

Wilmar Alexander Wilches Ortiz, María Margarita ramirez Gomez, Diana Paola Serralde Ordoñez, Andrea María Peñaranda Rolon, Luciano Ramirez.

¹ (AGROSAVIA, Mosquera, Colombia)

Resumen de la comunicación

En Colombia la panela (Azúcar no centrifugado-ANC) es obtenida por concentración a partir de extracción de jugos de la caña azucarera (Wilches-Ortiz et al., 2022). De acuerdo con las cifras del balance alimentario, el consumo promedio per cápita es de 24,8 kg.año⁻¹, con aportes de proteínas de 0,68 g.día⁻¹ y cerca de 23 kilocalorías.persona.día⁻¹, que refleja cerca del 8% del consumo calórico de la población (FAO, 2018). El área anual de caña para la producción de panela es de 192.863 ha con rendimiento de 6.5 t ha⁻¹ (MinAgricultura, 2021). Los HFMA se asocian con algunas plantas mejorando el intercambio y movilidad de nutrientes, contribuyendo en la sostenibilidad agrícola. El objetivo fue evaluar la absorción de nutrientes con HFMA en las variedades de caña CC 93-7711 (Pierna Bella) y CC 93-7510 (Vende Finca) en la localidad de Suaita (Santander, Colombia), para lo cual se estableció un diseño de bloques completos al azar, con tres repeticiones y cuatro tratamientos que corresponden a T1: *Rhizophagus irregularis*, T2: *Acaulospora mellea*, T3: Control 50% y T4: Control 100% de la fertilización. Se analizó altura, diámetro del tallo, absorción de nutrientes y materia seca en plantas de caña. Se presentaron diferencias significativas en la variedad CC93-7711 en la absorción de N, S, Fe, Mn con el T2 y en la variedad 93-7510 en la absorción de Mn. Se presentó correlación positiva entre *A. mellea* con la absorción de Na, Cu, Mn, S, N y P y *R. irregularis* con Mg, Fe y Ca. Las dos variedades presentaron valores más altos con T1 y T2 respecto a los controles en las variables de altura, diámetro y materia seca. Por lo anterior se puede concluir que los HFMA pueden sustituir parcialmente la fertilización de síntesis, haciéndola más efectiva, promoviendo plantas mejor nutridas con mayor producción de biomasa.

Financiación

Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia - MADR

Referencias

- FAO. (2018). Base de datos balance alimentario. FAOSTAT. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/FBS>
- MinAgricultura. (2021). Cadena agroindustrial de la panela PECTIA. Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural 2021, 0-30. <https://sioc.minagricultura.gov.co/Panela/Documentos/2021-06-30%20Cifras%20Sectoriales.pdf>
- Wilches-Ortiz, W. A., Ramirez Gómez, M. M., Reyes Mendez, L. M., Perez Moncada, U. A., Serralde Ordoñez, D. P., & Peñaranda Rolon, A. M. (2022). Hongos formadores de micorrizas arbusculares en caña de azúcar y su relación en calidad y rendimiento de panela. *Revista Centro Azúcar*, 49(3), 78-89. http://centrozucar.uclv.edu.cu/index.php/centro_azucar/article/view/716



#20 AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS SOLUBILIZADORAS DE FOSFATO COMO MEJORA DEL DESARROLLO DE CULTIVO DE CEBADA

Ana María Ibáñez Sánchez, Carlos Barreiro Méndez, Alba Diez Galán, Rebeca Cobos Román, Carla Calvo Peña, Juan José Rubio Coque.

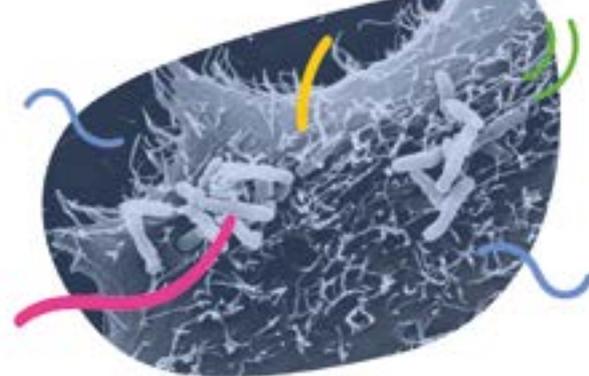
¹ (Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

Introducción De media, menos del 1% del fósforo total presente en los suelos está disponible para las plantas, lo que lo convierte en uno de los macronutrientes más limitantes para la productividad de los cultivos en el mundo. Aunque el fósforo es un recurso limitado y no renovable, la necesidad de aumentar la producción de cultivos ha conducido a una intensificación de los insumos químicos, haciendo que conceptos como sostenibilidad y mitigación del impacto ambiental pasen a un primer plano, siendo los biofertilizantes los protagonistas en el marco agrícola. **Objetivos** El objetivo fue aislar y seleccionar bacterias solubilizadoras de fosfato (PSB) de la rizosfera de cebada, y analizar otras propiedades promotoras del crecimiento que podrían estar implicados en el incremento de la productividad del cultivo. **Materiales y métodos** Las bacterias se aislaron específicamente de la rizosfera de plantas de cebada. Se comprobó la solubilización de fosfato de todas las cepas (se ensayó la producción de fosfatasa, fitasa y ácido orgánico), su actividad antifúngica (*Alternaria* spp., *Botrytis cinerea*, *Fusarium oxysporum*, *Nigrospora oryzae*, *Pleospora herbarum* y *Rhizoctonia solani*), producción de sideróforos, solubilización de zinc y potasio, producción de ácido indolacético y HCN. Se analizó el efecto de las cepas sobre el desarrollo del cultivo de cebada en un experimento en invernadero, y se determinó: el fosfato asimilado y el peso seco de espigas, parte radicular y parte aérea, y el contenido de almidón se determinó en los granos de cebada. **Conclusiones** Se seleccionaron nueve cepas de un total de 104 aislados. Entre ellos, *Advenella mimigardefordensis*, *Bacillus cereus*, *Bacillus megaterium* y *Burkholderia fungorum* fueron capaces de mejorar significativamente los niveles de fósforo asimilado, el peso seco de la parte aérea y las espigas y el almidón total acumulado en las espigas en comparación con las plantas de cebada control no inoculadas.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#24 RIZOBACTERIAS PROMOTORAS DEL CRECIMIENTO VEGETAL MEJORAN EL RENDIMIENTO EN MAÍZ BAJO CONDICIONES DE DÉFICIT HÍDRICO EN EL CARIBE SECO COLOMBIANO

Luis Fernando Gómez Ramírez¹, Jorge Leonardo Abril Castro¹, Andrés Eduardo Moreno Galván², Germán Andrés Estrada Bonilla², Daniel Uribe Vélez³.

¹(AGROSAVIA, Agustín Codazzi, Cesar, Colombia)

²(AGROSAVIA, Bogotá D.c., Colombia)

³(Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.c., Colombia)

Resumen de la comunicación

La sequía es una de las condiciones de estrés abiótico con mayor impacto sobre la agricultura, generando pérdidas del 50% en cultivos de interés como el maíz. Este escenario es más preocupante bajo las condiciones de déficit hídrico del Caribe seco colombiano. El uso de bacterias ha demostrado ser una estrategia promisoría para mejorar la respuesta al estrés por sequía en cultivos. Se evaluó el efecto de la inoculación de bacterias promotoras de crecimiento vegetal-PGPR sobre parámetros productivos de maíz variedad ICA V-109 bajo condiciones de estrés hídrico, en campo. El experimento se realizó en el Centro de Investigación Mutilonia de Agrosavia, Agustín Codazzi, Colombia, en época seca. Se utilizó un diseño en bloques completos al azar con seis tratamientos y tres replicas experimentales: dos cepas de *Pseudomonas*-PSL80 y -PSL63, dos de *Bacillus*-XT17 y -XT14, y un testigo sin inoculación bajo estrés hídrico, además de un testigo irrigado. Al final del ciclo de cultivo se midió la altura de plantas, peso seco de raíz, rendimiento de forraje fresco, rendimiento de mazorca, índice de cosecha y porcentaje de materia seca. Se evidenció un claro efecto negativo de la sequía, reduciendo el rendimiento de forraje y mazorca hasta en un 16,2 y 21,6%, respectivamente. En condiciones de estrés hídrico, la cepa XT14 estimuló una mayor producción de forraje y mazorca por unidad de área, con valores de 50,5 y 14,2 t/ha, con respecto al tratamiento testigo sin inoculación, que presentó valores de 48,3 y 13,0 t/ha, respectivamente ($p>0,05$). Bajo estas mismas condiciones, las cepas XT17 y PSL80 incrementaron el porcentaje de materia seca en un 14,0 y 13,2%, respectivamente. La implementación de PGPRs constituye una alternativa para incrementar la producción y proteger el cultivo de maíz frente a los efectos de la sequía en el Caribe seco colombiano.

Financiación

Proyecto "Mitigación del déficit hídrico en la producción de maíz forrajero en el Caribe seco mediante el uso de bioestimulantes" financiado por la Universidad Nacional de Colombia y La Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-AGROSAVIA mediante la convocatoria conjunta de proyectos de investigación, desarrollo e innovación I+D+i del sector agropecuario CI20200014 - 2020.



**#27 ASSOCIATION OF SEED MICROBIOTA COMPOSITION WITH FLOWERING TIME
OPENS A NEW STRATEGY TO IMPROVE DROUGHT TOLERANCE IN BLUE LUPIN.**

Natalia González Benítez, Carlos Lara Romero, Alfredo García Fernández, María Del Carmen Molina Cobos, Pilar Martínez Hidalgo, Sandra Sacristán Bajo, Jose María Iriondo Alegría

¹(Universidad Rey Juan Carlos, Móstoles, España)

Resumen de la comunicación

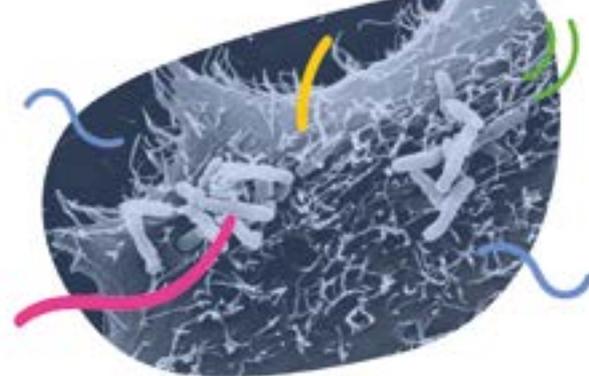
Recent works show that plants have driven different functional strategies to avoid drought and minimize its effects, including trait adaptations, or unique species phenotypes. Some of them include interactions between the plant and its microbiome that can modify the metabolic functions and phenotypic expression of their plant hosts. Part of the plant microbiome is necessary for plant survival and is often vertically transmitted through the seeds. The main goal of this work was to study the seed microbiome of wild populations of the annual legume blue lupin (*Lupinus angustifolius* L.) as a model to assess its potential links with phenotypic expressions (i.e., advance in flowering time) associated to drought tolerance. Seeds of *L.angustifolius* showed a wide range of taxonomical and functional diversity of total and culturable bacteria with promoting growth plant bacteria (PGPB) characteristics. Early flowering was associated with the presence of genera *Bacillus*, *Enhydrobacter*, *Lactobacillus*, *Conchiformibius*, *Flavobacterium*, *Geodermatophilus*, *Paracoccus*, *Craurococcus* *Caldovatus*, and *Corynebacterium* (in decreasing order of importance), whereas late flowering was strongly associated with the presence of *Kouleothrix*. All bacteria correlated with early flowering were identified previously as PGPBs and with antifungal or antibacterial activity against pathogens. The identification of associations between seed microbiota and functional traits of crop wild relatives (CWR) opens a promising avenue for the transfer of seed microbiota-enhanced traits to crops, which may be of great value for drought adaptation. Therefore, modulation of seed microbiomes to achieve improved drought tolerance of daughter plants could be an ecological tool to improve food security and decrease the impact on natural and agricultural ecosystems (SDGs 2, 13 and 15).

Financiación

Proyecto del Ministerio PID2021-127841OA-I00. ADAPTACION A LA SEQUIA EN PARIENTES SILVESTRES DE LOS CULTIVOS: UNA APROXIMACION INTEGRADORA

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#31 PAPEL DE LA MICROBIOTA RADICULAR EN EL DECAIMIENTO DE PINUS SYLVESTRIS EN EL PARQUE

Ana V Lasa, Pablo J Villadas Latorre, Antonio José Fernández González, Manuel Fernández López.

¹(Estación Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), Granada, España)

Resumen de la comunicación

El decaimiento forestal es un fenómeno complejo que se caracteriza por un deterioro generalizado de las masas forestales que puede incluso culminar con la muerte de los árboles. Las formaciones de la especie *Pinus sylvestris* se están viendo en zonas próximas a su límite más meridional de distribución, el Parque Nacional de Sierra Nevada (Granada); sin embargo, es desconocido. En este trabajo se estudió el rol de la microbiota que habita la rizosfera y la endosfera radicular en la sucesión masiva de la región hipervariable V3-V4 del gen bacteriano 16S rRNA y la región ITS2 fúngica². La microbiota (bacterias y hongos, rizosfera y endosfera) resultó estadísticamente diferente cuando se compararon árboles sanos. Sin embargo, no pudieron observarse diferencias en el caso de las poblaciones bacterianas de la endosfera. Los resultados fueron diferentes: los géneros bacterianos *Pseudarthrobacter*, *Neobacillus*, *Rhizobacter*, entre otros, fueron más abundantes en el decaimiento que en los sanos, observándose la misma diferencia para *Neobacillus* en el interior de la raíz. Por otro lado, en el decaimiento fueron significativamente más ricos en los géneros fúngicos *Pleomonodictys*, *Archaeorhizomyces* y *Toenhermania*. Los árboles enfermos se encontraban más enriquecidos en *Illyonectria*, *Agaricus* y también *Pleomonodictys*. A su vez, las redes de microorganismos, también resultaron diferentes entre ejemplares en decaimiento y árboles sanos. Miembros de los decaimientos de forma directa o indirecta en el decaimiento de *P. sylvestris*, siendo éste el primer trabajo que estudia de forma directa a los afectados por decaimiento de la especie.

Financiación

El presente trabajo ha sido desarrollado en el marco del proyecto SUMHAL, el cual se encuentra financiado por el través de los Fondos Europeos de Desarrollo Regional (FEDER) [SUMHAL, LIFEWATCH-2019-09-CSI]

Referencias

- 1 Junta de Andalucía. Consejería de Sostenibilidad, Medio Ambiente y Economía Azul. <https://www.juntadeandalucia.es/medioambiente/portal/areas-tematicas/medio-forestal/sanidad-forestal/seca-y-deca>
- 2 Lasa y cols. (2022) *Science of the Total Environment* 832: 155007



#32 EXPLORANDO LA DIVERSIDAD MICROBIANA EN LAS SEMILLAS DEL OLIVO

Nuria M. Wentzien¹, Antonio J. Fernández González¹, Antonio Valverde Corredor², Ana V. Lasa¹, Pablo J. Villadas Latorre¹, Manuel Fernández López¹, Jesús Mercado Blanco^{1,2}.

¹(Departamento de Microbiología del Suelo y la Planta, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada, España)

²(Departamento de Protección de Cultivos, Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC), Córdoba, España)

Resumen de la comunicación

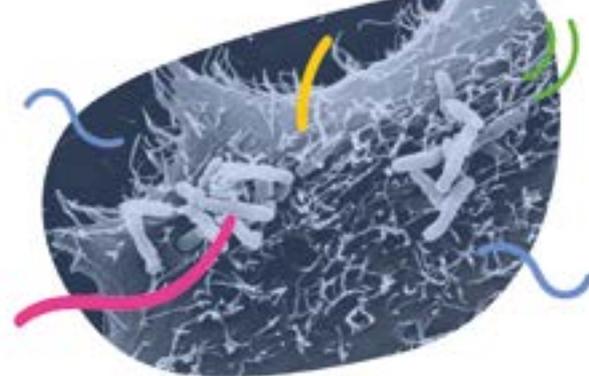
La relación de la planta y su microbioma acompañante está ampliamente reconocida como un componente clave para la salud vegetal. Sin embargo, el estudio de la microbiota de semillas es un campo aún poco explorado y, en el caso del olivar, totalmente desconocido. Presentamos el primer estudio destinado a caracterizar las comunidades bacteriana y fúngica presentes en semillas de olivo, y a identificar un posible reservorio de endófitos beneficiosos con potencial agrobiotecnológico y en programas de mejora genética de esta leñosa. Se eligieron 10 genotipos de olivo de la Colección Mundial de Germoplasma del Olivo (IFAPA, Córdoba) de diferentes orígenes geográficos, de los que se muestrearon 10 semillas por genotipo. Se diseñó un protocolo específico para la extracción de las semillas, obtención de su ADN y eliminación de secuencias de ADN de la planta. Los resultados obtenidos muestran la presencia de una microbiota diversa, siendo el genotipo el principal factor diferenciador de las comunidades microbianas. El phylum bacteriano más abundante fue Actinobacteria, con una abundancia relativa media del 40.68%. A nivel de género destacó *Streptomyces* por la relación encontrada entre su abundancia relativa y la estructura de la comunidad según la diversidad β . Por su parte, en la comunidad fúngica prevalecieron Basidiomycota y Ascomycota. Sin embargo, tres variedades (Frantoio, Barnea y Kalinjot) se caracterizaron por presentar una baja abundancia relativa de Glomeromycota (0.15% de promedio). A nivel de género, destacaron *Malassezia*, *Cladosporium* y *Mycosphaerella*. La comparación de estos datos con resultados anteriores sobre la endosfera de la raíz de los mismos árboles, revela una posible transmisión vertical, compartiendo géneros como *Streptomyces*, *Sphingomonas*, *Nocardia*, *Micromonospora* y *Malassezia*. Con estos resultados, demostramos que la semilla del olivo presenta una comunidad microbiana diversa que varía según el genotipo y que alberga microorganismos con potencial en aplicaciones agrobiotecnológicas.

Financiación

Financiado por el proyecto PID2019-106283RB-I00 (MICIU/AEI)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#38 LOS TRES BIOINDICADORES BACTERIANOS DE LOS INCENDIOS FORESTALES A LARGO PLAZO

Antonio José Fernández González¹, Ana Vicente Lasa¹, José Francisco Cobo Díaz², Pablo José Villadas Latorre¹, Antonio Jesús Pérez Luque¹, Fernando Manuel García Rodríguez¹, Manuel Fernández López¹.

¹(Estación Experimental del Zaidín - CSIC, Granada, España)

²(Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

La relación de la planta y su microbioma acompañante está ampliamente reconocida como un componente clave para la salud vegetal. Sin embargo, el estudio de la microbiota de semillas es un campo aún poco explorado y, en el caso del olivar, totalmente desconocido. Presentamos el primer estudio destinado a caracterizar las comunidades bacteriana y fúngica presentes en semillas de olivo, y a identificar un posible reservorio de endófitos beneficiosos con potencial agrobiotecnológico y en programas de mejora genética de esta leñosa. Se eligieron 10 genotipos de olivo de la Colección Mundial de Germoplasma del Olivo (IFAPA, Córdoba) de diferentes orígenes geográficos, de los que se muestrearon 10 semillas por genotipo. Se diseñó un protocolo específico para la extracción de las semillas, obtención de su ADN y eliminación de secuencias de ADN de la planta. Los resultados obtenidos muestran la presencia de una microbiota diversa, siendo el genotipo el principal factor diferenciador de las comunidades microbianas. El phylum bacteriano más abundante fue Actinobacteria, con una abundancia relativa media del 40.68%. A nivel de género destacó *Streptomyces* por la relación encontrada entre su abundancia relativa y la estructura de la comunidad según la diversidad β . Por su parte, en la comunidad fúngica prevalecieron Basidiomycota y Ascomycota. Sin embargo, tres variedades (Frantoio, Barnea y Kalinjot) se caracterizaron por presentar una baja abundancia relativa de Glomeromycota (0.15% de promedio). A nivel de género, destacaron *Malassezia*, *Cladosporium* y *Mycosphaerella*. La comparación de estos datos con resultados anteriores sobre la endosfera de la raíz de los mismos árboles, revela una posible transmisión vertical, compartiendo géneros como *Streptomyces*, *Sphingomonas*, *Nocardia*, *Micromonospora* y *Malassezia*. Con estos resultados, demostramos que la semilla del olivo presenta una comunidad microbiana diversa que varía según el genotipo y que alberga microorganismos con potencial en aplicaciones agrobiotecnológicas.

Financiación

Esta investigación ha sido financiada por los siguientes proyectos: P08-CVI-03549 de la Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa del Gobierno Autónomo de Andalucía; OAPN 021/2007 del Organismo Autónomo de Parques Nacionales (Ministerio de Medioambiente); 20134R069, RECUPERA 2020 del Ministerio de Economía y Competitividad y el CSIC, y por el proyecto SUMHAL (LifeWatch-2019-09-CSIC-4, POPE 2014-2020) del Ministerio de Ciencia e Innovación, cofinanciados con fondos FEDER (European Regional Development Fund).

Hipervínculo

<https://grupos.eez.csic.es/mae/antonio-jose-fernandez-gonzalez/>



#54 BIOPROSPECCIÓN DE HONGOS FITOPATÓGENOS PARA EL BIOCONTROL DE LA MALA HIERBA IPOMOEA HEDERIFOLIA L.

Yerly Dayana Mira Taborda, Lisandro De Proença Pieroni, Lucas Antonio Benso, Edson Luiz Furtado, Edivaldo Domingues Velini.

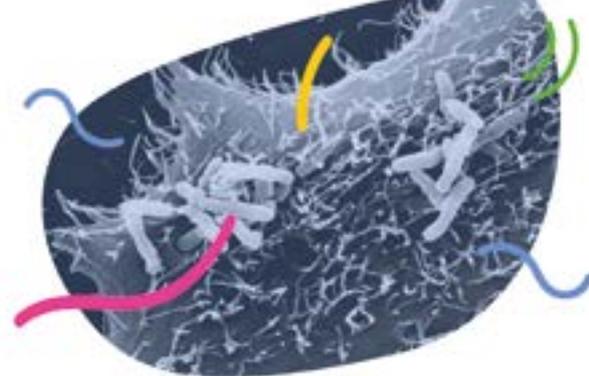
¹ (Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, Botucatu, Brasil)

Resumen de la comunicación

Ipomoea hederifolia L., es una mala hierba considerada problemática en diversos cultivos como maíz, soya, algodón, café, caña de azúcar y otros, debido a su hábito de crecimiento voluble, altos flujo de emergencia y tolerancia a los herbicidas más comunes. El control biológico de malas hierbas mediante el uso de patógenos fúngicos, podría representar una alternativa de manejo útil ante esta problemática. El objetivo del presente estudio fue aislar e identificar hongos asociados a *I. hederifolia* y determinar su potencial patogénico como agentes de biocontrol. Los aislamientos fúngicos fueron obtenidos a partir de tejidos foliares de plantas sintomáticas de *I. hederifolia*, presentes de forma natural en el estado de Sao Paulo, Brasil. El aislamiento y purificación de los hongos se realizó mediante siembra directa de los tejidos foliares sintomáticos en medio PDA, siguiendo los protocolos habituales de laboratorio. Se realizaron pruebas de patogenicidad foliar mediante la inoculación de discos agar con micelio, empleando cuatro repeticiones por cada aislamiento y tomando cada hoja unidad experimental. Todo el experimento se repitió tres veces en el tiempo. Las variables de respuesta registradas fueron: el periodo de incubación, la incidencia de la enfermedad y el área bajo la curva del progreso de la enfermedad (ABCPE). Los postulados de Koch fueron confirmados mediante reaislamientos y la identificación de los aislamientos de interés se realizó mediante características morfológicas. Se obtuvieron un total de nueve aislamientos, de los cuales tres mostraron patogenicidad, con un periodo de incubación medio de 3.4 a 4.5 días y una incidencia entre 81-94%. Los patógenos identificados correspondieron a: *Curvularia* spp., *Phoma* spp., y *Alternaria* spp, siendo este último el más agresivo, según el área de infección desarrollada (AUDPC = 9.1) en un menor tiempo. La microbiota fitopatogena podría representar un grande recurso para la posible generación de nuevos micoherbicidas

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#87 IMPACTO EN EL HOLOBIONTE PLANTA DE UN AGENTE DE BIOCONTROL BACTERIANO

Jesús Mercado Blanco.

¹(Estación Experimental del Zaidín (CSIC), Granada, España)

Resumen de la comunicación

La planta y su microbioma asociado constituyen un holobionte. Las complejas comunidades microbianas que colonizan el interior y la superficie de los órganos y tejidos de dicho metaorganismo, así como las interacciones entre sus componentes, influyen decisivamente en su desarrollo, salud, productividad y capacidad para confrontar situaciones adversas tales como el estrés causado por el ataque de patógenos. En un contexto de manejo integrado de enfermedades de los cultivos, el control biológico puede considerarse como una de las estrategias más sostenible y respetuosa con el medio ambiente. Sin embargo, muchos aspectos de la interacción holobionte planta-fitopatógeno-agente de biocontrol quedan aún por dilucidar. Para profundizar en ellos son necesarios abordajes holísticos que contemplen a la planta como la suma del organismo vegetal y su microbioma. En el caso de enfermedades de difícil control, caso de la verticilosis del olivo o la fusariosis del banano, el uso de agentes de biocontrol (ABC) ofrece interesantes expectativas y prometedores resultados. Las aproximaciones habituales son de tipo de reduccionista, basadas en el empleo de un único ACB. Sin embargo, el uso de consorcios o comunidades sintéticas de microorganismos ofrece interesantes perspectivas aún poco exploradas. *Pseudomonas simiae* PICF7 es una rizobacteria con gran versatilidad como ABC y promotora del crecimiento vegetal que hemos usado como modelo. En esta ponencia se resumirán los efectos más relevantes que la cepa PICF7 provoca en diferentes cultivos de indudable interés económico. Se ofrecerá una visión global del efecto que su aplicación tiene sobre el holobionte banano. Los resultados obtenidos pueden abrir novedosas líneas de investigación en programas de mejora frente a estreses y en el diseño de estrategias de control de enfermedades.

Financiación

Proyectos PID2019-106283RB-I00 (MICIU/AEI) y Horizon 2020 MUSA (grant no. 727624).

Referencias

Cardoni y col. (2023) *Environmental Microbiome* 18: 21.

Fernández-González y col. (2021) *Computational and Structural Biotechnology Journal* 19: 4777-4789.

Gómez-Lama Cabanás y col. (2022) *Frontiers in Microbiology* 13:809126.



#94 EXPLORANDO EL USO COMBINADO DE TECNOLOGÍAS MICROBIANAS Y DE SUELOS PARA OPTIMIZAR EL CRECIMIENTO DE LIMONIUM ALGARVENSE EN SUELOS SALINOS

Salvadora Navarro-Torre ^{1,2}, Amaia Nogales ², Maria Manuela Abreu ², Erika Santos ², Ana Cortinhas ², Rosalba Fors ², Marion Bailly ², Ana Sofia Róis ³, Ana Delaunay Caperta ².

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

²(Linking Landscape, Environment, Agriculture and Food (LEAF), Research Center, Associated Laboratory TERRA (Instituto Superior de Agronomia (ISA), Universidade de Lisboa), Lisboa, Portugal)

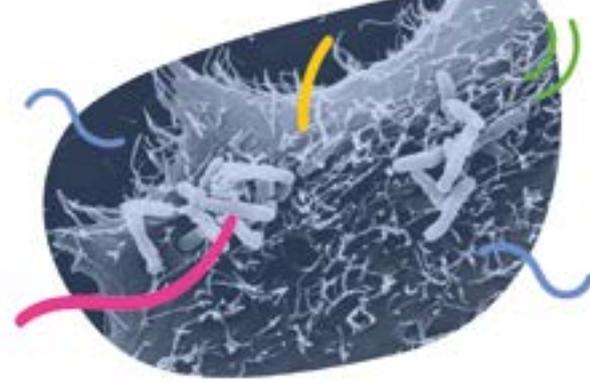
³(School of Psychology and Life Sciences (Universidade Lusófona de Humanidades e Tecnologias (ULHT)), Lisboa, Portugal)

Resumen de la comunicación

La salinidad es un problema actual que afecta tanto a los ecosistemas como a la agricultura. Los suelos afectados por la salinidad presentan una alta concentración de sales solubles que alteran la estructura, la química y la biología de los suelos, generando una baja productividad de los cultivos. Sin embargo, estos suelos afectados por la salinidad pueden ser aprovechados para el cultivo de plantas halófitas de interés industrial como es el caso de la especie *Limonium algarvense* Erben. En este trabajo se realizó un ensayo de microcosmos donde plantas de *L. algarvense* fueron cultivadas en macetas con suelos salinos (llamados Fluvisols) y en suelos salinos enriquecidos con enmiendas (llamados Technosols). Además, las plantas se trataron con diferentes inoculantes microbianos (sin inocular, inoculadas con micorrizas, inoculadas con bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB), y inoculadas con una combinación de micorrizas y PGPB). Dentro de los resultados obtenidos, se destaca que solo las plantas inoculadas con micorrizas sobrevivieron en presencia de los Fluvisols, mientras que en los suelos enmendados todas las plantas crecieron. En los suelos enmendados, las plantas inoculadas con PGPB mostraron mejores valores en los parámetros fotosintéticos, mientras que aquellas inoculadas con las micorrizas mostraron un mejor desarrollo reproductivo. Los resultados obtenidos nos hace pensar que el uso combinado de suelos enmendados con inoculaciones microbianas podrían ser aplicados con buenos resultados para cultivar plantas de *L. algarvense* en suelos degradados por salinidad.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#102 INSIGHTS ON THE RALSTONIA SOLANACEARUM LIFE CYCLE: ADAPTATION TO THE HOST AND TO THE ENVIRONMENT

Marc Valls ^{1,2}.

¹ (Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

² (CRAG, Cerdanyola del V., España)

Resumen de la comunicación

Ralstonia solanacearum a beta-proteobacterium that causes bacterial wilt, a devastating plant disease responsible for serious economic losses especially on potato, tomato, and other solanaceous plant species in temperate countries. Gene expression analyses have been essential to unravel *R. solanacearum* virulence determinants as well as their regulatory networks. However, most of these studies had been performed in vitro and little was known about the genetic program that coordinates virulence gene expression and metabolic adaptation along the different stages of the *R. solanacearum* life cycle. Here we will describe the applications of the genetic tools we developed for stable transformation and promoter probing in *R. solanacearum*. To understand the basis of bacterial wilt resistance, we have investigated the spatio-temporal bacterial colonization dynamics in tomato using non-invasive live monitoring in susceptible and resistant plants. Our work reveals restriction to bacterial movement at four levels: root entry, vertical movement from roots to shoots and circular and radial spread in the plant stem. We have also performed RNA-sequencing analyses of the bacterial transcriptome in the plant apoplast and in the xylem of asymptomatic or wilted potato plants, as well as in environmental conditions. Our results show dynamic expression of metabolism-controlling genes and virulence factors during parasitic growth inside the plant and reveal a number of genes that are essential for survival of the pathogen in the environment. Our findings open new avenues of research to fight against *R. solanacearum* and to engineer plant resistance against vascular wilt pathogens.



#163 ANALYSIS OF TOMATO MIRNAS PROVIDES NOVEL INSIGHTS INTO THE TRICHODERMA ATROVIRIDE-PLANT INTERACTION

Rocío Olmo , María Eugenia Morán-Diez , Narciso M. Quijada , Rosa Hermosa , Enrique Monte.

¹(Dpto. Microbiología y Genética. Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE-USAL), Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Trichoderma (Ascomycota, teleomorph Hypocrea) is a plant beneficial fungus of high interest in agriculture as it is used as a biological control agent against plant pathogen microorganisms and as a biostimulant, favoring seed germination, plant growth and adaptation to abiotic stresses (Woo et al., 2022). In this context, Trichoderma spp. could be a model fungus to sustain crop productivity needed under climate change exposure. In plant-Trichoderma systems, after root colonization, the fungus affords the plant with long-lasting resistance against biotic and abiotic stresses by balancing different phytohormone-dependent pathways, a phenomenon known as priming, which provides the plant with a faster and stronger induction of plant basal resistance mechanisms upon the perception of a future triggering stimulus (Morán-Diez et al., 2021). Although progress has been made in understanding the mechanisms of action of Trichoderma, the plant small non-coding RNAs (sncRNA) changes made by the fungus are still a poorly explored field of research (Morán-Diez et al., 2021). Hence, we analyzed by high-throughput Illumina sequencing the sncRNA population present in four-week-old tomato plants whose seeds were treated with Trichoderma atroviride T11. We first studied the sncRNA populations present in the tomato leaves treated with T11 compared to those from untreated plants. Differential regulation of different sncRNA populations was observed in T11-treated plants. Moreover, we have identified Trichoderma-derived microRNAs (miRNA) and explored how these events can have a long-lasting impact on gene expression and plant immunity. Several miRNAs were differentially expressed, ten of them were significantly induced, but most were repressed compared to untreated plants. Among those repressed, miR166 showed a high read number, it is highly conserved with roles in various developmental processes, as well as regulatory roles against biotic and abiotic stresses in major crop plants. Furthermore, we are investigating other significant differentially expressed miRNAs such as miR156 and miRNA396.

Financiación

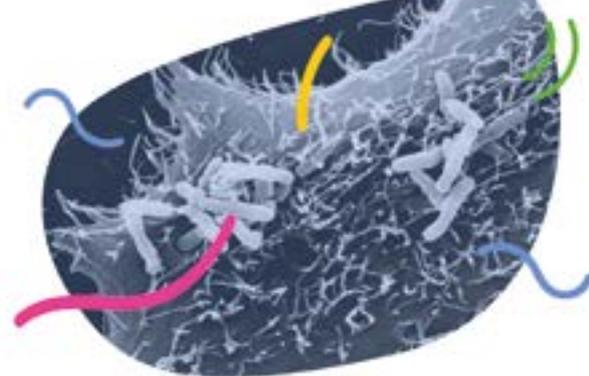
This work has been supported by grants PID-2021-126575OB-I00 and TED2021-130934B-I00 funded by Spanish MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 and by "European Regional Development Fund A way of making Europe" by the European Union/Next Generation EU/PRTR, and by Castile and Leon grants SA094P20, Escalera de Excelencia CLU-2018-04 and IR2020-1-USAL05, and grant FJC2021-047100-I funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by "European Union NextGenerationEU"/PRTR».

Referencias

Woo et al. (2022) *Nature Reviews Microbiology* 21: 312–326.
Moran-Diez et al. (2021). *Journal of Fungi* 7: 318.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#164 ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD BACTERIANA ASOCIADA A MORA Y PREDICCIÓN DE RUTAS METABÓLICAS VINCULADAS A ACTIVIDADES BENEFICIOSAS PARA LAS PLANTAS

Rocío Roca Couso^{1,2}, José David Flores Félix³, Saptarathi Deb⁴, Lucia Giagnoni⁴, Alessandra Tondello⁴, Andrea Squartini⁴, Paula García Fraile^{1,2,5}, Raúl Rivas González^{1,2,5}.

¹(Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

²(Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Salamanca, España)

³(University of Beira Interior, Covilhã, Portugal)

⁴(University of Padua, Padua, Italia)

⁵(CSIC (IRNASA), Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Las comunidades microbianas que habitan en las plantas juegan un papel importante en su crecimiento y desarrollo. Estos microorganismos pueden tener gran interés a nivel agrícola, por lo que resulta importante actualizar los conocimientos sobre las diferentes poblaciones que habitan en las diferentes plantas. El objetivo de este trabajo es estudiar la biodiversidad de microorganismos asociados a plantas de mora y hacer un análisis sobre las rutas metabólicas microbianas involucradas en la interacción. El ADN total fue extraído de raíces, tallo y hojas de plantas de mora, seguido de la amplificación de siete regiones hipervariables del gen 16S rRNA. El filtrado de la calidad de la secuencia, la composición bacteriana y el análisis de la diversidad se realizaron con los programas QIIME2 y Rstudio. Mientras que, para el análisis de rutas metabólicas, se usaron Picrust2 y MicrobiomeAnalyst. Los análisis de la diversidad mostraron que, de los 709 géneros diferentes identificados, Sphingomonas, conocido por su capacidad de promoción del crecimiento vegetal, fue el más abundante. Presente en un 6,2% en las raíces, un 18,7% en tallos y un 39,4% en hojas, es un género ubicuo en toda la planta. Por otro lado, los géneros Methylobacterium e Hymenobacter dominan en las partes aéreas, con un 6,5% y 7,4% en tallos; y 11,9% y 12,1% en hojas. Estos grupos son conocidos por su capacidad de fijar nitrógeno atmosférico y por su tolerancia a estreses ambientales, respectivamente. El análisis metabólico predijo rutas metabólicas estadísticamente significativas asociadas a la fijación de nitrógeno, la producción de ácido indolacético, ambos relacionados con el crecimiento de la planta, o la síntesis de prolina, un metabolito cuya acumulación en la planta aumenta la tolerancia al estrés por sequía [1]. Las plantas pueden ser capaces de seleccionar los microorganismos del entorno para establecer comunidades microbianas que las beneficien.

Financiación

Los autores agradecen al proyecto PID2019-109960RB-I00 y al contrato predoctoral FPI PRE2020-094762 financiado por MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 y por "ERDF A way of making Europe". También agradecen los fondos recibidos por el Gobierno Regional de Castilla y León (Escalera de Excelencia CLU-2018-04) y cofinanciados por el Programa Operativo Feder En Castilla y León 2014-2020.

Referencias

1. Kamran, M., Imran, Q. M., Ahmed, M. B., Falak, N., Khatoon, A., & Yun, B. W. (2022). Endophyte-Mediated Stress Tolerance in Plants: A Sustainable Strategy to Enhance Resilience and Assist Crop Improvement. *Cells*, 11(20)



#169 EXPLORANDO EL MICROBIOMA ASOCIADO A OLIVO PARA LA GESTIÓN DE ENFERMEDADES CAUSADAS POR PATÓGENOS VASCULARES

Manuel Anguita Maeso, Carmen M Haro , M. Pilar Velasco Amo, Miguel Montes Borrego, Juan A. Navas Cortés, Blanca B. Landa.

¹ (Instituto de Agricultura Sostenible (IAS)-CSIC, 14004 Córdoba, España, Cordoba, España)

Resumen de la comunicación

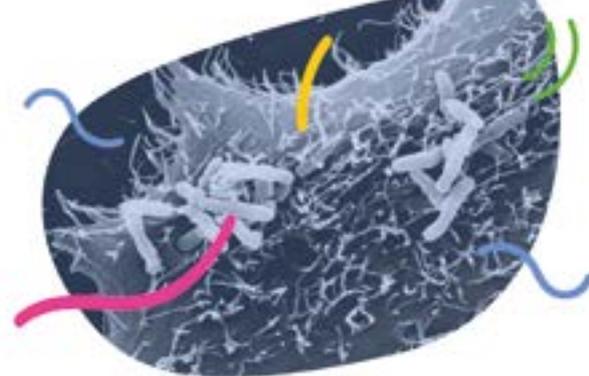
En la actualidad, el estado sanitario de los olivares está siendo amenazado por un notable incremento de diversas enfermedades, causadas por agentes fitopatógenos, entre las que destacan las de naturaleza vascular como las causadas por la bacteria de cuarentena *Xylella fastidiosa* y el hongo de suelo *Verticillium dahliae*. Estas enfermedades, para las que actualmente no existen medidas de control eficientes representan las principales amenazas globales para la producción del olivar a nivel mundial; por tanto, es necesario buscar herramientas para evitar su establecimiento o disminuir su incidencia y severidad. Los microorganismos beneficiosos asociados a las plantas, tanto los que habitan el suelo como los que colonizan sus diferentes nichos ecológicos, especialmente los endófitos, pueden controlar el crecimiento de patógenos a través de interacciones de competición y antagonismo, y mediante el estímulo de la inmunidad natural de la planta. Sin embargo, el papel potencial que pueden desempeñar las comunidades microbianas en la supresividad de los suelos de olivar a *V. dahliae* o el microbioma que habita en el xilema en la respuesta de resistencia en olivo a patógenos vasculares no ha sido explorada con suficiente profundidad. En este trabajo se presentarán resultados de diversas investigaciones cuyo objetivo ha sido caracterizar el microbioma del suelo y del xilema y su asociación con la supresividad natural de los suelos o de la planta al desarrollo de enfermedades vasculares. Se abordarán aspectos que incluyen desde la optimización de los enfoques metodológicos de análisis NGS para su estudio, hasta la caracterización del efecto de factores bióticos y abióticos que son claves modelando su estructura y diversidad, al condicionar las interacciones existentes entre los componentes de dicho microbioma en olivo.

Financiación

Financiado por BeXyl-101060593 (EU-Horizon Europe); XF-ACTORS 727987 (EU-H2020); PID2020-114917RB-I00 (AEI-Ministerio de Ciencia e Innovación-España); P10-AGR-05908 (Consejería de Innovación, Ciencia y Empresa, Junta de Andalucía).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#184 SOIL O-LIVE: MONITORIZANDO LA SALUD DEL SUELO DEL OLIVAR MEDITERRÁNEO.

Manuel Fernandez Lopez¹, Antonio Manzaneda Avila², Jesús Mercado Blanco¹.

¹ (Microbiology of Agroforestry Ecosystems, Estación Experimental del Zaidín, CSIC, Granada, España)

² (Dept. de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología, Universidad de Jaén, Jaén, España)

Resumen de la comunicación

Desde su domesticación hace unos 6500 años, el olivo (*Olea europea* L.) es el árbol de fruto más prominente e importante socioeconómicamente en Europa. Para los países europeos, la producción de aceite de oliva supone un mercado de cerca de 2000 millones de euros al año. Esto implica una superficie de 6 millones de ha. de suelo de la UE dedicadas al olivar bien de modo tradicional, orgánico o incluso de alta densidad o seto. A pesar de estas cifras, falta una visión holística y un análisis inclusivo de cómo la salud de la biodiversidad del suelo puede mejorar la funcionalidad de este agroecosistema, que a su vez se refleje en la salud del olivar. En este proyecto (Soil O-live) se ha adoptado un enfoque multidisciplinar para abordar, por primera vez, la situación medioambiental del olivar a gran escala, incluyendo distintas variedades y modos de cultivo de la cuenca mediterránea. Los objetivos propuestos son: O1) Analizar el impacto de la polución y degradación de la tierra en los suelos de los olivares en términos de función ecológica y multi-biodiversidad; O2) investigar la relación entre salud del suelo y calidad y seguridad del aceite de oliva; O3) implementar enmiendas efectivas del suelo y prácticas de restauración ecológicas para promover el aumento de la diversidad del suelo y su funcionalidad; y O4) definir de forma rigurosa el umbral ecológico que permita la implementación de normas futuras y diseño de la regulación para la certificación de la salud del suelo, en relación a la calidad del aceite de oliva europeo. Las hipótesis de trabajo son H1) olivares con suelos más biodiversos tendrán una mayor funcionalidad del agroecosistema; y H2) prácticas de restauración que promuevan la salud y la biodiversidad del suelo tendrán un impacto positivo en la calidad del aceite de oliva.

Financiación

El presente trabajo se desarrollará en el marco del proyecto Soil O-live, financiado por la Unión Europea, HORIZON-MISS-2021-SOIL-02, Project 101091255.

Hipervínculo

<https://grupos.eez.csic.es/mae/>



**#197 LOS MEDIOS AMBIENTES EXTREMOS COMO FUENTE DE MICROORGANISMOS
CON ACTIVIDAD PROMOTORA DE CRECIMIENTO VEGETAL Y ANTIMICROBIANA**

Javier López Simón, Victoria Béjar Luque, Inmaculada Sampedro Quesada, Inmaculada Llamas Company.

¹(Dpto de Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

En los medios ambientes hipersalinos viven microorganismos adaptados a condiciones de salinidad y sequía con gran interés biotecnológico en agricultura donde pueden ser usados como inoculantes. En este trabajo se han estudiado cinco especies de Halomonas descritas como nuevas taxa por el grupo de investigación BIO 188 y un grupo de doce bacterias aisladas de estos hábitats, determinando las propiedades relacionadas potencialmente con la actividad promotora de crecimiento vegetal y antimicrobiana mediante ensayos de inhibición de micelio fúngico y quorum quenching (QQ). Por otra parte, se han caracterizado taxonómicamente las cepas no estudiadas, determinándose que, ocho de las cepas corresponden al género Bacillus y dos al género Priestia; se detectaron dos taxa potencialmente nuevos. Tres de las cepas (61, 414 y 477) originaron porcentajes de inhibición de micelio superiores al 50% sobre hongos fitopatógenos (*Gibberella zeae*, *Phytophthora capsici*, *Alternaria alternata*, *Pythium ultimum* y *Botrytis cinerea*) y, además, mostraron características promotoras del crecimiento vegetal (PGP): fijación de nitrógeno, producción de sideróforos y actividad amilasa, fosfatasa, lipasa, gelatinasa, caseinasa, lecitinasa y hemolítica. En cuanto a las pruebas de actividad antimicrobiana QQ, destacaron seis cepas capaces de degradar moléculas señal sintéticas del tipo N-acilhomoserina lactona (AHLs) (61, 102, 414, 481 y 499). Dos de ellas (102 y 499) además, degradaron las AHLs producidas por los patógenos *Pectobacterium carotovorum* y *P. atrosepticum* en cocultivo y atenuaron considerablemente los efectos de la virulencia en ensayos en zanahoria y patata. Por último, en base a los resultados de propiedades PGP y actividad antimicrobiana, se seleccionaron cinco cepas (61, 414, 474, 477 y *H. anticariensis* FP35) para llevar a cabo ensayos in vivo en plantas de tomate y lechuga y así comprobar su utilización como inoculantes en agricultura.

Financiación

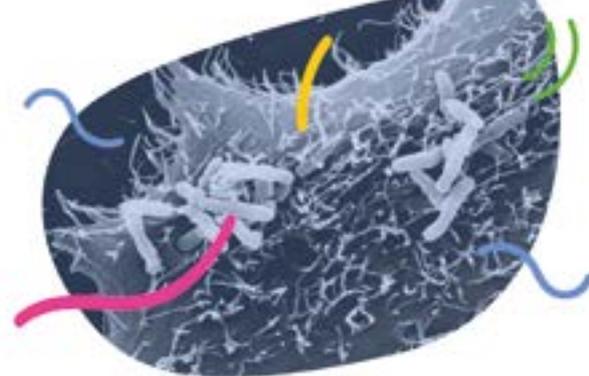
PID2019-106704RB-100/AEI/10.13039/501100011033

Hipervínculo

<https://www.bio188.es/>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#222 IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS DEL MICROBIOMA CORE DE TRIGO CON CAPACIDAD DE TRANSMISIÓN VERTICAL A TRAVÉS DE LA LÍNEA GERMINAL

Irene Sanz Puente¹, Santiago Redondo ^{1,2}, María De Toro Hernando³, Susana Fernandez ⁴, Óscar Lorenzo Sanchez⁴, Fernando De La Cruz Calahorra¹, Marta Robledo ^{1,2}.

¹ (Instituto de Biomedicina y Biotecnología de Cantabria, Santander, España)

² (Biomar Microbial Technologies, León, España)

³ (Plataforma de Genómica y Bioinformática, Centro de Investigación Biomédica de La Rioja, Logroño, España)

⁴ (Instituto de Investigación en Agrobiotecnología, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

El incremento de la demanda de alimentos y el cambio climático están obligando a buscar alternativas sostenibles que mejoren la productividad agrícola. Además de los rizobios, existen otras bacterias (Plant Growth Promoting Bacteria; PGPB) menos estudiadas que mejoran el acceso de las plantas a los nutrientes o su tolerancia al estrés incluyendo especies de alto interés comercial como los cereales. Este trabajo se centra en el estudio de la comunidad cultivable y no-cultivable de bacterias endófitas aisladas de diferentes variedades de trigo relacionadas con su domesticación obtenidas en distintas localizaciones geográficas. Nuestros análisis metataxonómicos muestran que la estructura de la comunidad de distintas semillas se encuentra conservada y dominada por un único género bacteriano perteneciente al grupo de las Enterobacterias. Este género forma parte del microbioma core del trigo, ya que es el único presente en todas sus variedades y tejidos, independientemente de su localización geográfica. Además, su abundancia aumenta proporcionalmente de suelo a raíz, tallo y espiga, acumulándose finalmente en las semillas. Este enriquecimiento sugiere un papel en la transferencia vertical de estas bacterias endófitas a través de las semillas. Para comprobar esta hipótesis, flores y semillas de cereales (trigo y *Lolium*) y *Arabidopsis* fueron inoculadas con aislados de este género marcados con un plásmido que codifica la enzima β -glucuronidasa. Semillas de la siguiente progenie fueron germinadas para comprobar, mediante revelado con el sustrato cromogénico X-gluc, la presencia del endófito únicamente en cereales, confirmando su transmisión vertical a través de la línea germinal de forma específica.



#227 BIOCONTROL DE BACTERIAS PATÓGENAS MEDIANTE QUORUM QUENCHING

Alejandro Benmoulahoum ¹, Patricia Sánchez ¹, Inmaculada Sampedro ¹, Inmaculada Llamas ^{1,2}.

¹(Departamento Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Campus Universitario Cartuja s/n, 18071, Granada, España)

²(Instituto de Biotecnología, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Granada, Avda. del Conocimiento S/N, 18106 Armilla, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El incremento de la demanda de alimentos y el cambio climático están obligando a buscar alternativas sostenibles que mejoren la productividad agrícola. Además de los rizobios, existen otras bacterias (Plant Growth Promoting Bacteria; PGPB) menos estudiadas que mejoran el acceso de las plantas a los nutrientes o su tolerancia al estrés incluyendo especies de alto interés comercial como los cereales. Este trabajo se centra en el estudio de la comunidad cultivable y no-cultivable de bacterias endófitas aisladas de diferentes variedades de trigo relacionadas con su domesticación obtenidas en distintas localizaciones geográficas. Nuestros análisis metataxonómicos muestran que la estructura de la comunidad de distintas semillas se encuentra conservada y dominada por un único género bacteriano perteneciente al grupo de las Enterobacterias. Este género forma parte del microbioma core del trigo, ya que es el único presente en todas sus variedades y tejidos, independientemente de su localización geográfica. Además, su abundancia aumenta proporcionalmente de suelo a raíz, tallo y espiga, acumulándose finalmente en las semillas. Este enriquecimiento sugiere un papel en la transferencia vertical de estas bacterias endófitas a través de las semillas. Para comprobar esta hipótesis, flores y semillas de cereales (trigo y Lolium) y Arabidopsis fueron inoculadas con aislados de este género marcados con un plásmido que codifica la enzima β -glucoronidasa. Semillas de la siguiente progenie fueron germinadas para comprobar, mediante revelado con el sustrato cromogénico X-gluc, la presencia del endófito únicamente en cereales, confirmando su transmisión vertical a través de la línea germinal de forma específica.

Financiación

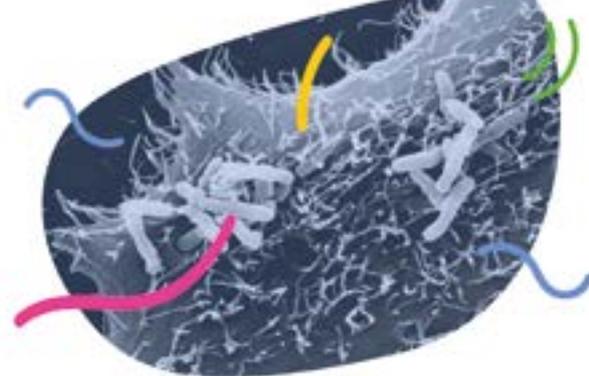
PID2019-106704RB-100/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER/Junta de Andalucía-Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades (B-AGR-222-UGR20)

Hipervínculo

Grupo de Investigación BIO 188: <https://www.bio188.es>

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#231 PERCEPCIÓN Y TRANSDUCCIÓN DE SEÑAL A TRAVÉS DEL SISTEMA DE QUIMIOPERCEPCIÓN EN BACTERIAS FITOPATÓGENAS

Emilia López Solanilla^{1,2}, Martí Munar Palmer¹, Saray Santamaría Hernando¹, Claudia Sanchís López¹, Clara Gálvez Roldan¹, Nicolás Raho¹, Gema López Torrejón^{1,2}, José Juan Rodríguez Herva^{1,2}.

¹(Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas CBGP. Universidad Politécnica de Madrid -Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria/CSIC, Pozuelo De Alarcón- Madrid, España)

²(Departamento de Biotecnología-Biología Vegetal, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

El incremento de la demanda de alimentos y el cambio climático están obligando a buscar alternativas sostenibles que mejoren la productividad agrícola. Además de los rizobios, existen otras bacterias (Plant Growth Promoting Bacteria; PGPB) menos estudiadas que mejoran el acceso de las plantas a los nutrientes o su tolerancia al estrés incluyendo especies de alto interés comercial como los cereales. Este trabajo se centra en el estudio de la comunidad cultivable y no-cultivable de bacterias endófitas aisladas de diferentes variedades de trigo relacionadas con su domesticación obtenidas en distintas localizaciones geográficas. Nuestros análisis metataxonómicos muestran que la estructura de la comunidad de distintas semillas se encuentra conservada y dominada por un único género bacteriano perteneciente al grupo de las Enterobacterias. Este género forma parte del microbioma core del trigo, ya que es el único presente en todas sus variedades y tejidos, independientemente de su localización geográfica. Además, su abundancia aumenta proporcionalmente de suelo a raíz, tallo y espiga, acumulándose finalmente en las semillas. Este enriquecimiento sugiere un papel en la transferencia vertical de estas bacterias endófitas a través de las semillas. Para comprobar esta hipótesis, flores y semillas de cereales (trigo y Lolium) y Arabidopsis fueron inoculadas con aislados de este género marcados con un plásmido que codifica la enzima β -glucuronidasa. Semillas de la siguiente progenie fueron germinadas para comprobar, mediante revelado con el sustrato cromogénico X-gluc, la presencia del endófito únicamente en cereales, confirmando su transmisión vertical a través de la línea germinal de forma específica.

Financiación

PID2019-106704RB-100/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER/Junta de Andalucía-Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades (B-AGR-222-UGR20)

Hipervínculo

Grupo de Investigación BIO 188: <https://www.bio188.es>



#265 USO DE BACTERIAS HALOTOLERANTES CON ACTIVIDAD PGP Y QUORUM QUENCHING PARA COMBATIR ESTRÉS ABIÓTICO Y BIÓTICO EN PLANTAS

Ana Monzón ¹, Patricia Sánchez ¹, Sandra Sierra ², Inmaculada Llamas ^{1,3}, Francisco Palma ², Inmaculada Sampedro ¹.

¹ (Dpto. Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

² (Dpto. Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Granada, España)

³ (Instituto de Biotecnología, Granada, España)

Resumen de la comunicación

La industria agrícola está alcanzando una situación límite debido al uso excesivo de fertilizantes y pesticidas químicos para aumentar la producción y combatir los fitopatógenos. Además, los desafíos del cambio climático generan un entorno hostil para los cultivos por el incremento de salinidad en el suelo. El uso de bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPB) ofrece una alternativa ecológica para tratar estreses abióticos y bióticos. Los ambientes salinos son una fuente importante para aislar bacterias con actividad PGP y que sean capaces de tolerar altas concentraciones de sal. Por otra parte, una estrategia muy prometedora en la lucha frente a fitopatógenos consiste en la disrupción de sus sistemas de comunicación intercelular quorum sensing, lo que se denomina quorum quenching (QQ).

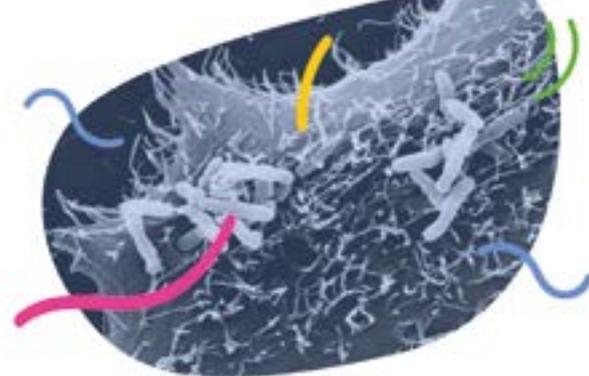
Por todo ello, el objetivo de este estudio ha sido evaluar la protección de bacterias halotolerantes seleccionadas previamente por su actividad PGP-QQ frente a estrés abiótico (tolerancia a estrés salino) y biótico (protección frente a fitopatógenos relevantes en agricultura). Se ha podido observar un incremento de la biomasa de plantas en condiciones de estrés salino con las cinco bacterias de estudio siendo las bacterias *Peribacillus castrilensis* N3 y *Psychrobacter vallis* B38 las que mejores resultados han mostrado. Los principales mecanismos por los que estas bacterias confieren tolerancia a estrés salino son, entre otros, el incremento de osmoprotectores tales como azúcares solubles, prolina, fenoles y la poliamina espermina. Por otro lado, la cepa B38 confiere resistencia al fitopatógeno *Pseudomonas syringae* pv. tomato tanto en ausencia como en presencia de estrés salino. Este estudio sugiere, por tanto, el potencial de ambas cepas para su uso como inductores de la tolerancia a estrés salino y agentes de biocontrol en el sector de la agricultura.

Financiación

Financiación: PID2019-106704RB-100/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER/Junta de Andalucía-Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades (B-AGR-222-UGR20)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#266 LA SINERGIA DE BACTERIAS HALOTOLERANTES JUNTO AL EXOPOLISACÁRIDO MAURANO MITIGA EL ESTRÉS SALINO EN PLANTAS MEDIANTE LA ACUMULACIÓN DE OSMOPROTECTORES

Patricia Sánchez ¹, Alejandro Castro-Cegrí ², Sandra Sierra ², Inmaculada Llamas ^{1,3}, Inmaculada Sampedro ¹, Francisco Palma ².

¹(Dpto. Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

²(Dpto. Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, Granada, España)

³(Instituto de Biotecnología, Centro de Investigación Biomédica, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El estrés salino es una de las principales barreras para la producción de cultivos y uno de los mayores factores abióticos que limitan la agricultura sostenible. Los mecanismos por los que las bacterias halotolerantes con actividad promotora de crecimiento de planta (PGP) confieren tolerancia a dicho estrés en plantas son poco conocidos.

En el presente estudio se investigó la actividad PGP de bacterias halotolerantes bajo condiciones de estrés salino y los mecanismos de tolerancia a la salinidad inducidos por la sinergia de estas bacterias con el exopolisacárido (EPS) maurano producido por la bacteria halófila *Halomonas maura* S30. Las cuatro bacterias PGP empleadas en este estudio fueron capaces de mejorar de manera significativa la biomasa de las plantas de tomate a concentraciones de NaCl de 100 mM, siendo *Peribacillus castrilensis* N3 la más eficiente. Las plantas de tomate tratadas con N3 y el EPS maurano mostraron mayor tolerancia a la sal que el tratamiento en ausencia de EPS. Para aliviar este estrés abiótico, la sinergia entre N3 y el maurano confiere tolerancia al estrés salino en plantas de tomate mediante el aumento de osmoprotectores incluyendo azúcares solubles, polioles, prolina, GABA, fenoles y la poliamina putrescina. Estos osmolitos incrementan la capacidad de ajuste osmótico para resistir la pérdida de agua y mantener la homeostasis iónica. Estos resultados sugieren que la sinergia de la bacteria halotolerante N3 y el EPS maurano podría tener un gran potencial como inductor de la tolerancia a la salinidad en el sector agrícola.

Financiación

PID2019-106704RB-100/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER/Junta de Andalucía-Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades (B-AGR-222-UGR20)



#304 PAPEL DE LA COLECCIÓN DE MICROORGANISMOS MAPYS EN EL MANTENIMIENTO DEL MICROBIOMA DEL PATOSISTEMA HORTOFRUTÍCOLA

Juan Antonio Martínez López.

¹(Universidad Politécnica de Cartagena, Cartagena, España)

Resumen de la comunicación

La colección de microorganismos MAPYS (Microorganismos de la Agricultura, Poscosecha y Sostenibilidad) nació en el año 2017 como una iniciativa del grupo de investigación Protección de Cultivos de la Universidad Politécnica de Cartagena para identificar y preservar el microbioma de organismos fitopatógenos y antagonistas de los patosistemas de cultivos y centrales hortofrutícolas. Esta colección está encuadrada dentro de la Red Española de Microorganismos (REDESMI), gestionada por la Colección Española de Cultivos Tipo (CECT).

MAPYS trabaja en contacto continuo con la empresa hortofrutícola mediante servicios de identificación y caracterización de fisiopatías y enfermedades, tanto en los cultivos como en poscosecha. Fruto de esta colaboración, realizamos diagnósticos y aislamos microorganismos cuyo fin último es contribuir al conocimiento de la biodiversidad de los agroecosistemas, salvaguardando así los recursos microbianos relacionados con la agricultura con fines de identificación, mantenimiento, apoyo a ensayos fitosanitarios e investigación en general.

En nuestra labor identificamos frecuentemente especies fúngicas asociadas a podredumbres no descritas con anterioridad, entre las que citamos a *Fusarium annulatum* en melón, *Rhizopus sexualis* en calabaza, *Fusarium proliferatum* y *Aspergillus ochraceus* en pimiento. También detectamos propiedades antagonistas de ciertos microorganismos aislados de la microbiota de las plantas contra potenciales fitopatógenos, entre los que destacamos a *Bacillus licheniformis*, *Stenotrophomonas maltophilia* y *Rhodotorula mucilaginosa*.

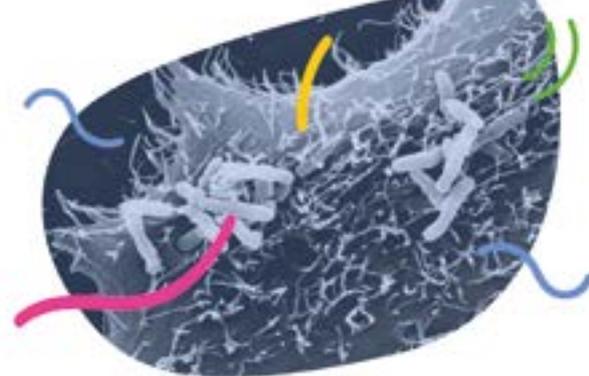
MAPYS está abierta a los grupos de investigación que trabajan en microbiología de plantas y en fitopatología para unificar, colaborar y mantener el microbioma de aquellos organismos fitopatógenos y antagonistas identificados que se consideran de especial relevancia en el marco de las diversas investigaciones.

Financiación

Este estudio forma parte del Programa AGROALNEXT / ThinInAzul que ha sido financiado por MICIN con fondos NextGenerationEU (PRTR-C17.11) y por la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia a través de la Fundación Séneca - Agencia de Ciencia y Tecnología de la Región de Murcia.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#352 AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE NUEVOS BACTERIÓFAGOS LÍTICOS PARA EL CONTROL BIOLÓGICO DE ENFERMEDADES CAUSADAS POR XANTHOMONAS SPP. EN DIVERSOS HUÉSPEDES

Elena G. Biosca ¹, Marta Orero ¹, Juan Jesús González ¹, Rosa Vázquez ¹, Sergi Maicas ¹, Belén Álvarez ^{1,2}

¹(Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia, Burjassot, España)

²(Departamento de Investigación Aplicada y Extensión Agraria, Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

Las especies fitopatógenas del género bacteriano *Xanthomonas* suponen una grave amenaza para la producción agrícola a nivel mundial por su capacidad de provocar enfermedad tanto en plantas herbáceas como leñosas. Entre ellas se encuentran dos de los agentes causales de la mancha bacteriana del tomate y pimiento, y uno de los agentes responsables de la infección en frutales de hueso y almendros. Las medidas actuales de control químico de estos patógenos son ineficaces y perjudiciales para los agroecosistemas. Una solución ecosostenible puede ser el desarrollo de estrategias biológicas alternativas, como el uso de virus bacteriófagos (fagos) efectivos y seguros para la microbiota de la planta, el medio ambiente y la salud humana. En el marco de un proyecto nacional recientemente concedido se han iniciado los primeros pasos en este sentido.

El objetivo es obtener nuevos fagos con actividad frente a especies patógenas de *Xanthomonas*, que constituyan potenciales agentes de control biológico efectivos en planta. Los estudios se encuentran en su fase preliminar e incluyen el aislamiento de nuevos fagos líticos frente a cepas españolas de especies patógenas de *Xanthomonas* y su caracterización inicial por rango de huéspedes, especificidad y capacidad de control del patógeno *in vitro*. Con los fagos seleccionados en esta fase está previsto estudiar sus diferentes características morfológicas y genómicas, y su capacidad para el control biológico en diversos huéspedes.

A partir de los resultados obtenidos será posible desarrollar una tecnología innovadora más eficaz que las medidas de control existentes para tratar las enfermedades causadas por *Xanthomonas*, que además será respetuosa con el medio ambiente y biosegura, y permitirá mejorar las estrategias de prevención y control de estas enfermedades dentro de los programas de gestión integrada de plantas herbáceas y leñosas.

Financiación

Proyecto PID2021-123600OR-C44 financiado por MCIN/ AEI/10.13039/501100011033/ FEDER, UE



#353 EFECTO ANTAGÓNICO DE TRICHODERMA SP. AISLADO DE RIZOSFERA DE PITAHAYA FRENTE A ALTERNARIA SP., SCLEROTINIA SP. Y BOTRYTIS SP.

Paola Nunja Huamán^{1,2,3}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2,3}, Jean Franco Castro Figueroa⁴, Araceli Milagros Cahua Romero^{1,2,3}.

¹(Universidad Ricardo Palma, Lima, Perú)

²(Instituto de Control y Certificación de la Calidad e Inocuidad Alimentaria ICCCIA-URP, Lima, Perú)

³(Grupo de investigación en Microbiología, Inocuidad Alimentaria y Protección de Alimentos, Lima, Perú)

⁴(Inia- Quilamapu, Chillán, Chile)

Resumen de la comunicación

La pudrición es una de las enfermedades más comunes que afecta a los cultivos menguando su rendimiento y generando pérdidas económicas. A lo largo de los años se han utilizados fungicidas sintéticos para controlarlos, pero se ha evidenciado que muchas veces los microorganismos generan una resistencia además de haberse encontrado presencia de estos en los frutos, representando así un riesgo tanto para el ambiente como para la salud.

En busca de nuevas alternativas para controlar a los patógenos se realizó un muestreo de rizósfera de cultivos de pitahaya o fruto del dragón de la variedad American beauty (*Hylocereus monacanthus*) de la región Huaral – Perú, lográndose aislar una cepa de *Trichoderma* sp. la cual fue sometida a ensayo para la evaluación de su efecto potencial como biocontrolador frente a cepas de hongos patógenos: *Sclerotinia* sp. *Alternaria* sp. y *Botrytis* sp. que fueron aisladas de Lechuga, cerezo y frutilla respectivamente, debido a que causan pudrición en los cultivos. Las cepas de hongos patógenos fueron proporcionadas por INIA Quilamapu Chile.

La evaluación del efecto antagónico de *Trichoderma* sp. se determinó en base a la inhibición del crecimiento micelial del patógeno y de la capacidad de invasión- destrucción de *Trichoderma* sp. frente a la colonia del patógeno en un periodo de evaluación de 12 días.

En general se observó una tendencia favorable de *Trichoderma* sp. en cuanto a su efecto antagónico en las cepas evaluadas.

Financiación

Universidad Ricardo Palma

Referencias

BARBOZA-GARCÍA, ADRIÁN, PÉREZ-CORDERO, ALEXANDER,, & ANAYA-CHAMORRO, LEONARDO,. (2022). *Especies nativas de Trichoderma aisladas de plantaciones de aguacate con actividad inhibitoria contra Phytophthora cinnamomi*. *Bioteología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial*, 20(2), 101-116. Epub July 01, 2022. <https://doi.org/10.18684/rbsaa.v20.n2.2022.1852>

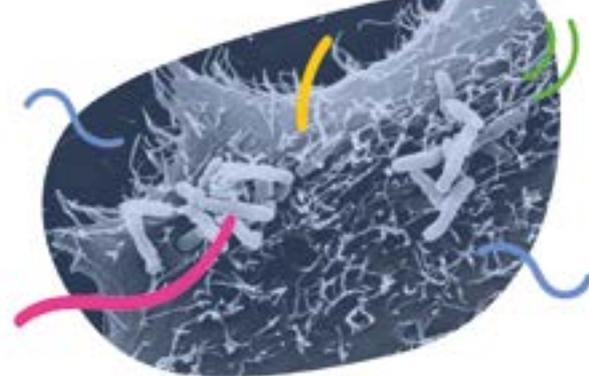
Sadañoski, Marcela A., Gutierrez-Brower, Jimena, Castrillo, María L., López, Ana C., Ojeda, Paola A., Zapata, Pedro D., Villalba, Laura L., & Otegui, Mónica B.. (2018). *Capacidades antagónicas de cepas Trichoderma y su multiplicación en masa usando desechos agrícolas*. *Revista de Ciencia y Tecnología*, (30), 1-10. Recuperado en 03 de mayo de 2023, de

http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-75872018000200001&lng=es&tlng=es.

ZUBIETA-CORONADO,, DIEGO-ARTURO, ECHEVERRY-PRIETO,, LENA-CAROLINA, & ZAFRA-MEJÍA,, CARLO-ALFONZO. (2021). *Antagonismo in vitro por consorcios de Trichoderma sp. y Aspergillus sp. contra el fitopatógeno Sclerotinia sp*. *Bioteología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial*, 19(1), 16-31. [https://doi.org/10.18684/bsaa\(19\)16-31](https://doi.org/10.18684/bsaa(19)16-31)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#361 EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD ANTIFÚNGICA (IN VITRO E IN VIVO) DE EXTRACTOS DE PLANTAS NATURALES FRENTE A CANDIDA AURIS

Alejandro López Bellido¹, Gabriel Davi Marena ², José Manuel Pérez Royo³, Héctor Martínez Morel⁴ , Javier Pemán García³, Alba Ruiz Gaitán³.

¹ (IlsLa Fe, Valencia, España)

² (UNESP (Brasil), Araraquara, Brasil)

³ (IlsLaFe, Valencia, España)

⁴ (Hospital La Fe, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

Introducción. En la última década se ha observado un incremento de casos de colonización e infección por *Candida auris* en más de 50 países, generando gran preocupación en los centros de control de infecciones. Esta emergencia requiere buscar nuevas estrategias terapéuticas, algunas basadas en el uso de productos naturales, que consigan hacer frente a la resistencia y virulencia de este microorganismo.

Material y Métodos. Este trabajo evaluó la actividad antifúngica de *Myrcia bella*, *Bahuinia holophylla* y *Byrsonima coccolobifolia* frente a aislados clínicos de *C. auris* (Clados I, II, III y IV), *C. albicans* ATCC 5114 y *C. parapsilosis* ATCC 22019 en estado planctónico, biofilm e in vivo usando el modelo alternativo de *Galleria mellonella*. La actividad in vitro en células planctónicas se evaluó mediante la concentración mínima inhibitoria (CMI), con concentraciones entre 1000-7,8 µg/mL. En la evaluación de la actividad en biopelículas (en formación y maduras) se ensayaron las mismas concentraciones. En el modelo in vivo de *G. mellonella*, se emplearon inóculos de *C. auris* (104 células/larva) para la infección. *C. albicans* (105 células/larva) y *C. parapsilosis* (105 células/larva) se usaron como controles.

Resultados. *M. bella* y *B. coccolobifolia* logran inhibir el crecimiento de *C. auris* a concentraciones entre 31,25 y 1,9 µg/mL. Los tres extractos reducen al 50% la formación de biofilm de *C. auris* a concentraciones entre 500 y 7,8 µg/mL. En el biofilm maduro, se requieren concentraciones ≥500 µg/mL para su reducción. En los ensayos in vivo, *M. bella* reduce hasta 3 Log el crecimiento de *C. auris* en hemolinfa de *G. mellonella*, mientras que *B. coccolobifolia* y *B. holophylla* reducen el crecimiento en 2 Log.

Conclusiones. Todos los extractos presentan actividad antifúngica tanto in vitro como in vivo frente a *C. auris*. Los productos naturales representan una alternativa terapéutica frente a la infección por *Candida* sp.



#363 USING INORGANIC AND ORGANIC NANOTECHNOLOGY IN SPRAY-INDUCED GENE SILENCING (SIGS) PROVIDES A STEADY RNAI EFFECT AGAINST FUNGAL DISEASES

Jonatan Niño Sánchez^{1,2}, Lulu Qiao ², Rachael Hamby ², Sambasivan Prabhakaran ³, Neena Mitter ³, Hailing Jin ².

¹(University of Valladolid, Palencia, España)

²(University of California, Riverside, Riverside, Estados Unidos)

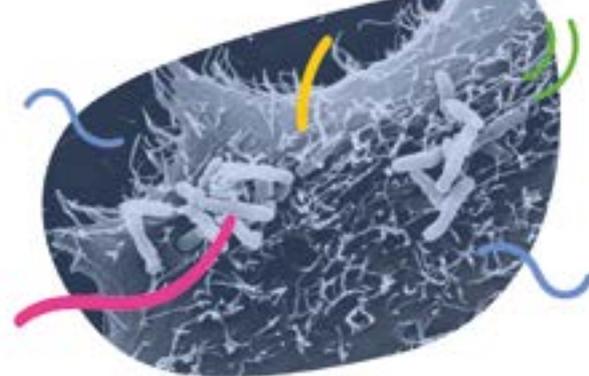
³(University of Queensland, Queensland, Australia)

Resumen de la comunicación

Fungal pathogens are responsible for many plant diseases and cause severe crop losses worldwide, threatening global food security. *B. cinerea*, the causal agent of grey mold disease on over 1000 plant species, can deliver small RNAs (sRNAs) to its host during the infection process to silence host defense genes, and the host plant is able to send sRNAs to the fungal pathogen to inhibit virulence genes. This mechanism was described by our group and called "cross-kingdom RNA interference". The subsequent discovery that *B. cinerea* can efficiently take up environmental sRNAs that silence fungal genes with complementary sequences led to the development of an innovative and eco-friendly fungal disease management strategy: spray-induced gene silencing (SIGS). Although this spray application of RNAs is effective in controlling several fungal pathogens on pre- and post-harvest plant material, the durability of crop protection is not clear, because SIGS is limited by the stability of double-stranded RNA (dsRNA) and its uptake efficiency by the fungus. Here, we made use of nanotechnology to develop coated-dsRNA sprays against key virulence-related (Dicer-like, DCL1 and DCL2) and essential fungal growth genes (VPS51, SAC1, DCTN1) on various plant materials, including leaves, flowers and fruits. On the one hand, by delivering biologically active dsRNA as layered double hydroxide (LDH) or clay particles, a formulation referred to as BioClay™, it can prolong RNA durability on plants, thereby protecting them from pathogens. On the other hand, we developed three artificial nanovesicle formulations that mimic the natural delivery of sRNA through plant exosomes. The use of nanotechnology provides dsRNA protection, as well as higher silencing efficacy than naked dsRNA application over time, therefore offering more potential and broader applications to control fungal plant diseases through sequence-specific SIGS technology.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#372 MEJORA DE LA PRODUCTIVIDAD Y CALIDAD DEL GRANO DE TRIGO DURO MEDIANTE INOCULANTES DE CEPAS DE BACILLUS, AZOSPIRILLUM Y/O RHIZOBIUM

Ezequiel Peral Aranega^{1,2}, Paula García Fraile^{1,2,3}, Raúl Rivas González^{1,2,3}.

¹(Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

²(Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Salamanca, España)

³(Unidad Asociada de Interacción Planta-Microorganismo, Universidad de Salamanca-IRNASA-CSIC, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

Fungal pathogens are responsible for many plant diseases and cause severe crop losses worldwide, threatening global food security. *B. cinerea*, the causal agent of grey mold disease on over 1000 plant species, can deliver small RNAs (sRNAs) to its host during the infection process to silence host defense genes, and the host plant is able to send sRNAs to the fungal pathogen to inhibit virulence genes. This mechanism was described by our group and called "cross-kingdom RNA interference". The subsequent discovery that *B. cinerea* can efficiently take up environmental sRNAs that silence fungal genes with complementary sequences led to the development of an innovative and eco-friendly fungal disease management strategy: spray-induced gene silencing (SIGS). Although this spray application of RNAs is effective in controlling several fungal pathogens on pre- and post-harvest plant material, the durability of crop protection is not clear, because SIGS is limited by the stability of double-stranded RNA (dsRNA) and its uptake efficiency by the fungus. Here, we made use of nanotechnology to develop coated-dsRNA sprays against key virulence-related (Dicer-like, DCL1 and DCL2) and essential fungal growth genes (VPS51, SAC1, DCTN1) on various plant materials, including leaves, flowers and fruits. On the one hand, by delivering biologically active dsRNA as layered double hydroxide (LDH) or clay particles, a formulation referred to as BioClay™, it can prolong RNA durability on plants, thereby protecting them from pathogens. On the other hand, we developed three artificial nanovesicle formulations that mimic the natural delivery of sRNA through plant exosomes. The use of nanotechnology provides dsRNA protection, as well as higher silencing efficacy than naked dsRNA application over time, therefore offering more potential and broader applications to control fungal plant diseases through sequence-specific SIGS technology.

Financiación

Esta investigación fue cofinanciada por la Diputación de Salamanca (18VB2I/463AC06). Este trabajo también fue respaldado por los fondos obtenidos por la Junta de Castilla y León (Escalera de Excelencia CLU-2018-04) y cofinanciado por el Programa Operacional FEDER de Castilla y León 2014–2020. E.P.A. es receptor de un contrato predoctoral de la Junta de Castilla y León, cofinanciado por los fondos FEDER.



#382 SUGARCANE RHIZOSPHERE BACTERIA: FROM BIOPROSPECTING, CHARACTERIZATION OF FUNCTIONAL PROFILES AND STRUCTURE OF THE BACTERIAL COMMUNITY IN DIFFERENT CROP MANAGEMENT

Julian Masmela , Alejandra Londoño , Jhon Henry Trujillo , Luis Fernando Chávez , Fernando Silva.

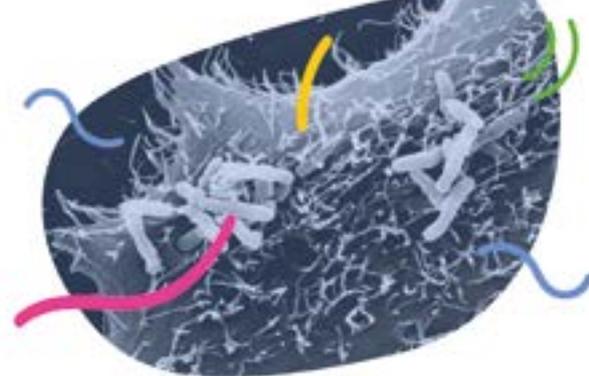
¹(Centro de investigación de la caña de azúcar de Colombia-Cenicaña, Cali, Valle Del Cauca, Colombia)

Resumen de la comunicación

The Colombian sugarcane research center has studied the bacteria associated with sugarcane cultivation and its relationship with crop nutrition and management. The collection of microorganisms includes 110 strains of Azospirillum, Azotobacter, Gluconacetobacter and Rhizobium, identified by sequencing of the 16s rDNA gen and nifH gen. 20 strains have the best biochemical profiles in biological nitrogen fixation, indole-acetic acid production and phosphorus solubilization. The phosphorus solubilization of the strains is greater when growing in phosphate rock. The inoculation of bacterial consortia of *A. brasiliense*, *A. lipoferum* and *A. formosense* can increase the community of N-fixing bacteria and promoting plant growth to increase aerial and root biomass of seedlings. The association of sugarcane cultivation such as mung beans can biostimulate the abundance of microbial groups and functional microbial communities that consume carbohydrates from the rhizosphere, with greater metabolic response in consumption of molecules such as D-cellobiose, D-trealose, D-mannitol, D-arabitol, and i-erythriol. The application of compost tea as an organic management practice produces an increase in the abundance of phosphorus-solubilizing bacteria and N-fixing bacteria in the sugarcane rhizosphere and increases the aerial and root biomass of seedlings. The bacterial community of the sugarcane rhizosphere is represented mainly phyla Actinobacteria, Firmicutes and Proteobacteria and the abundances vary depending on the agronomic management system. In the rizhoshere of soils with organic management, the abundance of Actinobacteria was higher compared to conventional management, with genera such as *Streptomyces*, *Actinoplanes* and *Agromyces*. These microbial genera are important because they participate in the mineralization processes of organic matter, consolidate the formation of humic and fulvic acids in the soil. The abundance of *Pseudomonas* was higher in the rhizosphere of organic cane. The maintenance of conserved soils located near sugarcane crops, are reservoirs of nitrogen-fixing bacteria, mainly of the alpha-proyeobacteria class, of the genera *Sinorhizobium*, *Rhodopseudomonas* and *Mesorhizobium*.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#385 SPRAY-INDUCED GENE SILENCING (SIGS) AS AN EFFECTIVE STRATEGY TO CONTROL PINE PITCH CANKER CAUSED BY FUSARIUM CIRCINATUM &NBSP;

Huma Amin , Irene Teresa Bocos Asenjo, Sandra Mosquera , Mireille Ginesy , Julio Javier Diez Casero.

¹(iuFOR (Instituto Universitario de Investigación en Gestión Forestal Sostenible), University of Valladolid., Palencia, España)

Resumen de la comunicación

Fusarium circinatum is an invasive ascomycete fungus that causes pine pitch canker (PPC) disease in Pine and other coniferous tree species. PPC pathogen is a ubiquitous forest pathogen that affect conifers, causing high socio-economic impacts on nurseries and forest stands. Injudicious use of chemicals to combat PPC does not only leave the environmental residual effects, but it also induces fungicide-resistant pathogenic strains. *F. circinatum* is of great concern in forests, as currently there are no viable measures for the eradication and control of pathogen. In our present studies, the objective is to demonstrate the use of SIGS (Spray-induced gene silencing) to control pathogenic fungus *F. circinatum*. SIGS is based on RNA interference (RNAi), a conserved eukaryotic gene-silencing mechanism naturally occurring in cells. RNAi is induced by double-stranded RNA (dsRNA) in which expression of gene is inhibited or silenced through the degradation of mRNA. RNAi offers specificity and efficacy to silence the genes at mRNA level. The exogenous application of dsRNA through SIGS allows the uptake of molecules by fungus and thus exploiting RNAi mechanism. Here we designed dsRNA molecules targeting essential genes of pathogen that are responsible to block three imperative pathways, that are crucial for pathogenicity and survival of *F. circinatum*. The exogenous application of designed dsRNAs on pine seedlings inoculated with *F. circinatum* ensued in inhibition of fungal growth and delayed symptoms development. This demonstrate that *F. circinatum* is able to uptake dsRNA to trigger RNAi. Here, we demonstrate recent advances in RNAi mediated control of pathogenic fungi *F. circinatum*, as this strategy was more investigated for agriculture pathogens. Hence, the studies illustrated that the use of target-specific dsRNA through SIGS is an effective and eco-friendly strategy to control pathogen in forests and sustainable method for management of PPC pathogen.



#405 BASES MOLECULARES DE LA COLONIZACIÓN DE LA RAÍZ DE AGUACATE UTILIZANDO LA CEPA MODELO DE BIOCONTROL PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS PCL1606 &NBSP;

Blanca Ruiz Muñoz, Sandra Tienda Serrano, Antonio De Vicente Moreno, Francisco M. Cazorla López, José A. Gutiérrez Barranquero.

¹(Universidad de Málaga, Málaga, España)

Resumen de la comunicación

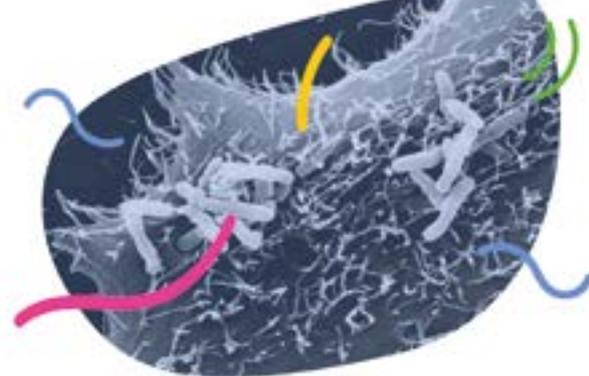
La rizosfera de las plantas proporciona un ambiente rico en nutrientes que atrae de manera selectiva a la microbiota del suelo circundante. Algunos de los microorganismos que colonizan las raíces de las plantas ejercen un efecto beneficioso sobre estas, fomentando el crecimiento vegetal o brindándoles protección frente a diferentes agentes patógenos. De esta forma, la colonización bacteriana de la rizosfera es considerada como uno de los mecanismos principales para el establecimiento de las interacciones beneficiosas planta-bacteria, jugando un papel clave en el estado fitosanitario y la productividad de las plantas. Sin embargo, todavía existen muchos interrogantes sobre las bases moleculares que regulan esta interacción compleja. *Pseudomonas chlororaphis* PCL1606 (PcPCL1606) es una bacteria aislada de las raíces de la planta de aguacate que muestra una potente actividad antagonista y de control biológico frente a diferentes hongos fitopatógenos de suelo como *Rosellinia necatrix* y *Fusarium oxysporum*, así como una colonización eficiente de la raíz de aguacate. Con el objetivo de descifrar los determinantes genéticos responsables de la interacción de PcPCL1606 con la rizosfera del aguacate, se ha llevado a cabo la construcción de una librería de 10.000 mutantes mini-Tn5-gfp de la cepa silvestre. La capacidad de colonización de estos mutantes se ha analizado utilizando dos modelos vegetales diferentes, semillas de tomate y raíces de aguacate, centrándonos en aquellos mutantes que tienen afectada su capacidad de colonización. La caracterización de los mutantes mediante el análisis de fenotipos relevantes relacionados con el proceso de colonización, junto con la identificación de los genes interrumpidos, proporcionará información esencial para descifrar las bases moleculares de la colonización de la raíz de aguacate utilizando como modelo PcPCL1606.

Financiación

Proyectos de Generación de Conocimiento, Convocatoria 2021. PID2021-123713OB-I00. Bases de la interacción beneficiosa entre *Pseudomonas chlororaphis* y la rizosfera del aguacate.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#419 LEARNING FROM NATURE: HALOPHYTE MICROBIOMES TO COPE WITH SALT STRESS IN PLANTS

Miguel Rodriguez Gonzalez^{1,2}, Guillermo Egido Guerrero^{3,4}, Jos Raaijmakers^{1,2}, Victor J. Carrion Bravo^{3,4,5,6}.

¹ (Metagenomics and Plant-Microbe Interactions, Leiden, Países Bajos)

² (Microbial Ecology Dept., Wageningen, Países Bajos)

³ (Institute of Biology Leiden, Leiden, Países Bajos)

⁴ (Netherlands Institute of Ecology (NIOO-KNAW), Wageningen, Países Bajos)

⁵ (Departamento de Microbiología, Malaga, España)

⁶ (Department of Microbiology and Plant Protection, Malaga, España)

Resumen de la comunicación

As sessile organisms, plants experience stress from various biotic and abiotic factors. Among abiotic stresses, salinity has become a major threat to agriculture due to climate change and the abuse of chemical fertilizers. Presently, over 20% of agricultural land is affected by high salinity, and this percentage is projected to increase to 50% by 2050, potentially leading to a food crisis in the near future.

To counteract salt stress, plants have evolved multiple mechanisms, such as maintaining phytohormone balance, producing antioxidants and osmoprotectants. However, these mechanisms are insufficient to maintain high plant yield under high salinity conditions. It is well known that certain bacterial strains which live in association with plants, known as plant growth promotion bacteria (PGPB), can increase salt resilience through mechanisms such as the interference with phytohormone balance, biofilm formation, extracellular polymeric substances (EPS) or osmoprotectants production. However, these mechanisms have been extensively studied and are deemed insufficient to cope with the upcoming increase in salinity in agricultural land. Recently, marine environments have emerged as a promising unexplored source of bacteria that are well-adapted to salinity, and these bacteria may harbour new mechanisms for enhancing salinity tolerance in plants.

In this project, we adopted a "learning from nature" approach and focused on studying the microbiomes of halophytes native to Terschelling island (The Netherlands). We conducted metagenomic analysis using 16S rRNA to study the bacterial community associated with these plants. In parallel, a culture-dependent approach was performed to isolate bacteria from these plants and these strains were characterized for PGP traits and screened for salinity tolerance using the model plant *Arabidopsis thaliana* Col-0. Using both approaches we aim to discover new microbial mechanisms related with the induction of salinity resilience in plants.

Financiación

This project has received funding from European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under Grant Agreement no. 101000391 (MARBLES)



#421 UN GEN QUE CODIFICA UNA PROTEÍNA DE PARED CELULAR CON ANCLAJE A GPI, UNA NUEVA OPORTUNIDAD PARA CONTROLAR PODOSPHAERA XANTHII.

Isabel P. Roji, Dolores Fernández Ortuño, Alejandro Pérez García.

¹(Universidad de Málaga, Málaga, España)

Resumen de la comunicación

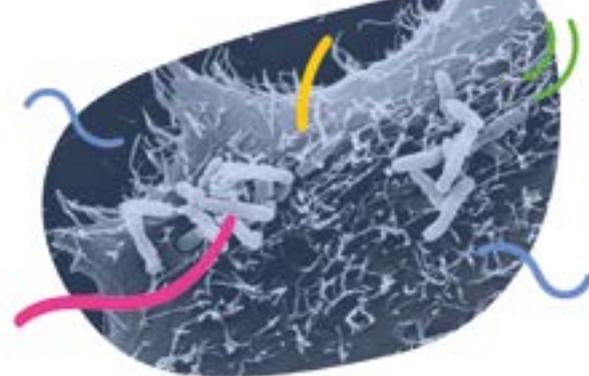
Una de las principales limitaciones en la producción del cultivo de cucurbitáceas es la producida por la enfermedad del oídio, causada por el hongo biotrofo *Podospheera xanthii*. Para controlar la enfermedad, se lleva a cabo un manejo integrado combinando distintas estrategias, siendo la aplicación de fungicidas el método más utilizado y eficaz. Sin embargo, *P. xanthii* ha sido catalogado por el Fungicide Resistance Action Committee (FRAC) como un patógeno con un alto riesgo de desarrollo de resistencia al poco tiempo de ser estos compuestos autorizados para su uso. Si a ello le sumamos las nuevas restricciones que estos productos fitosanitarios están teniendo a nivel europeo, debido a la estrategia “de la granja a la mesa” dentro del Pacto Verde Europeo, nuevas herramientas fitosanitarias que permitan un control sostenible de esta enfermedad son necesarias. Es por ello que el empleo de tecnologías emergentes como el ARNi mediante el silenciamiento génico inducido por pulverización (SIGS), está atrayendo cada vez más el interés de empresas agrobiotecnológicas. En este trabajo se ha evaluado si el gen *Ecm33* de *P. xanthii*, que codifica para una proteína de anclaje a glicosilfosfatidilinositol (GPI) que parece ser fundamental para el correcto ensamblaje de la pared celular fúngica, podría ser un gen esencial para el desarrollo de *P. xanthii*. Los resultados preliminares obtenidos tras pulverizar ARNdc dirigidos a silenciar la expresión de *PxEcm33* sobre plantas de melón inoculadas con conidios de *P. xanthii*, han mostrado una reducción significativa del desarrollo fúngico. Estos resultados sugieren que el gen *Ecm33* puede ser una diana prometedora para el control del oídio de las cucurbitáceas.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado por la AEI (PID2019-107464RB-C21). IPR agradece el contrato predoctoral PRE2020-093156 de la AEI.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#423 POTENCIAL DE LA CEPA BACTERIANA PSEUDOMONAS SP. CDVBN10 COMO BIOINOCULANTE AGRÍCOLA DE AMPLIO ESPECTRO

Lihuén Iraí González Dominici¹, Esther Menéndez^{1,2}, Sabhjeet Kaur³, George C. Dicenzo³, Zaki Saati Santamaría^{1,2}, Paula García Fraile^{1,2}

¹(Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

²(Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Villamayor de la Armuña, España)

³(Queen's University, Ontario, Canadá)

Resumen de la comunicación

En estudios previos, se ha demostrado la capacidad de la cepa bacteriana Pseudomonas CDVBN10 para promover el crecimiento en cultivos de colza, inducir resistencia a estreses abióticos e inhibir la proliferación de hongos fitopatógenos, sugiriendo su potencial como biofertilizante, bioestimulante y agente de control biológico.

En este trabajo, se planteó el análisis de la capacidad de esta cepa para colonizar diferentes cultivos agrícolas, con el objetivo futuro de desarrollar un bioinoculante de amplio espectro. Para ello, se analizó su capacidad de colonización en raíces de 10 cultivos agrónomicamente relevantes (*Solanum lycopersicum*, *Hordeum vulgare*, *Zea mays*, *Triticum aestivum*, *Medicago sativa*, *Glycine max*, *Pisum sativum*, *Phaseolus vulgaris*, *Lupinus angustifolius* y *Vaccinium corymbosum*). Las plántulas fueron inoculadas con la cepa CDVBN10 modificada genéticamente para expresar una proteína verde fluorescente (GFP) y fueron analizadas mediante microscopía. El ensayo resultó en una colonización efectiva a lo largo de toda la longitud de la raíz en todas las especies de plantas probadas. La cepa, además, fue capaz de promover el crecimiento vegetal de algunas de estas especies durante los primeros estadios del desarrollo. Para analizar más a fondo el potencial de este probiótico vegetal, obtuvimos la secuencia de su genoma completo combinando lecturas largas y cortas para generar un cromosoma ensamblado híbrido. El análisis de la secuencia completa reveló la presencia de genes relacionados con la colonización de raíces de plantas y varios mecanismos involucrados en las interacciones planta-microorganismo. Todos estos resultados muestran que la cepa CDVBN10 es capaz de colonizar el sistema de raíces de varias especies de plantas, lo que podría deberse a la presencia de genes involucrados en la interacción directa entre la planta y la bacteria, lo que sugiere el potencial de esta cepa para formularse como un biofertilizante de amplio espectro.

Financiación

Subvención TED2021-129157B-I00 financiada por MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR



#425 SELECCIÓN DE BACTERIAS PROMOTORAS DE RESISTENCIA A ESTRESSES BIÓTICOS Y ABIÓTICOS COMO POTENCIALES INOCULANTES DE CULTIVOS DE OLIVO

Marina García-Gómez ¹, Lihúen Iraí González-Dominici ^{1,2}, Zaki Saati-Santamaría ^{1,2,3}, Sergio P. Gorjón ^{4,5}, Javier Bobo-Pinilla ^{4,5}, Claudia S. L. Vicente ^{6,7}, Lorena Carro ^{1,2,8}, Paula García-Fraile ^{1,2,8}.

¹ (Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

² (Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Villamayor de la Armuña, Salamanca, España)

³ (Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Praga, República Checa)

⁴ (Departamento de Botánica, Universidad de Salamanca, Salamanca, España)

⁵ (Bióbanco de ADN Vegetal, Edificio Multiusos I+D+i, Salamanca, España)

⁶ (Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas, Departamento de Biologia, Universidade de Évora, Évora, Portugal)

⁷ (Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Sistemas Agrários e Florestais e Sanidade Vegetal, Oeiras, Portugal)

⁸ (Unidad Asociada de Interacción Planta-Microorganismo, Universidad de Salamanca-IRNASA-CSIC, Salamanca, España)

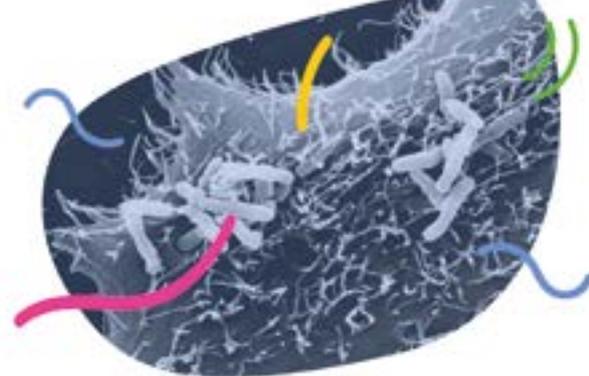
Resumen de la comunicación

Algunas bacterias asociadas a plantas promueven el crecimiento vegetal (PGP) a través de distintos mecanismos (aporte de nutrientes, síntesis de fitohormonas e inducción de resistencia a estreses bióticos y abióticos). El desarrollo de bioinoculantes bacterianos puede incrementar la eficiencia y productividad de los cultivos, reduciendo costes e impacto ambiental, e incrementando la resiliencia de los cultivos a periodos de estrés, siendo el cultivo del olivo un cultivo de interés de cara al desarrollo de este tipo de inoculantes por su relevancia en los países de la cuenca mediterránea. Con este objetivo, se generó una colección de 75 aislados, incluyendo cepas aisladas de rizosfera y endosfera de hojas de olivo, así como cepas endófitas de otras plantas con potencial PGP disponibles en nuestro laboratorio. Se analizó su capacidad para movilizar nutrientes y producir fitohormonas, su resistencia a estreses abióticos (temperatura, salinidad y estrés hídrico) y su capacidad de inhibir hongos fitopatógenos. En base a estos datos, se seleccionaron las mejores 24 cepas bacterianas, las cuales se identificaron a nivel de especie en base a la secuencia de su gen ribosómico ARN 16S. Paralelamente, se realizó un análisis de las poblaciones bacterianas de 1104 rizosferas de cultivos, (155 pertenecientes a olivos). Se buscaron taxones con una abundancia significativamente mayor en este cultivo que en el resto. Teniendo en cuenta los taxones asociados de manera significativa al cultivo del olivo y las cepas con mayor potencial de inducir resistencia a estreses, se seleccionaron 10 cepas para ser probadas en plantones de olivo en condiciones de invernadero, encontrándose como algunas de nuestras cepas son capaces de mejorar de manera significativa el desarrollo de esta planta.

Futuros análisis incluirán la elaboración de consorcios microbianos y el análisis de su capacidad para inducir la resistencia del olivo a estreses bióticos y abióticos.

Financiación

Proyecto PRIMA "BIOMEnext", un programa apoyado por la Unión Europea y por MCIN/AEI (PCI2022-132990)



COMUNICACIONES PÓSTER

Microbiología del Medio Acuático

#72 EFECTO DE LA TEMPERATURA Y LA RADIACIÓN VISIBLE EN LA SUPERVIVENCIA DE VIBRIO SPP. EN CONDICIONES DE ESCASEZ DE NUTRIENTES

Maite Orruño Beltrán^{1,2}, Elixabet Ogayar Sandoval¹, Arkaitz Almaraz Herce¹, Iciar Martínez Galarza^{3,2,4}, Inés Arana Basabe^{1,2}.

¹(Dpto. Inmunología, Microbiología y Parasitología. Fac. Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco UPV/EHU, Leioa, España)

²(Centro de Investigación en Biología y Biotecnología Marinas Experimentales (PIE-UPV/EHU), Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea UPV/EHU, Plentzia, España)

³(Dpto. Zoología y Biología Celular Animal. Fac. Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco UPV/EHU, Leioa, España)

⁴(IKERBASQUE, Basque Foundation for Science, Bilbao, España)

Resumen de la comunicación

El presente trabajo estudia el efecto de tres factores ambientales abióticos condicionantes, entre otros, de la persistencia de *Vibrio* en los sistemas acuáticos: la temperatura, la concentración de nutrientes y la radiación solar. Se determinaron las estrategias de supervivencia de *V. harveyi* CECT 525, así como de cepas de *V. harveyi* y *V. cyclitrophicus* ambientales (Ogayar et al., 2021), sometidas a condiciones adversas caracterizadas por la escasez de nutrientes. Para ello, las poblaciones de *Vibrio* spp. se mantuvieron en agua de mar estéril a 20°C y a 30°C, y bajo condiciones de oscuridad o bajo radiación visible continua (15,93 W/m², 400-700 nm, picos de emisión a 410, 440 y 550 nm). Periódicamente se determinó el número de vibrios totales, viables y cultivables en Agar Marino, se calculó su longitud celular media y la distribución de las poblaciones en función de este último parámetro. Los resultados evidencian diferentes respuestas frente a los factores abióticos de las poblaciones de *Vibrio* estudiadas, pero mostrando también ciertos aspectos en común. Por ejemplo, las poblaciones de *Vibrio* mantuvieron la integridad y la viabilidad en todos los casos; si bien la evolución de la cultivabilidad varió en función del binomio cepa/especie-temperatura de incubación, y el descenso en el número de células cultivables más acusado se detectó en las poblaciones expuestas a radiación visible. Otra similitud en la respuesta al estrés de las diferentes poblaciones de vibrios fue la adopción de una apariencia cocoide por efecto de la escasez de nutrientes. Nuevamente, este fenómeno fue más acusado para las poblaciones mantenidas bajo radiación visible. En conclusión, nuestros resultados indican que la radiación solar podría considerarse el factor más estresante de los tres examinados potenciando las respuestas provocadas por exposición a los otros dos factores estudiados.

Financiación

Gobierno vasco: Proyecto IT1657-22; Beca predoctoral A.A. Universidad del País Vasco: Proyecto GIU20/54; Beca predoctoral E.O.



Referencias

Ogayar et al. 2021. *Environ Microbiol Rep* 13(6):928-933. doi: 10.1111/1758-2229.13015.

#95 EVALUACIÓN DE LA EFICACIA DEL TRATAMIENTO DESCENTRALIZADO DE AGUAS RESIDUALES EN LA ELIMINACIÓN DE VIRUS ENTÉRICOS

Marta Lois Alvedro, David Polo Montero, Matías Rivadulla Cora, Sonia Suárez Martínez, Juan Manuel Garrido Fernández, Francisco Omil Prieto, Jesús Ángel López Romalde.

¹ (Universidad de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

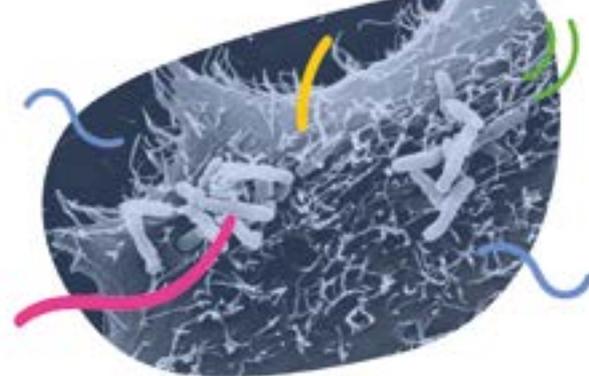
Uno de los principales objetivos del tratamiento descentralizado de aguas residuales es la eliminación de patógenos, principalmente bacterias y virus, reduciendo así el riesgo para la salud pública y previniendo la propagación de enfermedades. En un sistema de tratamiento descentralizado de aguas residuales, aguas negras (aquellas que entran en contacto con la materia fecal) y aguas grises (procedentes de lavabos) son separadas y tratadas de manera independiente según sus propias características para su reutilización. En este estudio se evaluó la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de diferentes virus entéricos (Sapovirus -SaV-, Norovirus -NoV GI, NoV GII- y Virus de la Hepatitis E -HEV-) mediante el análisis de muestras de aguas negras y grises procedentes de influentes y efluentes de un edificio de oficinas situado en el sur de Galicia (NW de España) desde Octubre de 2022 hasta Marzo de 2023. Las muestras, que consistieron en 200 mL (aguas negras) y 2000 mL (aguas grises), fueron concentradas para posteriormente extraer el RNA y llevar a cabo la cuantificación de los virus por PCR cuantitativa en tiempo real (RT-qPCR). En el efluente de las aguas negras se observó una reducción en la concentración de SaV, NoV GI y NoV GII con respecto al influente. Con respecto a las aguas grises, tanto en el influente como en el efluente no se detectaron SaV y HEV. Estos resultados demuestran que la implementación de sistemas de tratamiento descentralizado de aguas residuales constituye una solución efectiva para la eliminación de virus entéricos causantes de enfermedades gastrointestinales.

Financiación

El presente trabajo forma parte del proyecto PRESAGE ("Potential of decentralized wastewater treatment for preventing the spread of antibiotic resistance, organic micropollutants, pathogens and viruses"), financiado por la Agencia Estatal de Investigación (AEI), "AquaticPollutants JPI" (Referencia: PCI2021-121990).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#108 BACTERIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EN AGUAS DE LA CUENCA DEL RÍO TAJO DE LA RED NATURA 2000: UN ESTUDIO PRELIMINAR

Susana Seseña Prieto, Cristina De Los Reyes Ramos, David García Valentín-Fernández, Cristina Hidalgo Da Silva, María Rodríguez Pérez, Ma De Los Llanos Palop Herreros, Beatriz Larraz Iribar, Rosa Del Carmen Rodríguez Martín-Doimeadios.

¹ (Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo, España)

Resumen de la comunicación

Actualmente, la prevalencia de infecciones causadas por bacterias resistentes a los antibióticos es un grave problema de salud global, por la dificultad que su tratamiento supone y el consiguiente aumento del número de muertes. La OMS considera que esta es una gran amenaza para la humanidad, motivo por el que las resistencias a los antimicrobianos se han incluido en el plan de acción europeo "Una sola salud" que pretende dar solución a este problema (<https://www.onehealthcommission.org/>). Natura 2000 es una red de espacios protegidos creada para garantizar la supervivencia de las especies y hábitats más valiosos y amenazados de Europa [1], siendo la contaminación una de las principales causas de la pérdida de biodiversidad en los mismos. En la cuenca media del río Tajo existen espacios incluidos en la Red Natura 2000 que están en grave peligro por el elevado estrés contaminante al que están sometidos, consecuencia de la superpoblación y de las actividades industriales. Los ríos son considerados puntos críticos en el proceso de transferencia de genes de resistencia a los antibióticos, por la presencia en los mismos de antibióticos procedentes de las actividades ganaderas y agrícolas y de las descargas de aguas residuales. A pesar de la magnitud del problema, es muy escasa la información disponible relativa a áreas protegidas de la cuenca del río Tajo. En este estudio, se ha determinado la presencia y distribución de bacterias resistentes a los antibióticos y el resistoma, en aguas superficiales de lugares de la red Natura 2000 en la cuenca media del río Tajo a su paso por Castilla-La Mancha. Por tratarse de un estudio preliminar sólo se han incluido los resultados de los muestreos efectuados en verano del 2022, pero serán el punto de partida para la planificación de un estudio más completo en el futuro.

Financiación

Proyecto 220329UCTR (Artículo 83 -contrato de I+D) de la Dirección General de Medio Natural y Biodiversidad (Consejería de Desarrollo Sostenible, JCCM) y Cátedra del Tajo UCLM-Soliss (Convenio Ref. 30082021, de 29 julio 2021).

Hipervínculo

<https://www.onehealthcommission.org/>

Referencias

[1] Natura 2000 Network Viewer. <https://natura2000.eea.europa.eu/>.



#116 DISEÑO DE UN SENSOR ELECTROQUÍMICO PARA LA DETECCIÓN DE VIBRIO VULNIFICUS

Arnau Pérez Roig¹, Bergoi Ibarlucea ², Carmen Amaro González¹, Gianauelio Cuniberti ².

¹(Universidad de Valencia, Valencia, España)

²(Chair of Materials Science and Nanotechnology at the Technische Universität Dresden (TU Dresden) and the Max Bergmann Center of Biomaterials in Dresden, Dresden, Alemania)

Resumen de la comunicación

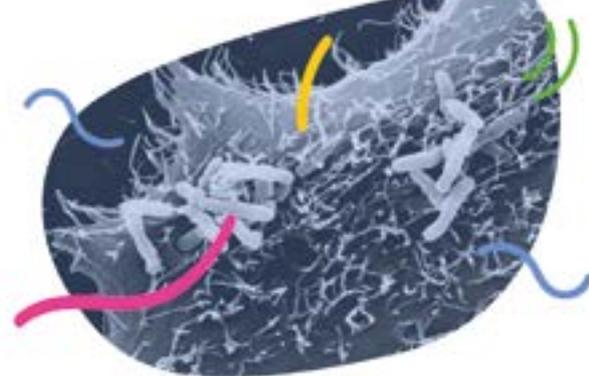
Vibrio vulnificus es un microorganismo zoonótico de gran importancia como patógeno humano y animal. Aunque no se dan muchos casos de infecciones por *V. vulnificus* anualmente, el cambio climático está propiciando su propagación y se prevé que su incidencia aumentará en los próximos años. La técnica principal para su detección actualmente es la amplificación por PCR, metodología que requiere mucho tiempo, recursos humanos y personal capacitado para llevarse a cabo. Por este motivo, recientemente están surgiendo nuevas alternativas más eficaces, como los biosensores eléctricos. Estos dispositivos permiten construir plataformas de bajo coste, con alta sensibilidad y miniaturización. Entre estos, los sensores de impedancia destacan por su alta capacidad de detección y su pequeño tamaño. Además, al incluir elementos biológicos en su superficie, la especificidad del sensor aumenta considerablemente, convirtiéndose en un biosensor. De esta forma, la implantación de biosensores como herramienta de detección de *V. vulnificus* contribuiría a disminuir la probabilidad de transmisión de esta enfermedad tanto a animales como al ser humano. El objetivo de este trabajo es desarrollar un biosensor de impedancia, funcionalizado con secuencias de ADN monocatenario complementarias al gen *vwha*, que codifica una hemolisina específica de especie que se utiliza como marcador de detección. En este trabajo se comprobó la especificidad y sensibilidad del sensor en muestras que contenían desde 1nM a 1pM de ADN sintético. Finalmente, se evaluó la capacidad del biosensor para detectar la presencia de ADN extraído de cultivos puros de la bacteria, siendo capaz de diferenciarla con éxito de otras especies de *Vibrio*.

Financiación

Este estudio forma parte del programa ThinkInAzul y fue apoyado por la subvención THINKINAZUL/2021/027 de MCIN (Ministerio de Ciencia e Innovación de España) con financiación de la Unión Europea NextGeneration EU (PRTR-C17.11) y GV (Generalitat Valenciana). El estudio también contó con el apoyo de las becas PID2020-120619RB-I00 financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y CIAICO/2021/293 financiada por "Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad Digital" (Generalitat Valenciana, España). Este trabajo también ha sido financiado por las becas ID2020-120619RB-I00 financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y AICO/2020/076 financiada por GV así como la beca ACIF/2021/334 financiada por GV.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#137 BÚSQUEDA DE BIOACTIVIDADES EN CEPAS DE STREPTOMYCES ASOCIADAS A HALICLONA SIMULANS FRENTE A PATÓGENOS DE PECES Y MICROORGANISMOS FITOPATÓGENOS.

Fernando Román Hurtado¹, Ignacio González¹, Rachel Serrano¹, Víctor González Menéndez¹, Pilar Sánchez¹, Mercedes De La Cruz¹, Rubén Tormo¹, Stephen Jackson², Alan Dobson², Olga Genilloud¹.

¹(Fundación MEDINA, Granada, España)

²(University College Cork, Munster, Irlanda)

Resumen de la comunicación

El medio marino continúa siendo una fuente inagotable y poco estudiada de productos naturales con una posible aplicación en las industrias farmacéuticas y alimentarias. El proyecto europeo MARBLES (Marine Biodiversity as Sustainable Resource of Disease-Suppressive Microbes and Bioprotectants for Aquaculture and Crop Diseases) busca acceder y explotar la biodiversidad microbiana marina para identificar nuevos microorganismos y moléculas bioactivas con potencial aplicación en salud humana y en el control de patógenos en acuicultura y agricultura. Como parte del proyecto, se realizó la puesta a punto y validación de ensayos HTS frente a cinco bacterias patógenas de peces (*Vibrio carcharias*, *Tenacibaculum maritimum*, *Yersinia ruckeri*, *Vibrio anguillarum*, *Vibrio parahaemolyticus*). Para ello, se tuvieron en cuenta diferentes criterios como el medio de cultivo, la temperatura y el tiempo de incubación y la validación de compuestos ya conocidos con capacidad antibacteriana que actúan como controles. Por otra parte, se ha explorado la capacidad de producir metabolitos bioactivos por parte de una selección de 18 cepas de *Streptomyces* spp. aisladas de la esponja marina *Haliclona simulans*. Las cepas se fermentaron en 12 medios diferentes y los metabolitos secundarios producidos se extrajeron mediante una extracción en fase sólida (Solid Phase Extraction, SPE) con resina HP-20. La actividad de los extractos generados se determinó frente al panel de patógenos de peces, así como un panel de bacterias y hongos fitopatógenos midiendo la inhibición del crecimiento (mediante absorbancia a OD612) y la viabilidad celular (reducción de resazurina mediante fluorescencia). El análisis por LC-MS frente a nuestras librerías de productos naturales permitirá seleccionar aquellos extractos activos con mayor potencial para el aislamiento de nuevos compuestos bioactivos.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por el proyecto europeo MARBLES. Número de subvención: 101000392 <https://cordis.europa.eu/project/id/101000392>



#144 PAPEL DE LAS PROTEÍNAS SOLUBLES SECRETADAS EN LA VIRULENCIA DEL PATÓGENO TENACIBACULUM MARITIMUM

M. Pilar Escribano , Miguel Balado , Alicia E. Toranzo , Manuel L. Lemos , Beatriz Magariños.

¹(Universidad de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

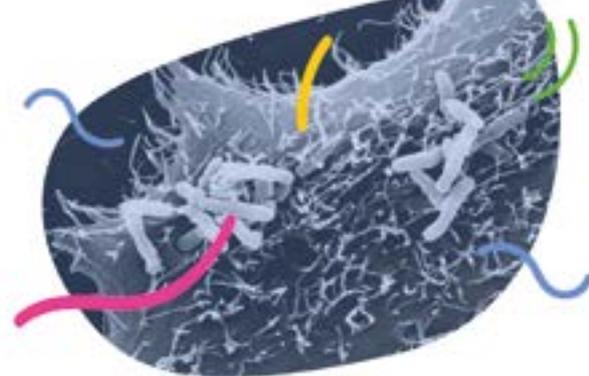
Tenacibaculum maritimum, agente causante de la tenacibaculosis en peces marinos, secreta productos extracelulares solubles (S-ECPs). Se sospecha que algunos de sus constituyentes actúan de forma sinérgica con otros factores de virulencia, conduciendo a la destrucción de tejidos y a la mortalidad de los peces infectados. Sin embargo, el contenido proteico de estos productos secretados aún no se ha estudiado exhaustivamente. En este trabajo se utilizó una colección de 64 cepas de T. maritimum pertenecientes a los cuatro serotipos descritos hasta ahora (O1 a O4) para analizar la prevalencia de actividades lipolíticas y proteolíticas extracelulares potencialmente relacionadas con la virulencia. Además, las proteínas secretadas se extrajeron y se analizaron mediante nLC-TIMS-QTOF. Se identificaron un total de 264 proteínas, entre las que se encontraron diversas proteínas candidatas a actuar como posibles factores de virulencia, como una hemolisina (Tly), condroitinasa (CslA), sialidasa (SiaA), colagenasa (Col), ceramidasa (Cer), esfingomielinasa (Sph), así como algunas proteasas (DegP, PrtA and PrtB) y lipasas (LipA or LipB). Además, se identificaron los genes que codificarían estas enzimas potencialmente involucradas en la lisis de las células huésped. Debido a la dificultad de generar mutantes estables en esta bacteria, para demostrar el papel de dichos genes, fragmentos sintéticos con las secuencias de los genes candidatos se clonaron en el vector pET-20b(+) y las proteínas recombinantes se obtuvieron en forma soluble en E. coli BL21(DE3). Además, las actividades de estos productos extracelulares solubles fueron evaluados in vivo en juveniles de Solea senegalensis. El análisis del secretoma de T. maritimum aporta información sobre la función de los productos extracelulares y constituye la base para futuros estudios destinados a dilucidar el papel de las proteínas secretadas en la patogénesis de la tenacibaculosis marina.

Financiación

Este trabajo fue financiado por el proyecto RTI2018-093634-B-C21 (AEI, con cofinanciación FEDER). M.P.E. disfruta de un contrato FPI (PRE2019-089544).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#152 EFECTOS DE LA DESECACIÓN EN LAS COMUNIDADES MICROBIANAS DEL BIOFILM DE DOS CUERPOS DE AGUA CONTINENTALES HIPERSALINOS INTERMITENTES

Jordi Urmeneta ¹, Robert Benaiges Fernandez¹, Ariadna Vidal ¹, Maria Mercedes Berlanga ¹, Rosa Gomez ², Anna M. Romaní ³, Andrea Butturini ¹.

¹(Universidad de Barcelona, Barcelona, España)

²(Universidad de Murcia, Murcia, España)

³(Universidad de Girona, Girona, España)

Resumen de la comunicación

El presente estudio se ha enfocado en evaluar el estado fisiológico de las comunidades microbianas de ambientes hipersalinos de la península ibérica, específicamente en la laguna endorreica de La Muerte y en la rambla de los Serranos. Estos ambientes se caracterizan por su alta salinidad y la transición de un ambiente saturado de agua a un ambiente plenamente seco. El estudio de estos sistemas intermitentes es de gran relevancia porque debido al cambio climático tenderán a ser cada vez más abundantes. Para este estudio, se utilizó la técnica de biomarcadores lipídicos, la cual permite evaluar el estado fisiológico de las comunidades microbianas con un método independiente de cultivo. En este caso, se analizaron los FAME's (Fatty Acid Methyl Ester) del tapete microbiano como indicadores de la biomasa microbiana viable, el estado fisiológico de las poblaciones y la composición de la comunidad, para poder evaluar los cambios de las comunidades sometidas a la desecación. Estas comunidades muestran un estrés metabólico moderado y su velocidad de crecimiento se ve modificada considerablemente a medida que disminuye la disponibilidad de agua. En concreto, se observó que las poblaciones microbianas ralentizan su crecimiento a medida que se produce la desecación en todas las muestras excepto en las superficiales de época húmeda, que muestran un crecimiento moderadamente activo. En definitiva, los resultados obtenidos en este estudio proporcionan información relevante sobre la ecología microbiana en ecosistemas hipersalinos intermitentes, y en particular sobre cómo las comunidades microbianas se adaptan a condiciones extremas como la alta salinidad y la desecación. Además, la utilización de biomarcadores lipídicos como herramienta para evaluar el estado fisiológico de estas comunidades ha demostrado ser muy útil para los estudios de las poblaciones microbianas de estos ambientes.

Financiación

Proyecto PID2021-123735OB-C22 EL ACOPLAMIENTO CARBÓN-MICROBIOMA EN AGUAS SALINAS ENDORREICAS BAJO LA CRISIS CLIMÁTICA ACTUAL



**#153 DIVERSIDAD Y FUNCIONALIDAD PROCARIÓTICAS DE MUESTRAS DE BIOFILM-
SEDIMENTO Y COLUMNA DE AGUA EN LA LAGUNA LA MUERTE, MONEGROS,
ESPAÑA**

Mercedes Berlanga , Pere Picart , Arnau Blasco , Ricardo Guerrero , Jordi Urmeneta.

¹(Universidad de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

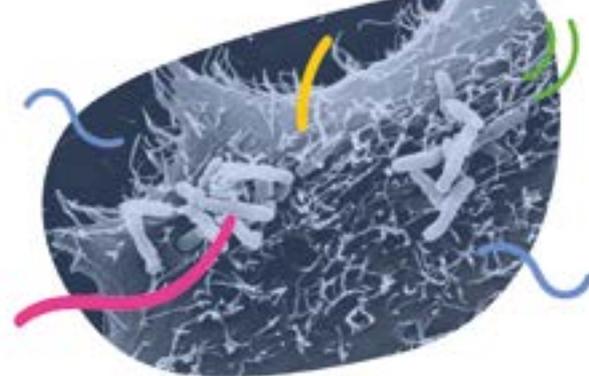
La laguna de La Muerte es un lago endorreico efímero ubicado en el desierto de Los Monegros en España. El estudio consistió en el análisis de la diversidad taxonómica y funcional de las comunidades procariotas en muestras de biofilm-sedimento y columna de agua. Para evaluar la diversidad de bacterias, se secuenciaron amplicones de la región V3-V4 del gen 16S rRNA, utilizando la plataforma Illumina MiSeq. El programa PICRUSt se utilizó para inferir la funcionalidad de la comunidad. Así, en general, el biofilm-sedimento tenía una mayor diversidad taxonómica en comparación con la columna de agua. El biofilm-sedimento contenía más Alphaproteobacteria, Bacillota, Cyanobacteria, Deltaproteobacteria, Spirochaetota y Verrucomicrobiota, mientras que las muestras de la columna de agua mostraron más Bacteroidota, Patescibacteria y Gammaproteobacteria.. El análisis funcional mostró mayor actividad metabólica y energética en las muestras de biofilm-sedimento respecto a las muestras de la columna de agua. Se observó que la fijación de CO₂ se realizaba mediante el ciclo de Calvin-Benson. La vía más importante para el metabolismo del nitrógeno fue la fijación de N₂ en el biofilm-sedimento. En contraste, la desnitrificación fue la actividad metabólica principal en la columna de agua. Las bacterias reductoras de sulfato se encontraron predominantemente en las muestras de sedimento. En general, la columna de agua parece ser un ambiente más estresado que el biofilm-sedimento. Este estudio sugiere una fuerte conexión entre ambos hábitats y proporciona información sobre la diversidad funcional y taxonómica de las comunidades procarióticas.

Financiación

MCIN PID2021-123735OB-C.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#171 AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE BACTERÍOFAGOS LÍTICOS ESPECÍFICOS DE AEROMONAS Y USO POTENCIAL PARA EL CONTROL DE BIOFILMS

Roberto Monllor Guerra¹, Maria José Figueras Salvat¹, Isabel Pujol Bajador^{1,2}, Ana Fernández Bravo¹.

¹(Unitat de Microbiologia, Departament de Ciències Mèdiques Bàsiques, Facultat de Medicina i Ciències de la Salut, IISPV, Universitat Rovira i Virgili, Reus, España)

²(Laboratori Microbiologia, Hospital Universitari Sant Joan de Reus, Entitat de Dret Públic (EDP) Salut Sant Joan de Reus-Baix Camp, Reus, España)

Resumen de la comunicación

Aeromonas es un género bacteriano autóctono del medio acuático siendo algunas de sus especies consideradas patógenos del ser humano. En los últimos años se ha observado un aumento de cepas multirresistentes a los antibióticos y formadoras de biofilms, limitando aún más la efectividad de la antibioterapia. Una de las alternativas para la eliminación de biofilms es el uso de bacteriófagos líticos. En la actualidad, existen varios bacteriófagos de Aeromonas caracterizados, sin embargo, hay pocos estudios que investiguen su aplicación para la eliminación de biofilms. Los objetivos de este trabajo fueron aislar y caracterizar bacteriófagos específicos de Aeromonas en la estación depuradora de aguas residuales de Reus y analizar su eficacia en el control de biofilms formados por cepas de este género. Se aislaron cepas de Aeromonas y se identificaron mediante secuenciación del gen housekeeping *rpoD*. Dichas cepas se utilizaron en cultivo líquido para el aislamiento de bacteriófagos específicos, confirmando su presencia mediante el método de la doble capa de agar. Una vez purificados, se estudiaron diferentes características, como la morfología mediante microscopía electrónica de transmisión (TEM), su estabilidad a diferentes temperaturas y pH, rango de hospedador y cinética de lisis. Finalmente, se analizó su capacidad tanto para prevenir la formación como para eliminar biofilms producidos por varias cepas de Aeromonas. Se aisló el bacteriófago Φ AvB1, cuya morfología correspondió con la de la familia Siphoviridae. Dicho fago mostró un estrecho rango de huésped, un período de latencia corto, y una gran estabilidad a diferentes valores de temperatura y pH. Por último, mostró una eficacia considerable en la prevención y tratamiento de biofilms establecidos. En conclusión, la metodología utilizada es útil para el aislamiento de bacteriófagos líticos de Aeromonas. El bacteriófago Φ AvB1 tiene el potencial apropiado para ser utilizado como agente de biocontrol de biofilms de Aeromonas.



#191 EFICACIA DE LOS TRATAMIENTOS IMPLEMENTADOS EN EDARS EN LA ELIMINACIÓN DE BACTERIAS RESISTENTES A ANTIMICROBIANOS PARA LA REGENERACIÓN DEL AGUA

Rebeca Cordero García¹, Marcia Oliveira¹, Pilar Truchado², Mabel Gil², Manuel Abellán Soler³, Amador Rancaño⁴, Francisca García⁴, Avelino Álvarez Ordoñez¹, Ana Allende².

¹(Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, León, España)

²(Departamento de Tecnología de los Alimentos, CEBAS-CSIC, Campus Universitario de Espinardo, Murcia, España)

³(Entidad Regional de Saneamiento y Depuración de Murcia (ESAMUR), Murcia, España)

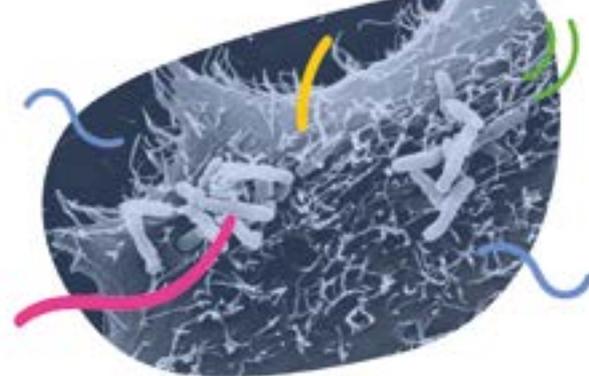
⁴(Acciona Agua, S.A.U, Murcia, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a los antimicrobianos y la escasez de agua constituyen dos de los principales desafíos de nuestro tiempo. La utilización del agua regenerada (agua residual desinfectada) como agua de riego supone un nexo de unión entre estos dos grandes problemas, por un lado, protegiendo las reservas de agua y por otro, como posible vía de concentración de genes y bacterias de resistencia a los antimicrobianos. Por ese motivo, es muy importante evaluar la eficacia de los tratamientos implementados en las plantas de tratamiento de aguas residuales. El objetivo del presente estudio fue evaluar la prevalencia y concentración de cepas de *Escherichia coli* productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) en el influente y efluente de cuatro EDARs españolas donde se utilizan distintos tratamientos de aguas residuales urbanas. También se examinaron los perfiles de susceptibilidad de 236 aislados de *E. coli* BLEE frente a una amplia gama de antibióticos. Los resultados mostraron que los tratamientos de desinfección utilizados redujeron significativamente (5 unidades logarítmicas) los recuentos de *E. coli* BLEE ($\leq 1 \log \text{cfu}/100 \text{ mL}$) en el agua regenerada. Los aislados de *E. coli* BLEE obtenidos mostraron un fenotipo resistente a una amplia gama de antibióticos. Estos aislados pueden ser considerados multirresistentes, dado que son resistentes frente al menos 3 clases distintas de antimicrobianos. Cabe destacar que 2 aislados mostraron resistencia combinada a tigeciclina y meropenem, y que otro aislado presentaba resistencia combinada a tigeciclina y colistina. La presencia de estos fenotipos resistentes en aislados productores de BLEE, si bien no son predominantes, resulta destacable, ya que las gliciliclinas, polimixinas y carbapenémicos son antibióticos de último recurso. En base a la similitud de los perfiles fenotípicos obtenidos para las muestras del influente y efluente, no existen evidencias de que los tratamientos favorezcan la aparición de nuevas resistencias a antimicrobianos.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#193 CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS POTENCIALMENTE PATÓGENAS EN FANGOS ACTIVOS CON SECUENCIACIÓN DE TERCERA GENERACIÓN

José Luis Alonso Molina Alonso¹, Jose Antonio Morillo Pérez².

¹ (Instituto de Ingeniería del Agua y Medio Ambiente, Universitat Politècnica de València, Valencia, España)

² (Estación Experimental de Zonas Áridas CSIC, Almería, España)

Resumen de la comunicación

La técnica de secuenciación PacBio SMRT (single-molecule real-time) es capaz de obtener lecturas de secuencias de gran tamaño con una gran profundidad de cobertura, lo cual permite mejorar los perfiles filogenéticos y taxonómicos. Esto hace que sea una tecnología efectiva para la investigación de comunidades microbianas en sistemas de tratamiento biológico de aguas residuales que contienen una estructura microbiana compleja. En este estudio, se caracterizaron las bacterias potencialmente patógenas que puedan suponer un riesgo biológico al causar infecciones en humanos (clasificación en el Grupo 2 agentes biológicos) en muestras de fango activo del reactor biológico de una planta de tratamiento de aguas residuales. Se analizaron 15 muestras durante un período de 16 meses mediante secuenciación de amplicon del gen 16S rRNA de longitud completa (PacBio). Se han identificado 35 géneros potencialmente patógenos y 30 especies patógenas del Grupo 2 pertenecientes a los géneros *Acinetobacter*, *Aeromonas*, *Arcobacter*, *Bacteroides*, *Citrobacter*, *Clostridium*, *Enterobacter*, *Enterococcus*, *Klebsiella*, *Legionella*, *Pseudomonas*, *Streptococcus* y *Yersinia*. Este estudio proporciona información sobre los patógenos bacterianos que se pueden encontrar en los fangos activos, que puede ayudar en la evaluación y gestión de los riesgos biológicos en los trabajadores de las plantas de tratamiento de aguas residuales.



**#201 TRANSPORTADORES DE SIDERÓFOROS Y RESPUESTA A TEMPERATURA
COMO BASE PARA LA OPTIMIZACIÓN DE LAS VACUNAS FRENTE A VIBRIO
ANGUILLARUM**

Marta A. Lages¹, Lucía Ageitos ², Abel M. Forero², Diana Martínez-Matamoros ², Jaime Rodríguez ², Carlos Jiménez ², Manuel L. Lemos¹, Miguel Balado ¹.

¹(Departamento de Microbiología e Parasitología, Instituto de Acuicultura, Universidade de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

²(Departamento de Química e CICA - Centro Interdisciplinar de Química e Bioloxía, Facultade de Ciencias, Universidade de A Coruña, A Coruña, España)

Resumen de la comunicación

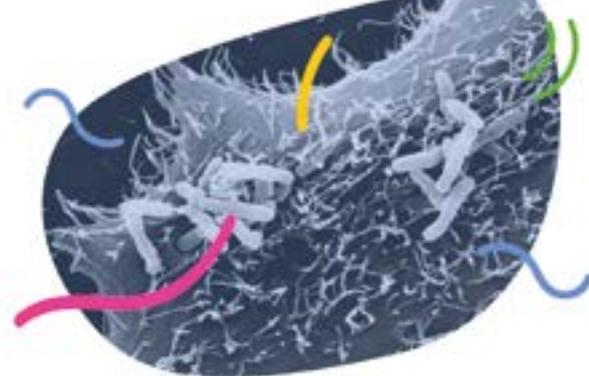
V. anguillarum es el agente causal de la vibriosis, una septicemia hemorrágica de suma importancia para el sector de la acuicultura que afecta a una gran diversidad de especies de peces. Los programas de vacunación implementados en especies como el rodaballo o el lenguado han permitido controlar la enfermedad. Sin embargo, se está produciendo un repunte asociado a especies de peces adaptados a temperaturas frías. Trabajos recientes han demostrado que la expresión de los factores de virulencia de *V. anguillarum* responden a señales como la disponibilidad de hierro y la temperatura. En este trabajo se evaluó la temperatura de cultivo como base para la optimización de vacunas frente a este patógeno. Para ello se evaluó la protección conferida por la bacterina clásica (obtenida a 25°C) frente a infecciones de *V. anguillarum* en lenguados mantenidos a baja temperatura. Los resultados mostraron que la eficiencia de la bacterina clásica se reduce en ca. 50% cuando la infección se produce a 15°C. A continuación, se probó la eficiencia de bacterinas formuladas con cultivos de *V. anguillarum* crecidos a 15°C, pero estas mostraron una elevada toxicidad por lo que se descartó su utilización. Finalmente, se probaron vacunas de subunidades formuladas con los transportadores de membrana externa de los sideróforos vancrobactina (FvtA) y piscibactina (FrpA), que se expresan predominantemente a 25oC y 15oC, respectivamente. Los resultados obtenidos muestran que, a pesar de que la bacterina clásica es extremadamente efectiva para proteger frente a una infección a 25oC, hay que desarrollar nuevas vacunas frente a las infecciones a baja temperatura. Desafortunadamente, las vacunas de subunidades rFrpA y rFvtA no protegieron frente a la infección por *V. anguillarum*. No obstante, el transportador FrpA de *V. anguillarum* sí confiere una protección cruzada frente a otros patógenos que, como *P. damsela* subsp. *piscicida*, expresan transportadores homólogos.

Financiación

Proyecto PID2019-103891RJ-100 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#238 DETECCIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE VIRUS ENTÉRICOS EN AGUAS RESIDUALES MEDIANTE RT-PCR EN TIEMPO REAL DURANTE LA PANDEMIA DE COVID-19

Pablo Vila Fajardo, Uxía Rodríguez García, Marta Lois Alvedro, Jesús López Romalde, David Polo Montero.

¹ (Universidade de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

Resumen de la comunicación

La epidemiología basada en aguas residuales permite monitorizar la presencia y propagación de virus entéricos causantes de enfermedades gastrointestinales dentro de una población en un periodo de tiempo determinado. En este estudio se evaluaron la presencia y concentración de diferentes virus entéricos causantes de enfermedades gastrointestinales (Sapovirus -SaV-, Norovirus -NoV GI, NoV GII- y Cosavirus -HCosV-) en muestras de aguas residuales procedentes de la estación depuradora de aguas residuales (EDAR) de Silvouta (Santiago de Compostela, Galicia). Se analizaron un total 75 muestras en un periodo de 7 meses (03/01/2021 - 29/07/2021). Las muestras, consistentes en 200 mL de agua residual, se concentraron utilizando el método de cloruro de aluminio (AlCl₃) para posteriormente extraer el RNA y llevar a cabo la cuantificación viral mediante RT-qPCR. Los resultados mostraron la presencia de los cuatro virus durante el periodo analizado, siendo NoV GI (73/75 muestras positivas, 97,7%) y NoV GII (55/75 muestras positivas; 73,3%) los que mostraron una mayor presencia, seguidos de SaV (8/75 positivos; 10,7%) y HCosV (6/75 positivos; 8,0%). Los niveles medios de cuantificación fueron similares entre NoV GI (2,31x10⁵ copias genómicas/mL de agua residual), NoV GII (1,16 x10⁵ cg/mL) y HCosV (4,43 x10⁵ cg/mL), mientras que para SaV se situaron en un orden de magnitud inferior (5,93 x10⁴ cg/mL). Los resultados obtenidos se compararon con datos previos de cuantificación de SARS-CoV-2 en las mismas muestras para determinar posibles cambios en las dinámicas virales durante las sucesivas olas pandémicas de COVID19. La elevada prevalencia de NoV sugiere que ambos genogrupos han estado circulando en la población al mismo tiempo que SARS-CoV-2. Destaca también la presencia y los niveles de cuantificación de HCosV (similares a los de NoV), un virus relativamente reciente cuyo rol etiológico en las enfermedades entéricas humanas es ampliamente desconocido.



#277 EVALUACIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE EN DORADAS TRAS LA ADMINISTRACIÓN DE UNA VACUNA INACTIVADA FRENTE A BETANODAVIRUS

Juan Gómez-Mata , Rocio Leiva-Rebollo , Patricia Moreno , Juan José Borrego , Esther García-Rosado , Alejandro Labella , Dolores Castro.

¹(Universidad de Málaga, Málaga, España)

Resumen de la comunicación

El virus de la necrosis nerviosa (VNN), género Betanodavirus, familia Nodaviridae, es el agente etiológico de la necrosis nerviosa viral, enfermedad que afecta a peces cultivados en todo el mundo. Existen cuatro especies de este virus con distinta distribución geográfica y rango de hospedador, habiéndose detectado también recombinantes de los segmentos genómicos RNA1 y RNA2 procedentes de los tipos RGNNV y SJNNV, respectivamente, que se asocian con brotes de la enfermedad en lenguado senegalés (*Solea senegalensis*) y dorada (*Sparus aurata*) cultivados en el sur de Europa (Bandín y Souto, 2020). Recientemente se ha desarrollado una vacuna inactivada utilizando una cepa recombinante RGNNV/SJNNV aislada de lenguado que confiere una protección moderada frente a la enfermedad en lenguados juveniles (Valero y col., 2021). El objetivo del presente estudio es evaluar la inducción de la respuesta inmune en dorada tras la vacunación. Para ello, se tomaron muestras de riñón cefálico y cerebro de doradas vacunadas y sin vacunar a los 2, 3 y 7 días post-vacunación (dpv), analizándose la expresión de 56 inmunogenes mediante la plataforma OpenArray®. La respuesta frente a la vacuna consistió en una extensa desregulación temprana de la expresión de inmunogenes. Así, se detectaron 27 genes expresados diferencialmente (DEG) en riñón a los 2 y/o 3 dpv, estando todos ellos subregulados, a excepción de rag1 que se sobreexpresó en este órgano a los 2 dpv. De igual forma, en cerebro se observaron 36 DEG a 2 dpv, todos ellos subregulados, 17 de los cuales seguían estándolo a 3 dpv. A 7 dpv solo se detectó un DEG, el gen il6, que apareció sobreexpresado en cerebro. Los genes rtp3, mx1, mx2, mx3 e ifit1 se mostraron desregulados en todas las muestras analizadas.

Financiación

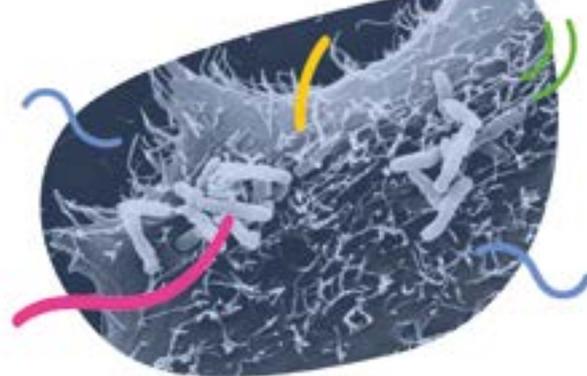
Proyecto RTI2018-094687-B (MCIU/AEI/FEDER, EU)

Referencias

Bandín y Souto (2020) *Pathogens* 9: 106.
Valero y col. (2021) *Vaccines* 9:458.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#298 ACTIVIDAD ANTIBACTERIANA DE SAPONINAS AISLADAS DE LOS TEJIDOS DE PATALLUS MOLLIS SELENKA, 1868 (CUCUMARIIDAE) "PEPINO DE MAR" - ESTUDIO PRELIMINAR

Fiorella Rocío Martínez Pacheco^{1,2,3}, Gianella Ramos Rojas^{1,2,3}, Araceli Milagros Cahua Romero^{1,2,3}, Juan Carlos Ramos Gorbeña^{1,2,3}, Fred García Alayo¹, Paola Nunja Huamán^{1,2,3}.

¹(Universidad Ricardo Palma, Lima, Perú)

²(Instituto de Control y Certificación de la Calidad e Inocuidad Alimentaria ICCCIA-URP, Lima, Perú)

³(Grupo de investigación en Microbiología, Inocuidad Alimentaria y Protección de Alimentos, Lima, Perú)

Resumen de la comunicación

El pepino de mar es un equinodermo ampliamente distribuido por las costas del Perú, que contienen una variedad de metabolitos secundarios en su organismo, siendo estos útiles para la industria farmacéutica entre otras, destacando por ejemplo las saponinas. Estos son metabolitos secundarios de naturaleza anfipática cuyas propiedades antimicrobianas han sido muy estudiadas últimamente; sin embargo, la mayoría de estos estudios se han basado en su extracción a partir de fuentes vegetales. Por lo que, para este trabajo de investigación, se utilizó a *Patallus mollis* como fuente de estos compuestos, para evaluar sus efectos antimicrobianos frente a *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Staphylococcus epidermidis* ATCC 12228, *Escherichia coli* ATCC 8739, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 9027, *Salmonella enterica* y *Pectobacterium carotovorum*. Para ello, se realizó un muestreo preliminar de 15 individuos en el distrito de San Bartolo, Lima, Perú (12°23'22.1"S 76°46'58.0"W). Los individuos recolectados presentaban distintos estadios de crecimiento con un intervalo de longitud de 8 a 23 cm, los cuales fueron diseccionados, extrayendo los órganos internos (vísceras y gónadas) como también el tegumento, para luego macerarlas en metanol y guardadas en ambiente oscuro durante 4 semanas. Posteriormente se filtraron los extractos metanólicos y utilizando un Rotavapor BioBase RE- 2010 se obtuvo el extracto seco. Con ayuda de una mezcla de éter de petróleo y agua destilada se desengrasó la muestra, obteniéndose dos fases: orgánica y acuosa. En la fase acuosa, se separaron las saponinas añadiendo como disolvente al n-butanol y del mismo modo se obtuvo dos nuevas fases. De la cual, a partir de la primera, mediante el método de sensibilidad antimicrobiana de Kirby Bauer, se realizaron tres repeticiones utilizando como control al antibiótico cloranfenicol (C30). Se obtuvieron halos de inhibición con acción bacteriostática frente a bacterias grampositivas y gramnegativas.



#307 TRANSFERENCIA DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS MEDIANTE PLÁSMIDOS CONJUGATIVOS MARINOS

Juan Manuel Medina Méndez, Santiago Redondo Salvo, María Pilar Barcollán García, Raúl Fernández López, Fernando De La Cruz.

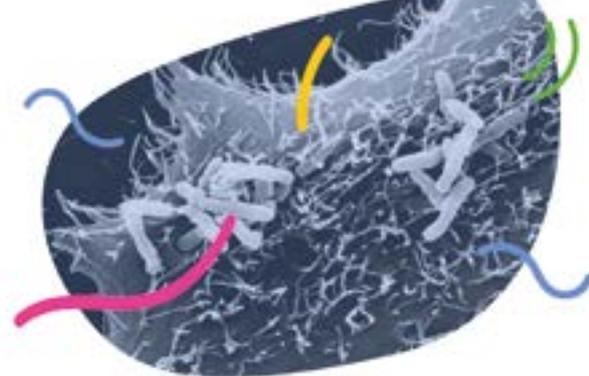
¹ (IBBTEC, Santander, España)

Resumen de la comunicación

Los genes de resistencia a antibióticos (GRAs) suponen un gran problema para la salud pública a nivel mundial. Su prevalencia está aumentando en las poblaciones bacterianas como consecuencia del abuso de antibióticos en clínica humana y veterinaria. Tanto los antibióticos como los GRAs están considerados contaminantes emergentes, y el vertido de aguas residuales procedentes de entornos antropizados es una fuente fundamental de estos contaminantes que amenaza gravemente a los ecosistemas acuáticos. Aunque se ha documentado la presencia de GRAs en todos los océanos, las rutas de diseminación y el nivel de contaminación de las poblaciones bacterianas autóctonas son poco conocidas. En los ecosistemas terrestres, los plásmidos conjugativos son agentes fundamentales para la propagación de los GRAs. Su papel en los océanos es incierto, aunque estudios recientes han revelado la presencia de plásmidos marinos (PMs) de amplio rango de hospedador y distribución global. En este trabajo hemos determinado la distribución y prevalencia de los PMs, intentando definir si estos pertenecen a las mismas clases que los encontrados en los ecosistemas terrestres, o si por el contrario existen grupos especializados para cada entorno. Para ello hemos analizado la abundancia de relaxasas, genes marcadores de los distintos tipos plasmídicos, en muestras metagenómicas marinas. Nuestros resultados revelan que la prevalencia de relaxasas en las poblaciones marinas es muy inferior a la observada en distintos ecosistemas terrestres. El análisis de los PMs reveló, además, que las unidades taxonómicas en las que estos plásmidos se agrupan tienen distribuciones restringidas a especies bacterianas específicas del océano. Además de escasos y específicos, los PMs tienen una carga genética diferente a la de sus homólogos terrestres. En particular, la prevalencia de GRAs es muy baja, indicando que los plásmidos autóctonos del entorno marino tienen, por el momento, poca relevancia en la propagación de los GRAs en este entorno.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#318 RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE MUESTRAS DE UN GLACIAR ANTÁRTICO

Laura Borrallo ¹, Carlos Pernas-Pleite ¹, Asunción De Los Ríos ², Jose P. Abad ¹, Irma Marín Palma¹.

¹(Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España)

²(Departamento de Biogeoquímica y Ecología Microbiana, Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

En un estudio para determinar la prevalencia de la resistencia a antibióticos en distintos sistemas, se han aislado 527 bacterias de muestras de agua y sedimento procedentes de la lengua de Sally Rocks de glacial Hurd en la isla Livingston, que es la segunda isla en superficie de las Shetland del Sur en la Antártida. Para ello se han utilizado tres medios de aislamiento (nutritivo, R2A y TSA) y dos temperaturas 4 oC y 28 oC. Se ha evaluado la resistencia a antibióticos de los microorganismos aislados en placas de medio conteniendo cada antibiótico. Se han probado doce antibióticos pertenecientes a varias familias de antibióticos: ampicilina, ceftazidima, cloranfenicol, eritromicina, ertapenem, estreptomina, kanamicina, ác. nalidíxico, rifampicina, tetraciclina, trimetroprima y vancomicina.

Los datos preliminares muestran que de los 222 aislados a 4 oC, 81 presentan resistencia a alguno de los antibióticos probados, y 4 de ellos son multirresistentes (presentan resistencia a 4 o más familias de antibióticos). El antibiótico al que más aislados muestran resistencia es ceftazidima, 65 aislados, seguido por los resistentes a ampicilina, que son 24.

De las 305 bacterias aisladas a 30 oC, 232 presentan resistencia a alguno de los antibióticos utilizados, y 37 son multirresistentes. El antibiótico al que más aislados muestran resistencia es de nuevo ceftazidima, 136 aislados, al que le siguen 115 aislados que lo son a ácido nalidíxico y 86 a trimetroprima.

En esta comunicación se mostrarán y analizarán los resultados obtenidos y la asignación filogenética de los aislados estudiados, así como los perfiles de resistencia de cada uno de ellos y su distribución según la procedencia de la muestra, sedimentos o aguas, temperatura de crecimiento, etc.



#333 MICROORGANISMOS AEROTRANSPORTADOS EN POLVO SAHARIANO Y DEPOSITADOS EN LLUVIA DE BARRO

María Azahara Navarro ¹, Fernando Martínez-Checa ², Bettina Weber ³, Jens Weber ³, Jesús Párraga ¹, Ana Del Moral ².

¹(Departamento de Edafología y Química Agrícola. Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

²(Departamento de Microbiología. Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

³(Institute of Plant Sciences. University of Graz, Graz, Austria)

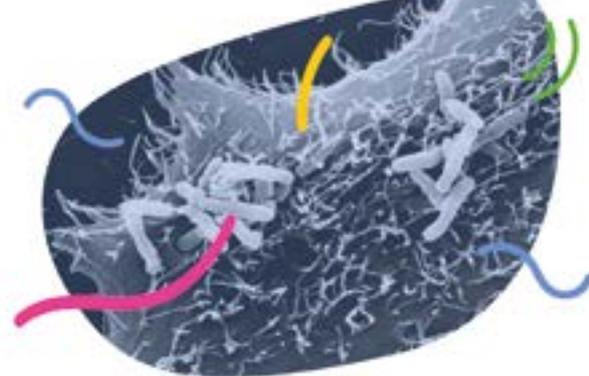
Resumen de la comunicación

El cambio climático ha provocado que cada vez sean más frecuentes las intrusiones de polvo atmosférico en las zonas circunmediterráneas. El polvo procedente de los desiertos es un vehículo para la propagación de comunidades microbianas a largas distancias. Durante los últimos años se han realizado importantes estudios sobre los fenómenos atmosféricos relacionados con eventos de lluvia de barro y deposición seca en Granada, y se han descrito los "iberulitos", aerosoles atmosféricos gigantes, como vehículos transportadores de microorganismos. En el presente trabajo se han recogido muestras de lluvia de barro de distintos eventos de intrusión sahariana registrados en Granada durante varios años (2017 y 2021). Se han realizado estudios de metagenómica que muestran una gran abundancia de Cytophagales y baja de Gemmatimonadales. En relación con la composición del filo Cyanobacteria, a nivel de familia, en una de las muestras se observa una gran presencia de Chroococcidiopsacaceae. Mediante FESEM, se ha evidenciado la interacción entre las bacterias y las partículas de polvo transportadas por el aire a través de la producción de EPS. La presencia de nanobacterias merece especial atención ya que se han observado por primera vez en muestras de lluvia de barro y junto a otros microorganismos, podrían estar involucradas en la formación de agregados de polvo como los iberulitos.

Palabras clave: aerobiología, polvo sahariano, lluvia de barro, nanobacterias, transporte intercontinental de microorganismos, exopolisacáridos, EPS.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#350 EVALUACIÓN DE CRASSPHAGE PARA LA MONITORIZACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS DE ORIGEN ANTROPOGÉNICO

Sara Morales Cortés, Clara Gómez Gómez, Laura Sala Comorera, Lorena Rodríguez Rubio, María Dolores Ramos Barbero, Maite Muniesa, Cristina García Aljaro

¹(Departament de Genètica, Microbiologia i Estadística, Universitat de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

La contaminación fecal es la principal fuente de diseminación de genes de resistencia a antibióticos (GRAs) en el medio ambiente, en la que los bacteriófagos podrían tener un papel relevante. El objetivo de esta investigación fue evaluar crAssphage como indicador de la presencia de GRAs de origen humano en aguas residuales urbanas (50 muestras), lodos de depuradora (20) y heces de animales de granja vaca (5), cerdo (5) y pollo (5). La presencia y concentración de crAssphage y de GRAs se evaluó mediante qPCR en la fracción ADN total y en la de ADN fágico de las muestras. Los resultados evidenciaron la presencia conjunta de crAssphage y los genes blaTEM, blaCTX-M, blaOXA-48, blaVIM, mecA, qnrA, qnrS, sul1, tetW tanto en aguas residuales como en lodos. La concentración media de crAssphage en aguas residuales fue de 5,4 log₁₀ GC/mL en ADN total y de 4,3 log₁₀ GC/mL en ADN fágico. Para lodos, de 6,3 log₁₀ GC/mL y 3,3 log₁₀ GC/mL respectivamente. Los GRAs más abundantes y persistentes en ambas fracciones en las diferentes muestras analizadas fueron tetW, sul1, blaTEM y qnrS, con concentraciones entre 5,9-8,8 log₁₀ GC/mL en ADN total y 1,9-2,5 log₁₀ GC/mL en ADN fágico. En aguas residuales, crAssphage presentó correlaciones significativas ($p < 0,05$) con qnrS, blaVIM y blaOXA-48 (Spearman, $\rho = 0,54-0,61$) y en la fracción fágica con blaCTX-M9, blaVIM, qnrS y sul1 (Spearman, $\rho = 0,40-0,60$). En lodos se observaron correlaciones de crAssphage con tetW en ambas fracciones (Spearman, $\rho = 0,46$ ADN total y $\rho = 0,59$ ADN fágico). En heces de animales no se detectó crAssphage exceptuando dos muestras de pollo, aunque si se detectaron GRAs, confirmando la especificidad de crAssphage para detectar contaminación fecal humana. Los resultados evidencian la posibilidad de utilizar crAssphage como indicador molecular de la presencia de algunos GRA vehiculizados a través de bacteriófagos, facilitando su monitorización.

Financiación

PID2020-113355GB-I00



#373 "ANÁLISIS MICROBIOLÓGICO DE AGUAS RESIDUALES URBANAS EN BURGOS: CARACTERIZACIÓN Y RESISTENCIA DE BACTERIAS PATÓGENAS CAUSANTES DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS Y ALIMENTARIAS"

Nadine Yeramian Hakim, Daniel Pérez Alonso, Lorena Casado Martín, Jorge Santamaría Palacios.

¹(Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

La presencia de microorganismos patógenos en las aguas residuales urbanas es el reflejo del estado de salud poblacional y de la resistencia de estos patógenos a las condiciones ambientales del agua. Dichos microorganismos representan una fuente de enfermedades infecciosas y pueden generar problemas de salud.

Asimismo, algunos de estos patógenos pueden ser resistentes a múltiples clases de antibióticos, lo que los convierte en un problema de salud pública.

La investigación microbiológica es crucial para entender la presencia y la transmisión de estos patógenos por las aguas residuales, y para desarrollar medidas preventivas y estrategias de control efectivas contra ellos.

Durante un periodo de cuatro meses del año 2022, se realizó un análisis cualitativo con un total de siete muestreos en diferentes puntos de la red de alcantarillado de la ciudad de Burgos. Nuestro estudio se basó en el seguimiento de cuatro bacterias patógenas: *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* y *Yersinia enterocolitica* (agentes de toxiinfecciones alimentarias) y *Staphylococcus aureus* (agente de intoxicación alimentaria).

De las 73 supuestas *Listeria monocytogenes* aisladas en ALOA, 55 dieron positivo en la q-PCR. De 246 *Staphylococcus aureus*, 6 se confirmaron como tales. Ninguno de las 6 mostró resistencia a la metilina dando negativo para los genes *mecA*, *mecB*, *mecC* y *mecD*.

De las 137 *Yersinia enterocolitica* aisladas en medio CIN y de las 143 *Salmonella* spp aisladas en medio cromogénico (CM1092B de oxoid), ninguna fue confirmada como positiva por PCR.

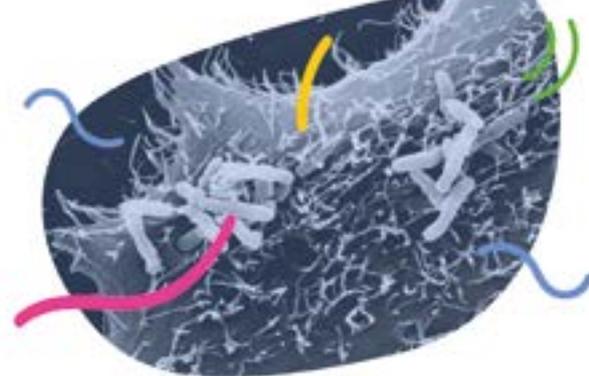
Estos resultados indican la circulación de ciertos microorganismos patógenos en aguas urbanas, y demuestra la utilidad del estudio de aguas residuales como una herramienta no invasiva para el estado sanitario a nivel comunitario.

Financiación

Convenio de Investigación Servicio de Aguas de Burgos Universidad de Burgos

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#374 "EVALUACIÓN DE LA SENSIBILIDAD DE MEDIOS CROMOGENICOS SELECTIVOS DIFERENCIALES PARA LA IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS PATÓGENAS EN AGUAS"

Daniel Pérez Alonso, Nadine Yeramian Hakim, Lorena Casado Martín, Jorge Santamaría Palacios.

¹ (Universidad de Burgos, Burgos, España)

Resumen de la comunicación

En la búsqueda de métodos eficaces para la identificación de bacterias patógenas, los medios cromogénicos o selectivos y diferenciales han sido herramientas valiosas para la clasificación preliminar de microorganismos. En este estudio, se analizaron cuatro géneros bacterianos patógenos en medios de cultivos cromogénicos o selectivos diferenciales, y se identificaron posteriormente por q-PCR.

Se utilizaron cuatro medios de aislamiento específicos para cada género bacteriano: ALOA (medio cromogénico selectivo y diferencial de Oxoid CM 1084) para *Listeria monocytogenes*, RPF (medio selectivo y diferencial de Oxoid CM0961) para *Staphylococcus aureus*, CIN (medio selectivo y diferencial de Oxoid CM0653) para *Yersinia enterocolitica* y un medio cromogénico (Oxoid CM1007) para *Salmonella* spp. De las 76 cepas aisladas en medio ALOA, el 75% dieron positivo para *Listeria monocytogenes*, indicando que el índice de sensibilidad de este medio es alto. Sin embargo, de las cepas aisladas en RPF, sólo el 2,4% dieron positivo para *S. aureus*, lo que sugiere un índice de sensibilidad de este medio bajo.

En cuanto al medio CIN, ninguna de las 137 cepas aisladas se confirmó como *Yersinia enterocolitica*, lo que sugiere que este medio no demuestra sensibilidad específica para la identificación de esta bacteria. Por último, ninguna de las 143 cepas analizadas en el medio cromogénico para *Salmonella* spp. dio positivo, indicando que este medio no resulta ser sensible y no ha aportado ninguna ventaja respecto al medio selectivo diferencial XLD.

En conclusión, los medios cromogénicos o selectivos y diferenciales son herramientas valiosas para la clasificación preliminar de bacterias patógenas. Sin embargo, su eficacia puede variar dependiendo del género bacteriano específico y del medio utilizado. La identificación precisa y eficaz de bacterias patógenas es fundamental para la prevención y el tratamiento de enfermedades infecciosas, y la selección cuidadosa de los medios de cultivo es esencial para lograr resultados confiables.

Financiación

Convenio de Investigación Servicio de Aguas de Burgos Universidad de Burgos



**#387 EST80, ENZIMA HIDROLÍTICA DE TWEEN-80 EN EL PATÓGENO MARINO
PHOTOBACTERIUM DAMSELAE SUBSP. DAMSELAE: PROPUESTA DE UNA NUEVA
FAMILIA DE ESTERASAS**

Ana Vences , Alba V. Barca, Carlos R. Osorio.

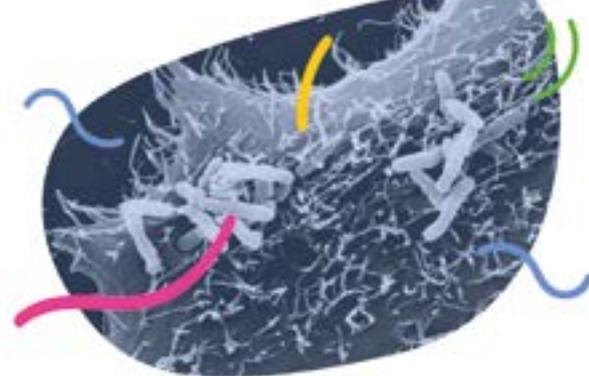
¹(*Instituto de Acuicultura, Universidade de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España*)

Resumen de la comunicación

La capacidad de hidrolizar lípidos está ampliamente presente en bacterias, siendo las enzimas responsables, lipasas y esterasas, de gran interés en los estudios sobre virulencia, ecología e industria. A pesar de ello, las bases genéticas de la degradación de lípidos en muchas especies bacterianas siguen siendo desconocidas. En el presente trabajo describimos que la degradación de Tween 80 es una característica prevalente en la bacteria patógena marina *Photobacterium damselae* subsp. *damselae* (Pdd). Mediante mutagénesis por inserción de transposones hemos identificado que los genes *fadL* y *est80* (que codifican un transportador de ácidos grasos y una lipasa/esterasa, respectivamente) son esenciales para la hidrólisis de este sustrato. La delección por intercambio alélico de *est80* causó la pérdida de la capacidad de degradar Tween 80 pero no mostró ningún efecto en la virulencia en un modelo de infección en peces. Curiosamente, cepas mutantes en el sistema de secreción de tipo II (T2SS) (mutante *epsL*) y en el gen de la prepilina-peptidasa *pilD* no experimentaron deficiencias en la hidrólisis de Tween 80. Además, los ensayos API ZYM revelaron que Est80 participa en la degradación de ácidos grasos de cadena corta C4 y C8, pero no confiere capacidad para la degradación de ácidos grasos de C14, un perfil coherente con que Est80 sea calificada como esterasa y no como lipasa. Por último, el análisis filogenético de la secuencia aminoacídica de Est80, y de sus homólogos en otras especies de vibrios, no mostró agrupamiento con ninguna de las 19 familias de enzimas lipolíticas descritas hasta la fecha, sugiriendo que podemos encontrarnos ante una nueva familia de enzimas hidrolíticas de lípidos.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#388 IMPACTO DEL LIPOPOLISACÁRIDO EN LA VIRULENCIA Y LA RESISTENCIA A PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS EN EL PATÓGENO MARINO PHOTOBACTERIUM DAMSELAE SUBSP. DAMSELAE

Alba V. Barca¹, Ana Vences ¹, Alexandra Teixeira ², Ana Do Vale ², Carlos R. Osorio¹.

¹(Instituto de Acuicultura, Universidade de Santiago de Compostela, Santiago De Compostela, España)

²(i3S-Instituto de Investigação e Inovação em Saúde, Universidade de Porto, Porto, Portugal)

Resumen de la comunicación

La capacidad de hidrolizar lípidos está ampliamente presente en bacterias, siendo las enzimas Photobacterium damsela subsp. damsela es una bacteria marina patógena para un amplio rango de animales marinos, y patógena oportunista para el ser humano. Si bien se ha avanzado mucho en la identificación y estudio de las citotoxinas producidas por esta subespecie, poco se conoce acerca del papel que la envuelta celular juega en la virulencia y en la resistencia frente a las defensas del hospedador. En este trabajo demostramos que la mutación del gen lpxL que participa en la síntesis del lípido A, y la mutación del gen waaL que participa en la síntesis del antígeno O, causan una afectación en la estructura del Lipopolisacárido, tal y como se deduce de los análisis de electroforesis en SDS-PAGE. Así, el mutante lpxL sintetiza un lípido A de menor peso molecular que la cepa parental, y el mutante waaL muestra una afectación en el perfil de bandas del antígeno O. Utilizando un modelo de infección en lubina (*Dicentrarchus labrax*), demostramos que las mutaciones en cada uno de estos dos genes causan una fuerte atenuación de la virulencia para peces. Es de destacar que el mutante lpxL mostró una fuerte inhibición en presencia de piscidina, un péptido antimicrobiano producido por la lubina, siendo el nivel de la afectación muy superior al encontrado en el mutante waaL. Asimismo, la incubación de los dos mutantes en presencia de sangre y plasma de lubina, demostró que la supervivencia del mutante lpxL está más comprometida que la del mutante waaL, que prácticamente se comporta como la cepa salvaje. Los resultados de este estudio demuestran que el lipopolisacárido es un factor necesario para la máxima virulencia de *P. damsela* subsp. *damsela* para peces, y sugieren un papel principal del lípido A en la resistencia a los péptidos antimicrobianos.



#400 DISEMINACIÓN DE BACTERIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EN AGUAS RESIDUALES DE CASTELLÓN: ANÁLISIS Y PRESERVACIÓN DE MUESTRAS &NBSP;

Marina Puerta Rodríguez, Rosa De Llanos Frutos, Lubertus Bijlsma.

¹(Universitat Jaume I, Castellon, España)

Resumen de la comunicación

La resistencia a los antibióticos es actualmente una de las mayores amenazas para la salud pública en todo el mundo [1]. La perspectiva One Health permite evaluar esta problemática desde distintos sectores, disciplinas y comunidades, trabajando conjuntamente con el fin de obtener mejores resultados sanitarios para mejorar la salud humana, animal, vegetal y medioambiental [2]. En este estudio se pretende abordar este problema desde el punto de vista medioambiental, aplicando la aproximación de la Epidemiología basada en aguas residuales, es decir, la vigilancia de aguas residuales como herramienta de control epidemiológico, en este caso, de la diseminación de bacterias resistentes en ambientes acuáticos. El objetivo principal de este estudio fue evaluar la eficacia del tratamiento terciario de las plantas de tratamiento de aguas residuales en la eliminación microbiana de las aguas de las plantas de Alcora, Burriana y Castellón. Para ello, empleamos métodos basados en cultivo microbiológico, en particular de coliformes fecales y enterococos, mediante medios de cultivos selectivos y diferenciales. Además, se cuantificó la población bacteriana total de estas bacterias, así como el porcentaje del total que eran resistente a la tetraciclina y el ciprofloxacino.

Por otro lado, planteamos abordar una limitación metodológica relacionada con el cultivo microbiano de las aguas residuales, que se centra en la necesidad de minimizar al máximo el tiempo entre la toma de muestra y su procesamiento posterior, ya que la mortalidad bacteriana incrementa conforme aumenta dicho periodo. Este tiempo muchas veces puede verse condicionado por diferentes motivos, como la falta de material o de personal. Por ello, planteamos evaluar el efecto de la crio-conservación de las muestras de aguas en el crecimiento bacteriano posterior, comparado con el crecimiento bacteriano obtenido directamente de muestras frescas de agua.

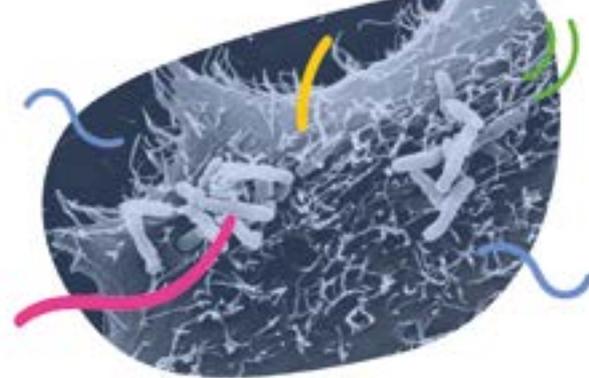
Financiación

L. Bijlsma agradece el apoyo de la beca de la Fundación “la Caixa” (DNI 10 0 010434), código LCF/BQ/PR21/11840012 para el desarrollo del trabajo. También agradece la subvención RYC2020-028936-I financiada por MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 y por “ESF Investing in Your Future” . Los autores del trabajo agradecen el apoyo financiero de la Dirección General del Agua (Conselleria de Agricultura, Desarrollo Rural, Emergencia Climática y Transición Ecológica).

Referencias

[1] Berglund, F., et al. (2020), *Microbial Genomics*, 6(11), 1–14.

[2] Mackenzie, J. S., et al. (2019), *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 4(2), 88.



COMUNICACIONES PÓSTER

Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad

#42 STUDY OF MICROBIOTA DERIVED FROM GLUTEN METABOLISM IN THE HUMAN GUT: A COMMUNITY-BASED GLOBAL APPROACH

Yaiza Carnicero Mayo, Miguel Ángel Ferrero García, Nicolás Navasa Mayo, Luis Enrique Sáenz De Miera Carnicer, Francisco Javier Casqueiro Blanco.

¹ (Universidad de León, León, España)

Resumen de la comunicación

Celiac disease (CD) is an immune-mediated enteropathy for which the only effective treatment is a long-life gluten-free diet. CD affects genetically predisposed individuals after gluten intake. Nowadays, CD etiology is not completely understood, however. Alterations in gut microbiota have been proposed to contribute to CD onset and progress. Indeed, it is known that some members of human microbiota are able to metabolize gluten. Research in this context has predominantly been performed using pure cultures of previously isolated bacteria. Nevertheless, intestinal microbiota comprises a countless of microorganisms that co-exist and interact with each other, which can influence its surveillance and its behavior. We had no reference that gluten metabolism by commensal microbiota had been studied using models based in microbial communities. Thus, isolation and culture of human gut microbial communities involved in gluten metabolism was attempted. For this purpose, culture media containing gluten peptone and non-digested-gluten or only gluten peptone as the main nitrogen source were used. For each condition, cultures were performed either under non-controlled or controlled pH conditions. A stool sample from a healthy volunteer was used to inoculate the cultures, which were then maintained by subculturing every 24 hours. Metataxonomic analysis via 16S rDNA sequencing was performed to study communities composition along time. Firmicutes clearly predominated in the communities. Almost 80 % of OTUs in communities varied with pH condition. Also, 40 % OTUs were affected by non-digested gluten presence. Furthermore, diversity analysis showed communities remained stable through subculturing. Consequently, this study shows a new method for culture and stable maintenance of complex communities from human intestinal microbiota derived from gluten metabolism. This method could serve as a model for study of gluten metabolism by microbiota, considering at a time all microorganisms involved in its metabolism as well as its interactions.

Financiación

This research was supported by funds of Junta de Castilla y León cofounded by Fondo Europeo de Desarrollo Regional (LE015P20) and Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2020-119044GB-I00). Yaiza Carnicero Mayo received a grant from Junta de Castilla y León cofounded by Fondo Social Europeo (Orden 12 de diciembre de 2019).



#43 ACID DIGESTION AND SYMBIONT: PROTON SHARING AT THE ORIGIN OF MITOCHONDRIA?

Mario Mencía Caballero.

¹ (Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España)

Resumen de la comunicación

The initial relationships between organisms leading to endosymbiosis and the first eukaryote are currently a topic of hot debate. Here, I present a theory (named ADMit, acid digestion mitochondria) that offers a gradual scenario in which the origins of phagocytosis and mitochondria are intertwined in such a way that the evolution of one would not be possible without the other. In this scenario, the premitochondrial bacterial symbiont became initially associated with a protophagocytic host (derived from archaea) on the basis of cooperation to kill prey, with symbiont-produced toxins plus reactive oxygen species (ROS). Subsequently, the cooperation was focused on the digestion stage, through the acidification of the protophagocytic cavities via exportation of protons produced by the aerobic respiration of the symbiont. The host gained an improved phagocytic capacity and the symbiont received organic compounds from prey in a self-reinforcing cycle. As the host lost its membrane energetics to further potentiate phagocytosis and developed lysosomal digestion, respiration was, in turn, centralized in the premitochondrial symbiont for energy production for the consortium. In summary, proton production by a symbiotic bacterium may have been the origin of two hallmark eukaryotic features, acid digestion and mitochondria. This theory would help to explain the deep integration of mitochondria as a key actor in many functions of the eukaryotic cell.

Financiación

Proyecto Ministerio de Ciencia e Innovación PID2019-109073RB-I00.

Hipervínculo

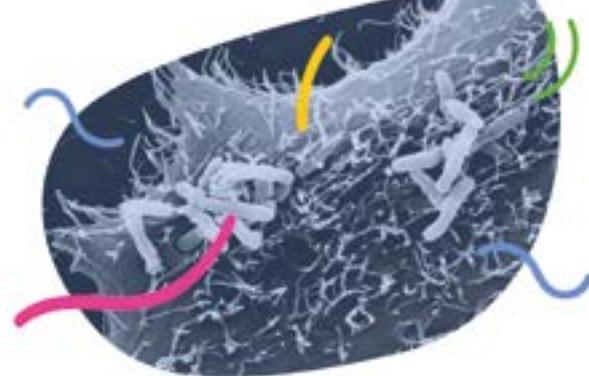
<https://doi.org/10.1002/bies.202200136>

Referencias

1. Mencía, M. (2022). Acid digestion and symbiont: Proton sharing at the origin of mitochondriogenesis? *BioEssays*, 2200136.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#55 AGROECOSISTEMAS SOSTENIBLES PARA LAS PERSONAS Y LOS MICROORGANISMOS

Angel Valverde

¹ (IRNASA-CSIC, Salamanca, España)

Resumen de la comunicación

La mejora genética de los cultivos y la aplicación de cantidades masivas de fertilizantes y pesticidas sintéticos han aumentado significativamente la productividad agrícola. Sin embargo, los cultivos agrícolas con una diversidad ecológica y genética muy baja (monocultivos) son más susceptibles a los eventos climáticos extremos y a patógenos y plagas. Además, la intensificación agrícola reduce la biodiversidad en general, y la diversidad microbiana del suelo en particular, con consecuencias para la regulación del clima, el ciclado de los nutrientes, el crecimiento de las plantas, y el control de plagas y enfermedades. Una alternativa más sostenible a esta agricultura intensiva, es integrar los procesos ecológicos en las estrategias de gestión de la tierra con el objetivo de mejorar la prestación de servicios ecosistémicos y reducir los aportes antropogénicos; la denominada intensificación ecológica. Los agroecosistemas manejados de esta manera pueden ayudar a mantener la biodiversidad en su conjunto, brindando así una mayor resiliencia de los agroecosistemas al cambio climático. Además, la intensificación ecológica puede mejorar de forma sostenible los rendimientos de los agroecosistemas, mejorando a su vez la rentabilidad y la seguridad alimentaria. Estas nuevas prácticas de gestión se ejemplifican en los sistemas silvopastorales tradicionales de dehesa.



#85 ÍNDICES FILOGENÓMICOS EN LA DIFERENCIACIÓN DE ESPECIES Y SUBESPECIES EN EL SUBGRUPO DE PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS

Elena García-Valdés Pukkits^{1,2}, Magdalena Mulet Pol¹, Margarita Gomila Ribas¹, Jorge Lalucat Jo¹.

¹ (Universitat de Les Illes Balears, Palma De Mallorca, España)

² (Institut Mediterrani d' Estudis Avançats, Palma de Mallorca, España)

Resumen de la comunicación

Las distancias filogenéticas evaluadas por las secuencias génicas y los índices genómicos de presencia o ausencia de genes constituyen las mejores herramientas para agrupar cepas en especies y géneros. Los valores promedio de las identidades nucleotídicas (ANI) o aminoacídicas (AAI) y los de distancias entre genomas (GGDC) están ampliamente aceptados para diferenciar especies bacterianas. Los porcentajes de genes conservados (POCP) permiten diferenciar géneros. En trabajos previos hemos visto que los genes compartidos entre cepas constituyen un buen criterio de agrupamiento. Hasta el momento, únicamente se ha propuesto un índice filogenómico para discriminar entre subespecies de una misma especie y éste es el nivel del 79-80 % de GGDC (1). Recientemente hemos aplicado índices de presencia/ausencia de genes ortólogos en el género *Pseudomonas* (2) y como modelo, en la presente comunicación hemos realizado un análisis exhaustivo de índices filogenómicos a nivel de género, especie y subespecie aplicados a cepas del subgrupo filogenético de *Pseudomonas chlororaphis*. Éste es uno de los nueve subgrupos en que se divide el grupo filogenómico de *Pseudomonas fluorescens*. En estos momentos comprende siete especies válidamente descritas y otras especies genómicas aún no caracterizadas que se encuentran en el límite de la diferenciación de especie por los índices habituales. Las especies constituyentes son: *P. chlororaphis* (con cuatro subespecies), *P. piscis*, *P. protegens*, *P. saponiphila*, *P. sesami*, *P. sessilinigenes*, *P. danubii* y "*P. aestus*". Al análisis se incorporaron otras cepas recientemente aisladas en nuestro laboratorio. Se caracterizan por su distribución preferencialmente ambiental, en el medio acuático, por su interacción con plantas y peces, pero también se han encontrado asociadas a humanos. Las agrupaciones obtenidas por los diferentes índices aplicados son coherentes entre sí y con la clasificación propuesta en el GTDB (Genome Taxonomy Data Base). La aplicabilidad de cada método varía en función de los rangos taxonómicos considerados.

Financiación

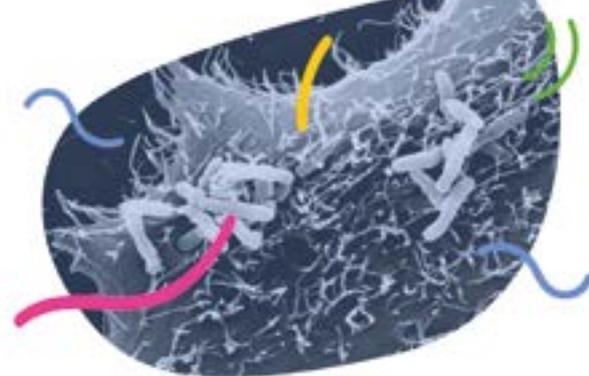
Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación MICIN/AEI, 10.13039/501100011033, proyecto PID2020-119449RB-I00

Referencias

- 1-Meier-Kolthoff y col., 2014, *Genomics Sci* 9:2
- 2- Lalucat y col., 2022, *Syst Appl Microbiol* 45:1

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#127 COMPLEJIDAD CELULAR DE UN ASGARDARQUEA Y SU POSIBLE RELACIÓN CON EL ORIGEN DE LOS EUKARIOTAS

Rafael Isaac Ponce Toledo¹, Thiago Rodrigues Oliveira², Florian Wollweber³, Jinwei Xu³, Andreas Klingl⁴, Simon Rittmann², Martin Pilhofer³, Christa Schleper².

¹(University of Vienna, Wien, Austria)

²(University of Vienna, Viena, Austria)

³(ETH Zürich, Zurich, Suiza)

⁴(Ludwig-Maximilians-Universität München, Munich, Alemania)

Resumen de la comunicación

Las Asgardarqueas se consideran los parientes más cercanos conocidos de los eucariotas. Sus genomas contienen cientos de proteínas de firma eucariotas (ESP, por sus siglas en inglés), que han inspirado hipótesis sobre el origen y evolución de la célula eucariota^{1,2,3}. Se ha postulado un papel de los ESP en la formación de un citoesqueleto elaborado y estructuras celulares complejas^{4,5}, pero nunca se ha visualizado. Aquí describimos un cultivo altamente enriquecido de 'Candidatus Lokiarchaeum ossiferum', un miembro del filo Asgard, que prospera anaeróbicamente a 20 °C en fuentes de carbono orgánico. Los ESP representan el 5% de sus genes codificadores de proteínas, incluidos cuatro homólogos de actina. Las células son cocoides y contienen una red de protuberancias ramificadas con constricciones frecuentes. La envoltura celular consta de una sola membrana y estructuras superficiales complejas. Un citoesqueleto de largo alcance se extiende a lo largo de los cuerpos celulares, protuberancias y constricciones. La arquitectura de doble cadena retorcida de los filamentos es consistente con la actina F. La inmunotinción indica que los filamentos comprenden Lokiactina, uno de los ESP más conservados en las Asgardarqueas. Proponemos que un citoesqueleto complejo basado en actina es anterior a la aparición de los primeros eucariotas y fue una característica crucial en la evolución del filo Asgard mediante el andamiaje de estructuras celulares elaboradas.

Financiación

European Research Council (AdG TACKLE, 695192), Austrian Science Fund (FWF): W1257.

Referencias

1. Zaremba-Niedzwiedzka, K. et al. Asgard archaea illuminate the origin of eukaryotic cellular complexity. *Nature* 541, 353–358 (2017).
2. Liu, Y. et al. Expanded diversity of Asgard archaea and their relationships with eukaryotes. *Nature* 593, 553–557 (2021).
3. Eme, L., Spang, A., Lombard, J., Stairs, C. W. & Ettema, T. J. G. Archaea and the origin of eukaryotes. *Nat. Rev. Microbiol.* 15, 711–723 (2017).
4. Stairs, C. W. & Ettema, T. J. G. The archaeal roots of the eukaryotic dynamic actin cytoskeleton. *Curr. Biol.* 30, R521–R526 (2020).
5. Akil, C. et al. Mythical origins of the actin cytoskeleton. *Curr. Opin. Cell Biol.* 68, 55–63 (2021).



#133 CHARACTERIZATION OF SOIL AND RHIZOSPHERE MICROBIAL DIVERSITY OF A WETLAND IMPACTED BY A FORMER URANIUM MINE IN FRANCE

Jaime Gómez Bolívar¹, Pascale Henner², Laureline Février², Frédéric Coppin², Mohamed Merroun¹, Virginie Chapon³.

¹(Universidad de Granada, Granada, España)

²(Institute for Radioprotection and Nuclear Safety, Cadarache, Francia)

³(BIAM-UMR 7265 CEA-CNRS-AMU INSTITUT DE BIOSCIENCES & BIOTECHNOLOGIES D'AIX-MARSEILLE, Cadarache, Francia)

Resumen de la comunicación

Influence of microbial communities on uranium (U) behaviour in the environment, including U mining sites, has been previously demonstrated [1]. Bacteria interact with U in different ways that can modulate its speciation through different mechanisms such as reduction or oxidation, sorption, biomineralization, thus playing a role in its mobility and transfer. In addition, they establish close relationships with plants, especially in the rhizosphere where they form the microbiome. 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 U to plants in real conditions and to establish the distribution of U in the tripartite system soil/plant/microorganisms. Thus, the aims of this work were (i) to characterize the soil and rhizospheric microbiota associated to *Caltha palustris* and *Scirpus sylvaticus* in the top soil of the Rophin wetland and estimate the potential impact of U on these microbiota and (ii) to characterize the soil microbiota in the U-rich zone in order to identify microorganisms that could influence U mobility and transfer to plants. To address these questions, we use a multidisciplinary approach combining microbial diversity analysis, geochemistry, microscopy, and spectroscopy.

Financiación

Euratom research and training programme 2019-2020 under grant agreement No 900009.

Hipervínculo

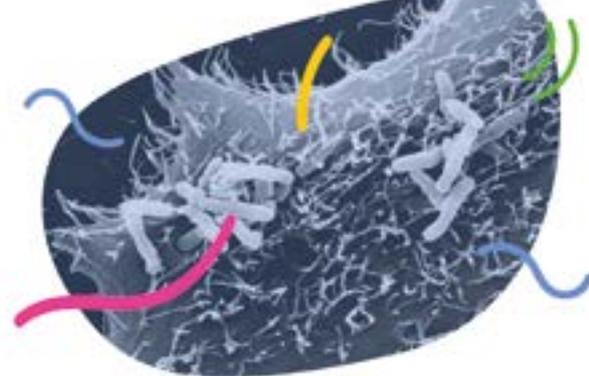
<https://cordis.europa.eu/project/id/900009>

Referencias

Lopez-Fernandez, M., Jroundi, F., Ruiz-Fresneda, M.A., Merroun, M.L. (2021) Microbial interaction with and tolerance of radionuclides: underlying mechanisms and biotechnological applications. *Microbial Biotechnology* 14 (3), 810-828. doi: 10.1111/1751-7915.13718.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#139 METAGENÓMICA Y DIVERSIDAD PROCARIOTA DE LAS SALINAS DE ISLA CRISTINA (HUELVA)

Alicia García Roldán, Blanca Vera Gargallo, Rafael Ruiz De La Haba, Cristina Sánchez-Porro Álvarez, Antonio Ventosa Uceró.

¹(Universidad de Granada, Granada, España)

²(Institute for Radioprotection and Nuclear Safety, Cadarache, Francia)

³(BIAM-UMR 7265 CEA-CNRS-AMU INSTITUT DE BIOSCIENCES & BIOTECHNOLOGIES D'AIX-MARSEILLE, Cadarache, Francia)

Resumen de la comunicación

Un ambiente extremo es aquel que presenta niveles especialmente elevados o bajos de uno o varios factores fisicoquímicos, como pH, radiación solar, temperatura, presión, nutrientes o concentración salina. Un ejemplo de ambientes extremos son los hábitats hipersalinos, en los cuales se desarrollan fundamentalmente procariotas arqueas y bacterias halófilas, que son microorganismos que requieren unas concentraciones salinas elevadas para crecer óptimamente. Dichos ambientes son muy variados y se dividen, principalmente, en ambientes terrestres y acuáticos, siendo los más estudiados estos últimos, entre los que destacan los lagos salinos y las salinas solares. El objetivo de este trabajo es estudiar en profundidad la diversidad taxonómica y funcional de las salinas de Isla Cristina (Huelva), así como la influencia que ejercen las diversas concentraciones salinas en las poblaciones microbianas de las mismas. Para ello, se obtuvieron muestras de diversos estanques de estas salinas, con un rango de salinidades moderadas y altas, que oscilaban entre el 19,5% y el 39% (p/v) y se secuenció mediante la estrategia shotgun su ADN metagenómico. Los datos brutos de secuenciación se analizaron con servicios de supercomputación siguiendo los protocolos de MetaWRAP y SqueezeMeta. Se observa una mayor presencia del phylum "Euryarchaeota", representado fundamentalmente por Halorubrum, en las muestras con mayor concentración salina, mientras que a salinidades más bajas la abundancia de este grupo se reduce para dejar paso a otros phyla como Bacteroidota, Pseudomonadota, Balneolota y Actinomycetota. Existe también un grupo de secuencias no asociadas con ningún taxón conocido, que suponen hasta el 25% de las muestras, poniendo de manifiesto la presencia de una importante cantidad de materia oscura microbiana en las salinas estudiadas. El análisis detallado de estas muestras tanto a nivel taxonómico como funcional proporcionará información y ayudará a entender mejor la ecología de dichas salinas, así como la naturaleza y comportamiento de los microorganismos halófilos.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por proyectos del Ministerio de Ciencia e Innovación/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-118136GB-I00) y de la Junta de Andalucía (P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.



#158 FARMACOMICROBIÓMICA: DETERMINACIÓN DEL EFECTO DE FÁRMACOS SOBRE LA MICROBIOTA INTESTINAL HUMANA Y SU POTENCIAL ENZIMÁTICO

Alfonso Torres Sánchez¹, Ana López Moreno¹, Pilar Ortiz ¹, Gracia Luque ¹, Mercedes Monteoliva Sánchez², Alicia Ruiz Rodríguez¹, Margarita Aguilera ¹, Antonio Matilla ¹.

¹(Laboratorio de Microbiota Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos "José Mataix" (INYTA), Universidad de Granada, 18016 Granada, España, Granada, España)

²(Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

Farmacomicrobiómica describe las interacciones existentes entre la microbiota intestinal humana y los fármacos administrados a pacientes. A pesar de que la información sobre influencias mutuas entre microbiota intestinal, fármacos y metabolismo del hospedador es limitada, se sabe que los metabolitos microbianos pueden jugar un papel esencial en la regulación de la homeostasis intestinal (Torres-Sánchez y col. 2023) y por ello la variación de la respuesta a fármacos, incluida su eficacia y toxicidad potencial puede verse afectada. En este contexto, muestras fecales de una población infantil, se expusieron a 5-Fluorouracilo (fármaco antimetabolito cuya acción deriva de su capacidad para inhibir la síntesis de ADN, y por ello utilizado en tratamiento de cáncer) durante 10 días, a fin de identificar los taxones tolerantes al 5-FU comparativamente a los mismos sin exposición al fármaco. La metodología utilizada para la descripción de los taxones ha sido culturómica e identificación posterior con Maldi-Tof y amplicón del gen 16S rRNA (Illumina), determinando el impacto del fármaco sobre las comunidades microbianas y el potencial diferencial detoxificante entre los individuos. Además, los aislados diferenciales de interés se analizaron para determinar su arsenal enzimático de interés biotecnológico. De este modo, los aislados tolerantes al fármaco fueron cultivados para llevar a cabo la determinación de actividad amilasa, celulasa, inulinasa, lipasa/esterasa y nucleasa para su uso biotecnológico.

Financiación

Proyecto de Excelencia 21.00341

Hipervínculo

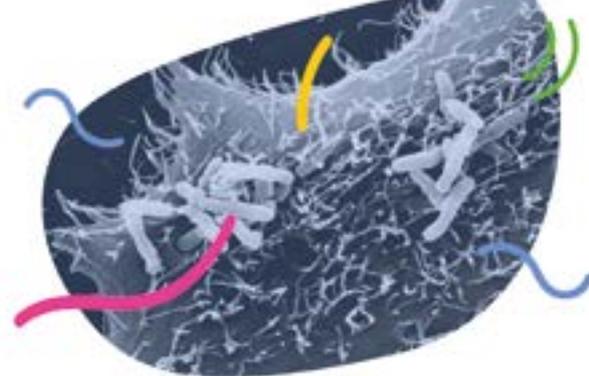
<https://twitter.com/MicrobiotaUGR>

Referencias

Torres-Sánchez y col. (2023) *Int. J. Mol. Sciences* 24, 4519.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#177 ACTIVIDAD ANTIMICROBIANA DE CEPAS BACTERIANAS AISLADAS DE SUELOS DE ECOSISTEMAS NATURALES SUBTERRÁNEOS DE LA COMUNIDAD VALENCIANA

Luis Carlos Grueso , Jesús Zueco , Javier Barriga-Cuartero , Pablo Ibáñez , Belén Fouz.

¹(Universidad de Valencia, Valencia, España)

Resumen de la comunicación

La creciente aparición de bacterias con múltiples resistencias a antibióticos representa una amenaza para los sistemas de salud pública a nivel global. De hecho, algunos estudios predicen que un plazo de 30 años el número de muertes debidas a infecciones causadas por bacterias multirresistentes superará en número al de aquellas causadas por cáncer. El aislamiento de microorganismos del suelo productores de nuevos antibióticos constituye una aproximación válida y prometedora para afrontar este problema. En el presente trabajo, se describe el potencial antimicrobiano de una serie de aislados bacterianos de suelos de ecosistemas naturales subterráneos (simas) en la Comunidad Valenciana. Se tomaron muestras de dos simas, como parte de las actividades de exploración realizadas por club de espeleología y barranquismo "Cabres de Muntanya", situadas en los términos municipales de Serra y Ontinyent, en la provincia de Valencia. Las muestras se analizaron sembrando diluciones decimales en dos medios de cultivo, Tripticasa Soja Agar diluido al 10% y Agar de aislamiento de actinomicetos (Millipore, Sigma Aldrich). Se seleccionaron entre 50 y 60 colonias microbianas por muestra y se sometieron a ensayos preliminares de antibiosis frente a un grupo de bacterias patógenas de interés clínico. A continuación, se realizaron ensayos de antibiosis más específicos que permitieron aislar 7 cepas bacterianas que poseían actividad antimicrobiana significativa. Las cepas fueron identificadas por métodos genéticos (amplificación por PCR y secuenciación parcial del gen ARNr16S) como pertenecientes a los géneros *Streptomyces* y *Stenotrophomonas*. Todas ellas mostraron actividad frente a *Streptococcus pyogenes* y *Staphylococcus epidermidis*. Además, las cepas de *Streptomyces* fueron activas frente a *S. aureus*, *Escherichia coli* y *Candida albicans*. En conclusión, estos resultados ponen de manifiesto el potencial de los ecosistemas subterráneos como reservorio de microorganismos productores de antibióticos.

Financiación

UV-SFPIE_PID-1641321

Referencias

- Aroszewicz, W. y col. (2021). *Antibiotics* 10, 1212.
Iquebal, M.A. y col. (2021). *Genomics* 113, 6: 4098-4108.
Maicas S. y col. (2020). *Frontiers in Microbiology* 11, 564030



#180 UNA NUEVA ARQUEA HALÓFILA EXTREMA DEL GÉNERO HALOARCULA AISLADA DE SUELOS HIPERSALINOS

Antonio Ventosa , Dáša Straková , Cristina Galisteo , Rafael R. De La Haba , Cristina Sánchez-Porro.

¹(Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

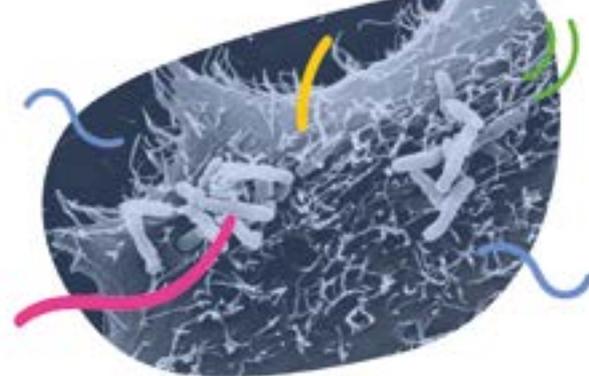
Los ambientes hipersalinos se caracterizan por su elevada concentración de sales, si bien otros factores como la temperatura, el pH, la radiación solar o la concentración de compuestos tóxicos pueden influir en su microbiota, generalmente limitada a haloarqueas y bacterias halófilas extremas o moderadas. A pesar de la creciente salinización de los suelos, debida a las prácticas intensivas de riego y a procesos de desertificación, los estudios acerca de la biodiversidad de los suelos salinos son muy escasos, en contraste con los realizados en ambientes acuáticos hipersalinos, como lagos salinos y salinas. Este trabajo se encuadra en los estudios recientes de caracterización de la microbiota de suelos hipersalinos de las Marismas del Odiel, localizados en la provincia de Huelva, utilizando tanto técnicas independientes como dependientes de cultivo. Mediante técnicasulturómicas hemos aislado un nuevo grupo de haloarqueas, del cual se ha seleccionado la cepa S1AR25-5A, inicialmente relacionada con el género Haloarcula en base a la comparación de secuencias del gen 16S rRNA. Esta nueva haloarquea posee dos secuencias divergentes del gen 16S rRNA (designadas rrnA y rrnB), que es una característica típica de especies del género Haloarcula. El análisis de la secuencia del gen rpoB' confirmó la afiliación de dicha haloarquea con el género Haloarcula. Los parámetros taxogenómicos, incluidos la comparación de los genomas y obtención del árbol filogenómico basado en los genes core, junto con los índices genómicos orthoANI, dDDH y AAI mostraron que dicha haloarquea está estrechamente relacionada con la especie Haloarcula mannanylytica MD130-1T. Los porcentajes de identidad obtenidos entre esta haloarquea y las especies de Haloarcula fueron de 89,2-85,8 % (orthoANI), 38,0-31,0 % (dDDH) y 91,5-87,2 % (AAI). Estos resultados, conjuntamente con una completa caracterización fenotípica y quimiotaxonómica, nos permiten concluir que la cepa S1AR25-5AT representa una nueva especie del género Haloarcula, Haloarcula terrestris sp. nov.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por proyectos del Ministerio de Ciencia e Innovación/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-118136GB-I00) y de la Junta de Andalucía (US-1263771, P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#200 DINÁMICA DE LA MICROBIOTA INTESTINAL INFLUENCIADA POR TAXONES TOLERANTES AL BISFENOL A EN LA OBESIDAD INFANTIL MEDIANTE CULTURÓMICA Y AMPLICON-SEQUENCING

Ana López Moreno, Klara Cerk , Margarita Aguilera , Alicia Ruiz Rodriguez.

¹(Laboratorio de Microbiota, Centro de Investigación Biomédica, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos "José Mataix" (INYTA), Universidad de Granada, 18016 Granada, España, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El sobrepeso y la obesidad infantil son un problema de salud global, especialmente en España, donde el 39% de los niños tienen sobrepeso y el 16% son obesos. La exposición a sustancias químicas sintéticas, como los disruptores endocrinos (DE), ha sido relacionada con el aumento de las tasas de obesidad. El bisfenol A (BPA), uno de los disruptores endocrinos más estudiados, y su exposición en las primeras etapas de la vida puede impactar en el desarrollo de enfermedades crónicas a lo largo de la vida. La microbiota intestinal parece tener un papel importante en la exposición a xenobióticos, y su estudio elucidada la relación causa-efecto entre la microbiota intestinal y las enfermedades desencadenadas por DE. Este estudio tuvo como objetivo identificar taxones tolerantes a BPA de la microbiota intestinal y su rol en la dinámica general de la comunidad microbiana intestinal de población infantil con obesidad. A través de culturómica se aislaron taxones tolerantes a BPA diferenciales para los grupos de estudio. Seleccionamos los géneros encontrados como potenciales biomarcadores y analizamos la interacción de estos biomarcadores taxonómicos con el resto de géneros de la comunidad microbiana, secuenciada mediante amplicon-sequencing del gen ARNr 16S. Algunos de los biomarcadores seleccionados mostraron un impacto positivo (*Clostridium* y *Romboutsia*) o negativo (*Intestinibacter*, *Escherichia-Shigella*, *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*) para la alfa-diversidad de la comunidad microbiana general, así como un impacto en la beta-diversidad. El grupo con normopeso mostró una red de taxones más conectada que el grupo con sobrepeso y obesidad a través de redes de asociación. Además, se han identificado taxones específicos que ejercerían un rol importante en la estructura de la comunidad. Las redes de asociación generadas con los biomarcadores seleccionados establecieron una asociación entre el grado de conexión de taxones y capacidades enzimáticas potenciales de degradación o tolerancia del BPA.

Financiación

Proyecto de Excelencia 21.00341

Hipervínculo

<https://twitter.com/MicrobiotaUGR>

Referencias

López-Moreno y col. (2022) *Nutrients* 14, 241.



#202 USO DE METABARCODING PARA COMPARACIÓN DE TÉCNICAS DE DESINFESTACIÓN DE SUELO

Miguel Camacho Sánchez, Berta De Los Santos , Luis Miranda.

¹ (IFAPA, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

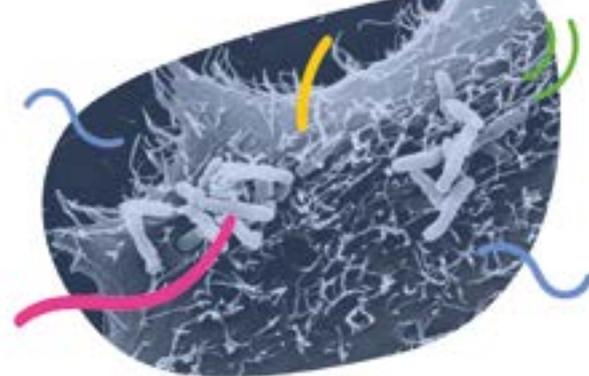
Muchos microorganismos patógenos de cultivos persisten en formas de resistencia en los suelos agrícolas, afectando a los cultivos y socavando su rendimiento. Dado que la legislación restringe la aplicación de fumigantes químicos en la agricultura, la desinfestación del suelo requiere la exploración de soluciones respetuosas con el medio ambiente. En este trabajo se ha evaluado el efecto sobre la microbiota del suelo de dos fumigantes (1,3-dicloropropeno-cloropicrina y dazomet), en comparación con la técnica de biosolarización. La microbiota del suelo se caracterizó mediante la secuenciación vía metabarcoding de los loci 16S (bacterias) e ITS2 (hongos) de muestras procedentes de dos campañas de campo consecutivas en suelos de cultivos de fresa situados en Huelva, España. Las abundancias iniciales de bacterias y hongos de los suelos dependieron del uso histórico de la parcela agrícola. Los fumigantes de suelo produjeron una disminución drástica de las poblaciones de hongos en el suelo, pero afectaron en menor medida a las bacterias. Las poblaciones de los hongos patógenos *Macrophomina* y *Fusarium* spp., descendieron a cero en muchas de las muestras tras el tratamiento, y se mantuvieron bajas hasta el final de la segunda campaña. Sin embargo, el hongo beneficioso *Trichoderma* no se vio afectado por estos tratamientos. La biosolarización tuvo poco efecto sobre las poblaciones de hongos y bacterias. Los resultados comparativos de los recuentos en placa de estos grupos objetivo mostraron resultados similares.

Financiación

Junta de Andalucía cofinanciado al 80% por fondos FEDER. (AVA 2019.034)

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#216 DINÁMICA ESTACIONAL DE LA COMUNIDAD ENDÓFITA CULTIVABLE DEL ALMENDRO EN EL CONTEXTO DE LA INFECCIÓN POR XYLELLA FASTIDIOSA

Ibai Cano ¹, Magdalena Mulet ¹, Guillem Seguí ¹, Antonio Busquets ², Jorge Lalucat ¹, Elena García-Valdés ¹, Margarita Gomila ¹.

¹ (Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122 Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

¹ (Servicios científico-técnicos, Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122 Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

Resumen de la comunicación

El almendro, *Prunus dulcis* (Mill.) D. A. Webb, es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial, especialmente en Baleares, donde además es un símbolo histórico-cultural. No obstante, se ha observado un descenso notable en el número de almendros y su producción en las últimas décadas. La causa más plausible de esta caída se atribuye a la infección por *Xylella fastidiosa*. *X. fastidiosa* es un fitopatógeno que obstruye los haces xilemáticos de multitud de especies vegetales. Desgraciadamente, no se conoce ningún tratamiento efectivo actualmente. Por ello, los últimos estudios se han centrado en la endosfera de las plantas infectadas para conocer cómo modula el patógeno la comunidad endófito y si existen ahí posibles agentes de biocontrol. Sin embargo, existe aún un vacío de conocimiento en la endosfera del almendro. Para estudiar las diferencias entre la endosfera de almendros infectados y sanos por *X. fastidiosa*, se analizaron muestras de hoja recogidas en noviembre del 2021 y marzo del 2022, coincidiendo aproximadamente con la senescencia y brote de las hojas, respectivamente. Se determinó la positividad de las muestras por qPCR. Paralelamente, los extractos vegetales obtenidos se sembraron en diferentes medios de cultivo y, tras el recuento de unidades formadoras de colonias, se seleccionaron representantes de todas las morfologías coloniales observadas. Estos aislados fueron identificados por espectrometría de masas MALDI-TOF, y confirmados mediante el análisis de la secuencia del gen ARNr 16S. Los resultados mostraron una mayor riqueza de taxones en el brote de las hojas y un aumento de la dominancia en los estadios próximos a su senescencia, lo que refleja una fuerte dinámica estacional. Además, se han identificado entre los aislados algunos microorganismos catalogados como agentes de biocontrol, siendo interesante su estudio en el tratamiento de las infecciones por *X. fastidiosa*.

Financiación

Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto PID2020-119449RB-I00 financiado por MICIN/AEI 10.13039/501100011033. La contratación de Ibai Cano ha sido posible gracias al Programa SOIB Investigación e Innovación, financiada con fondos NextGenerationEU a través del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia.



**#232 DIVERSIDAD DE PSEUDOMONAS ENDÓFITAS MEDIANTE TÉCNICAS
DEPENDIENTES DE CULTIVO EN ALMENDROS INFECTADOS CON XYLELLA
FASTIDIOSA**

Magdalena Mulet ¹, Ibai Cano ¹, Antonio Busquets ², Jorge Lalucat ¹, Elena García-Valdés ¹, Margarita Gomila ¹.

¹(Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, Km. 7.5, 07122 Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

²(Servicios científico-técnicos, Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122 Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

Resumen de la comunicación

En 2016, se detectaron los primeros casos de *Xylella fastidiosa* en Mallorca, lo que generó una importante preocupación social y económica, afectando a la actividad agrícola, sobre todo en el cultivo del almendro. Una posible estrategia para controlar la propagación del fitopatógeno es el uso de endófitos microbianos capaces de proteger a las plantas hospedadoras, aunque hasta la fecha, se desconoce la gran mayoría de las comunidades microbianas presentes en estos xilemas y son pocos los estudios centrados en estos hábitats (1, 2, 3). Los miembros del género *Pseudomonas* son relevantes para el medio ambiente y ocupan muchos nichos ecológicos diferentes. Algunas cepas de *Pseudomonas* endófitas tienen un efecto beneficioso en la salud de las plantas y actúan como agentes de biocontrol. En este trabajo se ha estudiado la diversidad de *Pseudomonas* presentes en la comunidad endófitas de almendros de la isla de Mallorca mediante métodos dependientes de cultivo. Se seleccionaron para ello cuatro variedades de almendros pertenecientes a dos fincas de Mallorca, dos previamente diagnosticadas como infectadas por *Xylella fastidiosa* y otras dos variedades sanas, y se analizaron estacionalmente. Un total de 2.535 cepas se aislaron y se identificaron por espectroscopia de masas MALDI-TOF. Los aislados identificados como *Pseudomonas* se seleccionaron para su posterior afiliación y caracterización mediante la amplificación y secuenciación de los genes del 16S RNA ribosómico y de *rpoD*, específico de *Pseudomonas*. La mayoría de estos aislados se obtuvieron en el muestreo realizado en noviembre. En el muestreo de marzo no se detectaron *Pseudomonas*. No se observaron diferencias significativas en el número de aislados de *Pseudomonas* entre los medios de cultivo usados, pero sí en los grupos filogenéticos detectados. Entre los grupos filogenéticos detectados destacaron miembros de los grupos de *P. syringae*, *P. putida*, *P. chlororaphis* y *P. lutea*.

Financiación

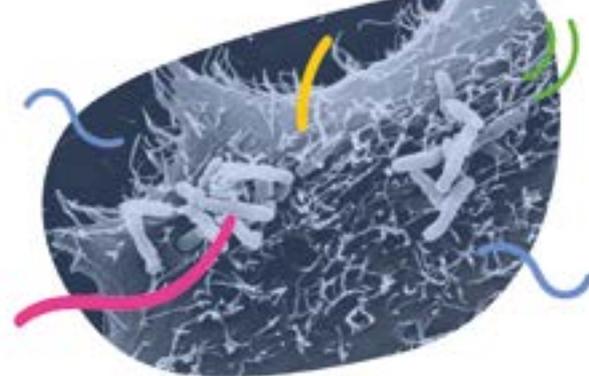
Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto PID2020-119449RB-I00 financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación MICIN/AEI, 10.13039/501100011033. La contratación de Ibai Cano ha sido posible gracias al Programa SOIB Investigación e Innovación, financiada con fondos NextGeneration EU a través del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia.

Referencias

1. Anguita-Maeso et al., 2020. *Frontiers in Plant Sciences*, 10, 1708.
2. Anguita-Maeso et al., 2022. *Frontiers Microbiology*, 13, 866085.
3. Deyett et al., 2017. *Phytobiomes Journal*, 1(3), 138-149.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#234 ESTUDIO DEL NUMERO DE POLIMORFISMOS DE NUCLEOTIDO UNICO (SNPS) EN AISLADOS DE X. FASTIDIOSA DE LAS ISLAS BALEARES

Guillem Seguí¹, Antonio Busquets², Margarita Gomila¹.

¹(Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122, Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

²(Servicios científico-técnicos, Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122, Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

Resumen de la comunicación

El fitopatógeno *Xylella fastidiosa* es una bacteria Gram negativa habitante del xilema que afecta a una amplio espectro de plantas huésped. Es considerado un microorganismo de cuarentena debido a su alta capacidad infectiva y a las enfermedades que este patógeno causa, resultando en importantes repercusiones medioambientales y agrícolas en las zonas donde se ha detectado. En las Islas Baleares se han dado las condiciones climáticas idóneas para la expansión y desarrollo de esta bacteria, encontrándose tres subespecies y secuetipos diferentes (subsp. *fastidiosa* ST1, multiplex ST81 y 'pauca' ST80).

Con el objetivo de elucidar la diversidad poblacional o variedad intraespecie de las diferentes subespecies detectadas en las Islas Baleares, se intentó realizar el aislamiento de distintas cepas de *X. fastidiosa* en los mismos árboles diagnosticados como positivos para este patógeno de diferentes parcelas de almendro, olivo y vid a lo largo de cuatro años. Se obtuvieron ocho aislamientos (dos de *Prunus dulcis* y seis de *Vitis vinifera*) a partir de treinta muestras diagnosticadas positivamente y se procedió a la secuenciación de su genoma y posterior análisis genómico y comparativo. En esta comunicación se muestran los resultados obtenidos en el análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) utilizando el programa Snippy de los seis aislados obtenidos de la misma parcela de vid en 2019. Así como la comparativa con todos los genomas disponibles y propios de la subespecie *fastidiosa* obtenidos de la isla de Mallorca y el genoma de la cepa M23, proveniente de California, como referencia. Los resultados muestran que todas las cepas analizadas son diferentes incluidas las cepas que se obtuvieron de la misma vid, sugiriendo una posible coexistencia de variedades poblacionales diferentes de la misma subespecie y secuetipo de *X. fastidiosa* en el interior de la planta.

Financiación

Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto E-RTA2017- 0004-C06-04 financiado por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad y el proyecto PID2020-119449RB-I00 financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación MICIN/AEI, 10.13039/501100011033.



#244 DOS NUEVOS GÉNEROS PROCEDENTES DE LAS MARISMAS DEL ODIEL

María José León León, Julia Barrau, Cristina Galisteo, Rafael Ruiz De La Haba, Cristina Sánchez-Porro.

¹ (Universidad de Sevilla, Sevilla, España)

Resumen de la comunicación

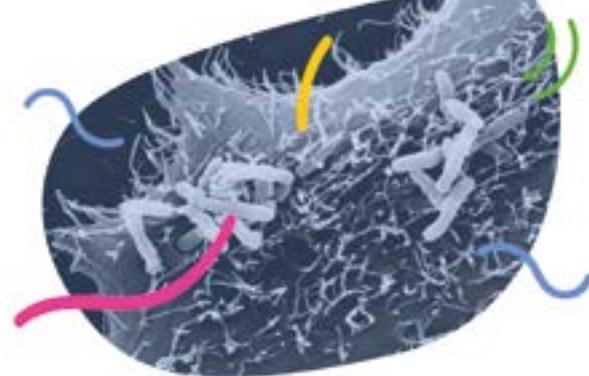
Como parte de un amplio estudio en el que llevamos trabajando ya varios años, se ha estudiado la diversidad procariota existente en las Marismas del Odiel (Huelva), un Paraje Natural cuyos suelos poseen elevadas concentraciones de sales y de metales pesados, mediante estrategias tanto dependientes como independientes de cultivo. Los estudios dependientes de cultivo nos han llevado a identificar, en base a la secuencia del gen ARNr 16S, más de 500 aislados, algunos de las cuales constituyen nuevos taxones, como es el caso de las cepas S3BR75-40.1 y S3BR75-50, objeto de este trabajo. Para caracterizar con detalle estas dos cepas se ha secuenciado y analizado su genoma, determinando diversos índices genómicos (orthoANI, dDDH y AAI) y elaborando una filogenia basada en el core-genoma. Adicionalmente, se ha realizado una exhaustiva caracterización fenotípica de ambos aislados. Los porcentajes de identidad más elevados del gen ARNr 16S de la cepa S3BR75-40.1 fueron de 94,6% con *Tamilnaduibacter salinus* Mi-7T y de 94,4% con *Marinobacter pelagius* HS225T. Con respecto a la cepa S3BR75-50, los mayores porcentajes de identidad en base al gen ARNr 16S fueron 92,3% con *Thioalkalivibrio thiocyanodenitrificans* ARhD 1T y 92,3% con *Natronocella acetinitrilica* ANL 6-2T. Los valores de orthoANI, dDDH y AAI de las cepas en estudio frente a los taxones más relacionados indicaron que en ambos casos estaban por debajo de los valores de corte aceptados para la delimitación de nuevos géneros. El árbol filogenómico confirmó el emplazamiento de ambas cepas en ramas totalmente independientes. En base a los resultados obtenidos, proponemos la descripción de las cepas S3BR75-40.1 y S3BR75-50 como dos nuevos géneros.

Financiación

Este estudio ha sido financiado por proyectos del Ministerio de Ciencia e Innovación/AEI/10.13039/501100011033 (PID2020-118136GB-I00) y de la Junta de Andalucía (P20_01066 y BIO-213), que incluyen fondos FEDER.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#254 TAXOGENÓMICA DE PSEUDOMONADOTA AISLADAS DE AGUA DE MAR DE LA BAHÍA DE BLANES

María Jesús Pujalte ¹, Teresa Lucena ¹, Marcos Chova ¹, Xavier Rey Velasco², Josep M. Gasol ³, Olga Sánchez ³, David R. Arahal¹.

¹(Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, Valencia, España)

²(Institut de Ciències del Mar. CSIC, Barcelona, España)

³(Departament de Genètica i Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Cuatro cepas bacterianas aisladas de agua de mar de la Bahía de Blanes, seleccionadas como novedosas tras un análisis comparativo del gen 16S rRNA, han sido sometidas a una extensa caracterización fenotípica y filogenómica, juntamente con cepas tipo de especies próximas como cepas de referencia. Todas ellas pertenecen al filo Pseudomonadota: S333 y S336 se sitúan en la clase Alphaproteobacteria, mientras que S339 y S415 pertenecen a las Gammaproteobacteria. Son bacterias aerobias estrictas, halófilas débiles, mesófilas y notablemente proteolíticas. No fermentan carbohidratos ni reducen nitratos. S336 produce un pigmento carotenoide amarillo y presenta la mayor versatilidad nutricional, siendo capaz de crecer asimilando diversas fuentes únicas de carbono incluyendo carbohidratos y ácidos orgánicos. Los árboles filogenómicos construidos con autoMLST (<https://automlst.ziemertlab.com/>) corroboran el parentesco de S333 con los miembros del género *Novosphingopyxis*, con *N. baekryungensis* como vecino más próximo, y de S336 con *Pacificimonas flava*. Por su parte, S339 se une a las especies de *Wenzhouxiangella*, género de posición incierta dentro de las Gammaproteobacteria, aunque a una distancia considerable, en concordancia con los bajos niveles de semejanza en la secuencia del gen 16S rRNA (<90%). S415 es cercana a las especies de *Songiibacter*. Los genomas de las cuatro cepas presentan los siguientes tamaños y contenidos en G+C: S333, 2,4 Mb y 63,1 mol%; S336 3,0 Mb y 62,7 mol%; S339 3,58Mb y 60,7 mol% y S415, 4,32 Mb y 57,7 mol%. Se han determinado los índices ANI, DDH y AAI respecto a sus vecinos más próximos según los árboles filogenéticos basados en el gen 16S rRNA y en todos los casos resultan inferiores a los umbrales establecidos para la discriminación de especie. La información disponible nos permite concluir que tres de las cepas representan nuevas especies de *Novosphingopyxis*, *Pacificimonas* y *Songiibacter*, la restante (S339) puede corresponder a un nuevo género.

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto MICOLOR (PID2021-125469NB-C32) (OS) y Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad digital de la Generalitat Valenciana, proyecto AICO/2020/181 (MJP)



#268 SESGO DE GÉNERO EN LOS NOMBRES DE PROCARIOTAS QUE HONRAN A PERSONAS

David R. Arahall¹, Lola Giner¹, Aharon Oren², Heike M. Freese³, Markus Göker³.

¹(Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, 46100 Burjassot, Valencia, España)

²(Institute of Life Sciences, The Hebrew University of Jerusalem, The Edmond J. Safra Campus, 9190401 Jerusalem, Israel)

³(Leibniz Institute DSMZ – German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, 38124 Braunschweig, Alemania)

Resumen de la comunicación

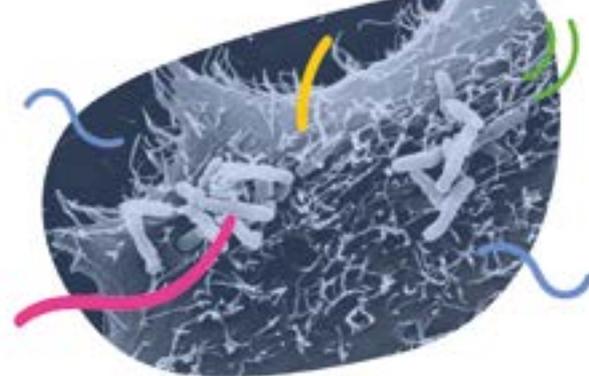
La nomenclatura de arqueas y bacterias está regulada por las normas que establece el Código Internacional de Nomenclatura de Procariotas, ICNP (Oren y col. 2023), y una de las muchas opciones para los microbiólogos que desean formar un nuevo nombre es acuñar un epónimo, en el cual el nombre científico obtenido se ha deriva del nombre de alguna persona y sirve también como medio de reconocimiento de la misma. El objetivo de este estudio es analizar los epónimos en la nomenclatura procariótica de tres rangos taxonómicos (género, especie y subespecie) desde la perspectiva de género. Los datos se exportaron del servicio en línea LPSN (Parte y col., 2020) y se analizó la etimología de todos los nombres válidos hasta final de 2022. Las nuevas combinaciones (combinatio nova) se consideraron duplicidades y se eliminaron, dejando aún 23.315 nombres únicos. Alrededor del 8,7% de estos son epónimos formados a lo largo de 200 años y con una tendencia negativa. Los resultados muestran que las mujeres ingresaron en la lista muy tarde (año 1947) en comparación con los hombres (desde 1823). Además, de todos los epónimos procariotas sólo el 14,6% lleva el nombre de una mujer. También se ha demostrado que esta ratio no ha mejorado desde los años 60 a pesar de que cada vez hay más mujeres en el campo de la microbiología que podrían haber sido reconocidas. Reducir esta brecha de género es pertinente, y alentamos a los autores trabajos taxonómicos a honrar a las científicas mediante epónimos para que puedan servir como referentes de las nuevas generaciones. En contraste, el estudio también muestra que alrededor del 50% de los nombres procarióticos derivados de personajes mitológicos se refieren a mujeres. Deseamos que esta paridad en lo ficticio ocurra también con las personas reales.

Referencias

Oren A, Arahall DR, Göker M, Moore ERB, Rossello-Mora R, Sutcliffe IC. International Code of Nomenclature of Prokaryotes Prokaryotic Code (2022 Revision) Preprint at <https://doi.org/10.5281/zenodo.7770135> (2023).
Parte AC, Sardà Carbasse J, Meier-Kolthoff JP, Reimer LC, Göker M. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 2020;70:5607–5612. doi: 10.1099/ijsem.0.004332

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#273 NUEVOS TAXONES MARINOS EN BACTEROIDOTA: CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y FILOGENÓMICA DE CEPAS DE AGUA DE MAR DE LA BAHÍA DE BLANES

Ana Belda Marco¹, María Jesús Pujalte ¹, Teresa Lucena ¹, Xavier Rey Velasco², Olga Sánchez ³, Joseo M. Gasol ², David R. Arahal ¹.

¹(Departamento de Microbiología y Ecología, Universitat de València, 46100 Burjassot, Valencia, España)

²(Institut de Ciències del Mar. CSIC, Barcelona, España)

³(Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, España)

Resumen de la comunicación

Se ha llevado a cabo una caracterización fenotípica y filogenómica de tres cepas (S365, S356 y S365), aisladas de agua de mar de la Bahía de Blanes, así como la determinación de los índices de semejanza genómica (ANI, AAI, DDH) con sus vecinos más próximos. Los árboles filogenómicos obtenidos las sitúan en el filo Bacteroidota, las dos primeras en la familia Flavobacteriaceae (orden Flavobacteriales). Por su parte, la cepa S365 pertenece a la familia Rubricoccaceae (orden Rhodothermales). Las tres cepas se comportan como aerobias estrictas y son mesófilas y débilmente halófilas, con un requerimiento absoluto de NaCl para crecer. Solo S365 es capaz de reducir nitratos y ninguna exhibe capacidad fermentativa. Presentan requerimientos nutricionales, no siendo capaces de crecer en medio mínimo con ninguna de las cuarenta y una fuentes únicas de carbono ensayadas, aunque presentan diversas actividades enzimáticas sobre péptidos y carbohidratos. Los cultivos en Agar Marino producen pigmentos de tipo carotenoides, amarillo anaranjado y ocre en el caso de las flavobacterias y rojo coral en la cepa S365. Los genomas de las tres cepas (S365, S356 y S365) tienen tamaños respectivos de 4,57, 3,18 y 3,93 Mb y presentan valores de G+C de 47,0, 35,2 y 73,7 mol% respectivamente. Los valores del índice ANIb con las cepas tipo de los vecinos filogenéticos más próximos de cada cepa no superan en ningún caso los umbrales establecidos para diferentes especies: 77% entre S365 y Rubrivirga marina; 72% entre S356 y Polaribacter reichenbachii y 76% entre S334 y Pricia antarctica. Los datos hasta ahora analizados indican que las tres cepas corresponden a nuevos taxones en el filo Bacteroidota, con S334 como representante de un posible nuevo género, S356 como posible nueva especie de Polaribacter y S365 como nueva especie del género Rubrivirga.

Financiación

Ministerio de Ciencia e Innovación, proyecto MICOLOR (PID2021-125469NB-C32) (OS) y Conselleria de Innovación, Universidades, Ciencia y Sociedad digital de la Generalitat Valenciana, proyecto AICO/2020/181 (MJP)



#281 TAXONOMIC AND FUNCTIONAL DIFFERENCES IN FAECAL MICROBIOME OF LYNCH SYNDROME PATIENTS ARE REVEALED BY METAGENOMIC AND METATRANSCRIPTOMIC ANALYSES

Vicente Pérez Brocal^{1,2}, Susana Ruiz Ruiz^{1,2}, Gabriela Debesa Tur^{1,2}, Adela Castillejo Castillo³, Amparo Latorre Castillo^{1,2,4}, José Luis Soto Martínez³, Andrés Moya Simarro^{1,2,4}.

¹(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (Fisabio), Valencia, España)

²(Consorcio de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Madrid, España)

³(Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (Fisabio), Hospital General Universitario de Elche, Elche, España)

⁴(Instituto de Biología Integrativa y de Sistemas (I2Sysbio), Universidad de València y Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Paterna, España)

Resumen de la comunicación

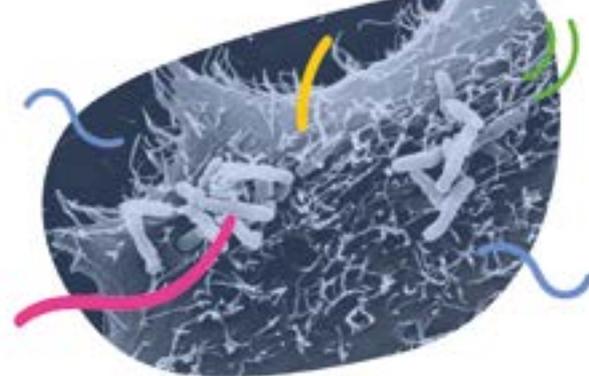
Lynch syndrome (LS) or hereditary non-polyposis colorectal cancer is a hereditary autosomal dominant condition that increases the risk of developing some types of cancer, among them, the most common type of hereditary colorectal cancer. It originates from germ line mutations in the mismatch repair genes MSH2, MLH1, MSH6, PMS2 or EPCAM. For this study, subjects from three cohorts were recruited: i) forty-four phenotypically healthy adults with a genetic diagnostic of LS, ii) six patients operated from a pancreatic or colorectal tumour, and iii) ten healthy adult volunteers. Here, we analysed the bacterial metagenomes from faeces collected at up to eight, three and one time points, respectively, as well as and metatranscriptomes from samples collected at one up to four time points. Alpha (Chao1 estimator and Shannon index) and beta diversity, PcoA with Adonis tests from data previously transformed by ANCOM-BC/DeSeq2, with Boruta selection were applied at species/genus level for taxonomic analyses and KEGG orthology entries for functional analyses, respectively. Thus, the microbial, gene content and expression levels were compared based on variables such as the cohort, gender, and mutated gene. For example, comparisons by mutated gene at metagenomic level showed more taxonomic and functional differences between controls and LS individuals with mutations affecting the MLH1 gene, whereas those affecting the MSH6 gene showed fewer differences and intermediate figures for MSH2. Even within LS individuals, fewer differences were found between MSH2/MSH6 than between either of them and MLH1. In the case of metatranscriptomes, evidence for those taxonomic differences was still present, but weaker. However, metatranscriptomes showed more differences in gene expression in mutations affecting MSH6 than those involving MLH1 and, specially, MSH2 genes. We also show those genera/species over and underrepresented when comparing controls and LS patients for all mutated genes, but also separately, for MLH1, MSH2 and MSH6 genes.

Financiación

Project funded by Asociación Española contra el Cáncer (project AECC 2017-1485).

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#340 EXPLORANDO LAS COMUNIDADES BACTERIANAS EN AMBIENTES HOSPITALARIOS: LA DIVERSIDAD DEL GÉNERO PSEUDOMONAS

Sergi Martorell ¹, José Laço ², Maria Del Carmen Gallegos ³, Margarita Gomila ⁴.

¹ (Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. De Valldemossa Km 7, España)

² (Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, 5, España)

³ (Servicio de Microbiología, Hospital Universitari Son Llàtzer, 07122 Palma De Mallorca, España)

⁴ (Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Illes Balears, España)

Resumen de la comunicación

Las bacterias son conocidas por estar presentes en prácticamente cualquier ambiente que pueda ser estudiado, y los hospitales no son una excepción. La diversidad bacteriana que puede encontrarse estudiando los diferentes ambientes de un hospital es muy elevada, siendo importante por varias razones, como ser la causa de infecciones nosocomiales recurrentes o actuar como reservorios de resistencias a antibióticos. En un estudio reciente en el que se pretendía analizar la diversidad bacteriana presente en diferentes puntos de un hospital a lo largo de un año, el género *Pseudomonas* fue el género más representado. Los miembros de este género son conocidos por su gran versatilidad, además de presentar una elevada prevalencia de resistencia a antibióticos. También es destacable su diversidad, siendo uno de los géneros de bacterias Gram negativas con el mayor número de especies descritas, muchas de las cuales son consideradas principalmente ambientales, aunque no es insólito que se encuentren en muestras clínicas como causa de infección. Con el objetivo de conocer la diversidad de *Pseudomonas* encontradas en estos ambientes, una selección de los aislados caracterizados e identificados como cepas de este género por espectrometría de masas MALDI-TOF se analizó más exhaustivamente mediante la secuenciación de los genes 16S rRNA y *rpoD*, permitiendo una mejor asignación taxonómica. De una selección de estos aislados se llevó a cabo un análisis genómico, y se determinó su perfil de susceptibilidad antibiótica. En el análisis se incluyeron aislados clínicos recogidos retrospectivamente en el hospital en el último año. Los resultados preliminares mostraron una gran diversidad de cepas afiliadas al género *Pseudomonas*, tanto en aislados clínicos como ambientales, sugiriendo además la presencia de potenciales nuevas especies.

Financiación

Este proyecto ha sido posible gracias a la financiación obtenida por el programa de investigación e innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea en el acuerdo de financiación Marie Skłodowska-Curie número 955626. La contratación de Sergi Martorell ha sido posible gracias al Programa SOIB Investigación e Innovación, financiada con fondos NextGeneration EU a través del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia.



#344 MICROORGANISMOS AISLADOS DE INTRUSIONES DE POLVO SAHARIANO EN CANARIAS

Irene De Pablos ¹, María Azahara Navarro ², Elena García-Hernández ², Ana Del Moral ¹, Jesús Párraga ², Fernando Martínez-Checa ^{1,3}.

¹ (Departamento de Microbiología, Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

² (Departamento de Edafología y Química Agrícola. Facultad de Farmacia, Universidad de Granada, Granada, España)

³ (Centro de Investigación Biomédica (CIBM), Instituto de Biotecnología, Universidad de Granada, Granada, España)

Resumen de la comunicación

El calentamiento global debido al cambio climático ha incrementado la frecuencia de las tormentas de polvo y arena que afectan a la calidad del aire y a los ecosistemas en general, contribuyendo a la contaminación atmosférica a nivel mundial. El desierto del Sahara es el más potente emisor de polvo atmosférico. Toneladas de polvo africano son arrojadas a la atmósfera y alcanzan lugares muy lejanos. Las partículas de polvo del desierto pueden servir como portadores de contaminantes antropogénicos inorgánicos, partículas de origen biológico y microorganismos. La atmósfera es uno de los entornos más extremos y los microorganismos que habitan en la troposfera están expuestos a una mayor radiación ultravioleta, desecación, bajas temperaturas y privación de nutrientes que en otros hábitat. La Península Ibérica, y en concreto las Islas Canarias, por su ubicación estratégica, es una de las regiones que más partículas de polvo sahariano reciben anualmente, incrementándose año tras año. En el presente trabajo se han recogido muestras de polvo de tres eventos de calima de Canarias entre los años 2021 y 2022. Mediante secuenciación de ARNr 16S se han identificado una quincena de microorganismos cultivables. Se han encontrado fundamentalmente miembros de los filos Pseudomonadota, Bacillota, y un miembro del filo Actinomycetota, Paenarthrobacter nitroguajacolicus. Especial interés suscita el aislamiento de especies como *Bacillus safensis* subsp. *safensis* aislada originalmente de una nave espacial en Florida y que posiblemente podría haber sido transportada al planeta Marte en la propia nave (1).

Financiación

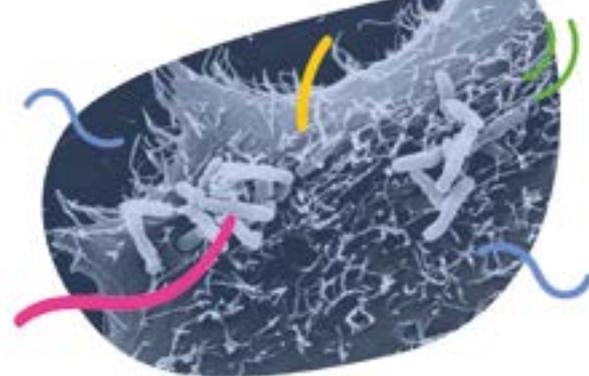
PID2019-106704RB-100/AEI/10.13039/501100011033 y FEDER/Junta de Andalucía-Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades (B-AGR-222-UGR20)

Referencias

1 Satomi M, La Duc MT, Venkateswaran K (2006) *Bacillus safensis* sp. nov., isolated from spacecraft and assembly-facility surfaces. *Int J Syst Evol Microbiol* 56: 1735–1740.

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



#390 COMPARACIÓN DEL PANPROTEOMA EXPERIMENTAL ENTRE DISTINTAS SUBESPECIES DE XYLELLA FASTIDIOSA

Maria Cañellas ¹, Guillem Seguí ¹, Antonio Busquets ², Rosa Maria Gomila ², Catalina Cabot ³, Rafael Bosch ^{1,4}, Margarita Gomila ¹.

¹ (Microbiología (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122, Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

² (Servicios científico-técnicos, Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122, Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

³ (Fisiología vegetal (Dpto. Biología), Universitat de les Illes Balears, Ctra. Valldemossa, km. 7.5, 07122, Palma De Mallorca, Illes Balears, España)

⁴ (Microbiología ambiental, IMEDEA (CSIC-UIB), 07190, Esporles, Illes Balears, España)

Resumen de la comunicación

Xylella fastidiosa es un fitopatógeno que produce enfermedad severa en cultivos vegetales y de interés económico en España con graves consecuencias agrícolas y medioambientales. Es considerado un patógeno de cuarentena en la UE propagándose de forma natural a través de insectos que se alimentan de la savia de plantas infectadas. El diagnóstico de las enfermedades causadas por *X. fastidiosa* tiene importantes limitaciones debido al largo período de incubación, a los síntomas inespecíficos y al gran número de plantas huésped asintomáticas. Alberga un amplio espectro de plantas huésped que según la subespecie afecta a diferentes plantas hospedantes con diferentes grados de patogenicidad. Para conocer la complejidad y como actúa el fitopatógeno es necesario comprender el estado y comportamiento fisiológico, fenotípico y bioquímico de *X. fastidiosa*. Por este motivo, en un estudio previo se inocularon en plantas modelo de tabaco (*Nicotiana tabacum* var. petit havana) diferentes cepas previamente estudiadas de *X. fastidiosa* subsp. *fastidiosa* y *X. fastidiosa* subsp. *multiplex*, aisladas de plantas de las Islas Baleares. A partir del análisis filogenómico del coregenoma de todos los aislados obtenidos en nuestra comunidad autónoma, se seleccionaron tres cepas de cada subespecie distantes entre sí pero que a su vez mostrasen más virulencia, positividad y sintomatología en el experimento de infección realizado, para ejecutar un análisis de su panproteoma. El estudio se realizó a partir del perfil proteico obtenido de las distintas subespecies, considerando diferentes tratamientos y condiciones (tiempo 0 y 48 horas) con fitohormonas: ácido abscísico, ácido jasmónico y ácido salicílico. Los resultados preliminares obtenidos en los análisis sugieren que, a pesar de que la mayor parte de proteínas expresadas por las diferentes cepas son comunes, hay diferencias de expresión proteica entre las dos subespecies.

Financiación

Este trabajo ha sido posible gracias al proyecto PID2020-119449RB-I00 financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación MICIN/AEI, 10.13039/501100011033. Además de un proyecto financiado a través del Impuesto de Turismo Sostenible, ITS2017-095, por la Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació del Govern Balear, llamado "Diseño e implementación de estrategias de control frente a la *Xylella fastidiosa* (Exped. CONTR 4384/2018)"



#407 MITES: UNA NUEVA CONEXIÓN VIRUS-PROCARIOTA

Ana-Belen Martin Cuadrado, Francisco Nadal Molero, Alicia Campos López, Riccardo Roselli, Silvia García Juan, María Oviedo Moya.

¹ (Dpto. Fisiología, Genética y Microbiología. Universidad de Alicante, Alicante, España)

Resumen de la comunicación

La identificación del huésped microbiano de muchos virus ambientales de los cuales únicamente se conoce su secuencia genómica, es uno de los mayores problemas de la Ecología Microbiana y, más allá de las secuencias CRISPR y la posibilidad de aislar el virus, existen pocas metodologías útiles en la asociación "virus-huésped". Los MITES son elementos transponibles de pequeño tamaño que carecen de su propia transposasa, una enzima esencial para el movimiento a través del genoma. Han sido descritos en genomas de todos los dominios, incluyendo virus. Utilizando el programa MITE-tracker, se detectaron más de 1,4 millones de c-MITES (celular-MITES) presentes en un 58.4% de los genomas analizados de Ref-Seq (n=183232). Mediante la agrupación de las secuencias (95% de identidad, 100% longitud), se comprobó que los MITES están muy bien conservados a nivel de género y, sólo en algunos casos, existían MITES compartidos entre genomas de otros taxones. Al analizar las secuencias virales (contigs virales de GenBank y IMG/VR v.42), tan sólo un 0.0052% de las secuencias víricas presentaban v-MITES (viral MITES, n=837). Sin embargo, al comparar mediante BLASTN los c-MITES con la base de datos vírica usada, se determinaron 13015 nuevas secuencias MITE presentes en 2128 virus. La agrupación en clusters de todos los c-MITES y v-MITES detectados dio lugar a 1245 clusters, donde una bacteria o una arquea comparten el mismo MITE que uno o varios virus. De éstos, 29 pertenecían a pares virus-procariota conocidos previamente mediante el sistema CRISPR o por cultivo. El resto, pertenecían a secuencias víricas cuyo hospedador se desconoce, entre los que se encuentran virus adjudicados a Neisseria, Pseudomonas, Leptospira y Bacteroidales. Dada la especificidad taxonómica observada de los MITES, proponemos que la existencia de una secuencia MITE en un virus puede ser útil para la identificación del género o familia taxonómica del huésped que infecta.

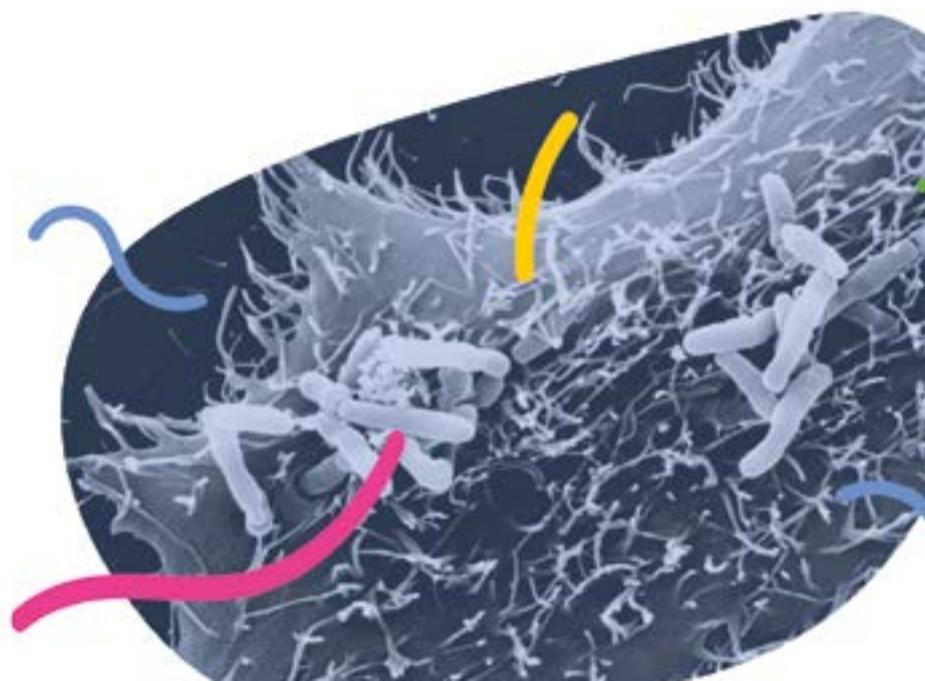
Financiación

Proyecto VIRHOS, PROMETEO 2022. GENERALITAT VALNCIANA (NEW STRATEGIES TO STUDY VIRUS-HOST INTERACTIONS FROM HUMANS TO THE ECOSYSTEM: A "ONE-HEALTH" PERSPECTIVE)



XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

BURGOS 2023





CONFERENCIA DE CLAUSURA

RESISTENCIA Y EVOLUCIÓN

> PREMIO JAIME FERRÁN

Jerónimo Rodríguez-Beltrán.

(Servicio de Microbiología, Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRYCIS), Hospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid; Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas-CIBERINFEC, Instituto de Salud Carlos III, Madrid)

Desde el más árido desierto a las fosas abisales más profundas, los microorganismos pueblan todos los rincones del planeta. Su inmensa capacidad evolutiva ofrece un sinfín de posibilidades para la vida microbiana, pero también plantea un enorme problema para el control de las enfermedades infecciosas. En particular, la transferencia horizontal de genes ha tenido (y tiene) un papel determinante en la evolución microbiana. Gracias a la transferencia horizontal los genes bacterianos rara vez quedan confinados a un único linaje, sino que viajan y se comparten, traspasando fronteras filogenéticas y difuminando los límites del concepto de especie. Por supuesto, los genes de resistencia a antibióticos no son una excepción y su diseminación principalmente mediada por elementos genéticos móviles (como los plásmidos) compromete la eficacia de nuestro arsenal antibiótico.

En esta charla, ofreceré una visión general de mi trayectoria científica estudiando la transferencia horizontal y sus implicaciones para la evolución de resistencia. En particular, me centraré en resultados recientes que han contribuido de un modo determinante a establecer la idea de que los plásmidos no son meros vehículos de transferencia génica, sino que además aumentan drásticamente el potencial evolutivo de sus hospedadores. Estos resultados son fundamentales para comprender las fuerzas que gobiernan la diseminación de plásmidos de resistencia al tiempo que contribuyen a explicar la gran prevalencia de plásmidos en la filogenia bacteriana.



ÍNDICE DE
AUTORES





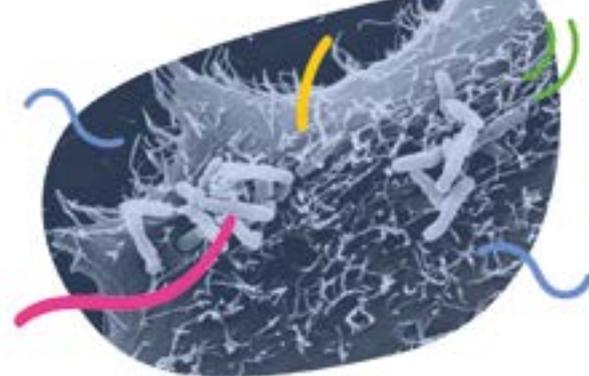
ÍNDICE DE AUTORES

SIMPOSIOS

Albert Bordons, Albert	
Biodesinfección en entornos industriales: Nuevos horizontes de domesticación.	63
Alcázar Fuoli, Laura	
Caracterización de aislados de Candida parapsilosis resistentes a azoles y causantes de brotes hospitalarios de infección fúngica.....	41
Ayuso-Fernández, Iván	
Reconstrucción de oxidorreductasas ancestrales para entender la evolución de enzimas y organismos	38
Baltasar Mayo, Baltasar	
Composición microbiana, sucesión e interacciones en una leche fermentada natural.....	64
Baquero, Fernando	
Desarrollo profesional y desarrollo personal en Microbiología.....	73
Beatriz Escudero-Pérez, Beatriz	
Modelos de ratones quiméricos para estudiar virus zoonóticos emergentes.....	58
Borrego, Carles	
Descuidando el jardín: resistencia a antibióticos y medio ambiente	42
Bosch, Rafael	
Acelerando la degradación de plásticos	49
Camarero, Susana	
La evolución al servicio del diseño de enzimas.....	36
De la Cruz, Fernando	
Aplicación de la taxonomía de plásmidos al análisis de la propagación de Salmonella typhi XDR.....	23
De los Ríos, Asun	
Contribución de los microorganismos a la meteorización de las rocas bajo escenarios de cambio climático	29
Del Campo, Rosa	
Microbiota y Salud Humana.....	31
Domingo-Calap, Pilar	
Phage interactions in therapeutic cocktails: a tale of tails.....	53
Escudero, José A.	
Enfermé dehors - azar y contingencia en la carrera investigadora.....	71
Esteban Cabornero, Oscar J.	
¿Por qué entiendes abracadabra cuando quiero decir eureka?	71
García del Portillo, Francisco	
La pared celular bacteriana y la adaptación a la vida intracelular.....	67
García-Sastre, Adolfo	
El virus de la enfermedad de Newcastle: Una plataforma vacunal contra infecciones viricas emergentes.....	55

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



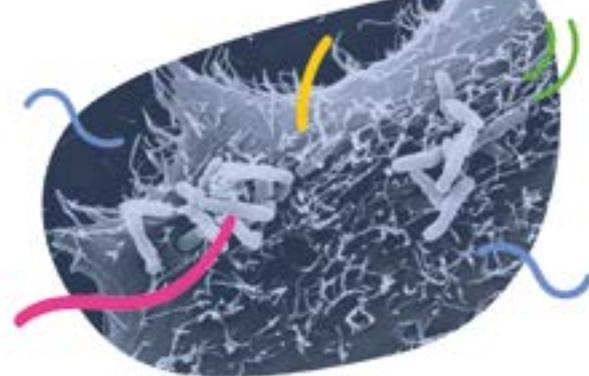
García, Enrique	
Hongos entomopatógenos: más allá del control de plagas.....	43
García, Pilar	
Bacteriófagos, endolisinas y seguridad alimentaria.....	52
Garcillán, María Pilar	
"El resistoma móvil de Salmonella enterica".....	21
Gil, Jessica	
Esto va de Micro. The making of.....	60
Gonzalez Grau, Juan M.	
Los microorganismos termófilos en suelos y el cambio climático.....	28
González Zorn, Bruno	
One Health: Elementos Genéticos Móviles y Más.....	39
Gonzalo-Asensio, Jesús	
La dependencia de la vitamina B12 del hospedador ha modelado la evolución de las bacterias causantes de la tuberculosis.....	26
Gueimonde, Miguel	
Establecimiento de la microbiota intestinal en la infancia: factores que determinan su desarrollo e impacto en la salud.....	34
Gunde-Cimerman, Nina	
Black yeast "Aureobasidium pullulans"- from polyextremotolerance to biocontrol.....	50
Herencias, Cristina	
Identifying plasmid-chromosome interactions to combat antibiotic resistance.....	19
Hernando-Amado, Sara	
Enfoques evolutivos frente a las infecciones bacterianas: sensibilidad colateral estable y transitoria en Pseudomonas aeruginosa".....	20
Jabalera, Ylenia	
Ancestral sequence resurrection for the design of novel CRISPR-associated endonucleases.....	35
Javier Gamo, Francisco	
Malaria: una enfermedad de nuestros días.....	56
Landa, Blanca	
Explorando el microbioma asociado a olivo para la gestión de enfermedades causadas por patógenos vasculares.....	44
Landete, José María	
Bioactivación de los fitoestrógenos por la microbiota intestinal.....	33
López Goñi, Ignacio	
Visible or vanish": o te haces visible o desapareces.....	62
Martín Basanta, Marta	
Comunidades sintéticas para el diseño de inoculantes agrícolas y de protección ambiental.....	16



Martínez Fernández, Beatriz Generando biodiversidad en <i>Lactococcus lactis</i> mediante evolución adaptativa.....	66
Martínez, María Jesús Fungal glycosyl hydrolases for cellulose and hemicellulose valorization.....	47
Martinón, María Microbios y sapiens. ¿vidas paralelas?.....	6
Mercado, Jesús Impacto en el holobionte planta de un agente de biocontrol bacteriano	15
Noé Arroyo, Francisco Adaptación de <i>Lactiplantibacillus pentosus</i> a las fermentaciones de aceitunas de mesa	65
Nogales, Juan Microbial communities-driven distributed catalysis as a new paradigm in Industrial Biotechnology	18
Ortega Casamayor, Emilio Ecología microbiana de la atmósfera y efectos del cambio global en la dispersión de microorganismos	30
Penadés, José Rafael Dual pathogenicity island transfer by piggybacking lateral transduction	54
Pizarro-Cerdá, Javier Asociación entre la evolución de genes del sistema inmune humano y la Peste Negra (1347-1352).....	24
Pla Alonso, Jesús Mecanismos de adaptación al estado comensal de <i>Candida albicans</i> : una cuestión de genética, nutrición y forma física	68
Ponce-Toledo, Rafael I. Complejidad celular de un Asgardarquea y su posible relación con el origen de los eucariotas.....	25
Pozo, María José Retos y oportunidades de la Resistencia Inducida por microrrizas en la protección de cultivos	45
Prenafeta, Francesc X. The dark side of plant-microbe interactions: harnessing the power of dark septate endophytes	48
Quesada Moraga, Enrique Hongos entomopatógenos: más allá del control de plagas.....	43
Quintela Baluja, Marcos La lucha contra la resistencia antimicrobiana: cómo la monitorización y la epidemiología basada en aguas residuales pueden marcar la diferencia	40
Ramón, Daniel ¿Es posible investigar en una empresa privada en nuestro país?.....	72

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Ramos Vivas, José	
Historia de la divulgación científica ¿Cuántos libros conocemos?.....	61
Rivas, Raúl	
Sugerencias, claves y rutinas recomendables para escribir un libro de divulgación sobre microbiología	59
Robledo, Marta	
Conjugación sintética dirigida.....	17
Romero, Diego	
Cómo la matriz extracelular perfila la interacción mutualista Bacillus-planta.....	46
Ruiz Gaitan, Alba	
Fauna, cambio climático y Candida auris.....	57
San Millán, Álvaro	
Differences in vertical and horizontal transmission dynamics shape plasmid distribution in clinical enterobacteria	22
Sanchez de Groot, Natalia	
Microbiota and neurodegenerative diseases: The prion-like connection.....	32
Tormo Más, M ^a Ángeles	
Relevancia de los bacteriófagos e islas de patogenicidad en la práctica clínica.....	51
Valls, Marc	
Insights on the Ralstonia solanacearum life cycle: adaptation to the host and to the environment.....	70
Valverde, Ángel	
"Agroecosistemas sostenibles para las personas y los microorganismos"	27
Yáñez, Alberto	
Participación de los progenitores hematopoyéticos en la inmunidad entrenada frente a las infecciones fúngicas.....	69



COMUNICACIONES ORALES

A.Lages, Marta

201 Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización de las vacunas frente a *Vibrio anguillarum* 478

Abad Lorenzo, José Pascual

148 Acción sinérgica con distintos antibióticos de nanopartículas de plata sintetizadas a partir de una microalga ácido-tolerante. 219

Abad, Raquel

225 Proyecto eu - h2020 - novaterra: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos 423

Abad, Jose P.

236 Comparación de la capacidad de bacterias marinas del género *Alcanivorax* para degradar polietileno 194

245 Bacterias marinas que colonizan plásticos sumergidos: aproximación multifactorial para el aislamiento de potenciales degradadores. 129

267 Acelerando la degradación de plásticos 49

274 Plastic-degrading potential of a collection of marine bacteria..... 196

Aguirre Urrutia, Lecnia

159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war 364

Ahmed A, Ahmed

347 Detección y seroprevalencia de *Leptospira* spp. en colonias felinas de la comunidad de Madrid 393

Alajarin, Francina

258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de *Escherichia coli* mdr 376

Alcalá Jiménez, M. Trinidad

541 TikTok como aliado para motivar la divulgación de la microbiología por estudiantes universitarios 136

Alcalde, Miguel

175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases 266

Alcaraz, Carles

330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro 130

Alcázar Fuoli, Laura

355 Caracterización de cepas de *Candida parapsilosis* resistente a azoles causante de brotes en hospitales de España durante la pandemia COVID-19 394

Aldeguer, Borja

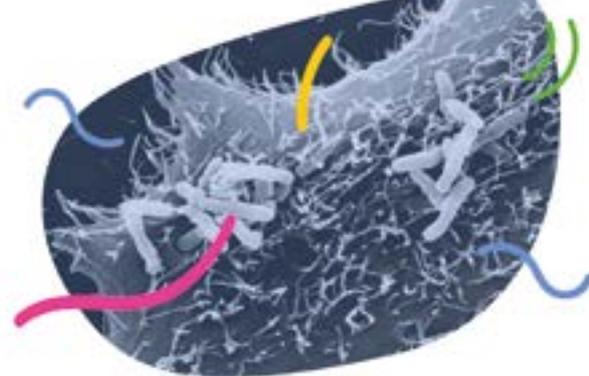
368 Cianobacterias no fotosintéticas en el ciclo del agua: del subsuelo al intestino 183

Alduina, R. Valeria

534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional 333

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Alegría, Angel

- 207 Enterobacter cloacae complex resistentes a colistina en vegetales frescos y su entorno de producción 170

Alejo Armijo, Alfonso

- 11 Estudio de la actividad sinérgica de derivados de salicilaldehído y biocidas para el control de microorganismos patógenos alimentarios. 410
- 12 Actividad antimicrobiana de derivados de salicilaldehído en combinación con conservantes alimentarios frente a microorganismos patógenos en alimentos. 411

Alías Villegas, Cynthia

- 364 Caracterización de la actividad antibacteriana de clones procedentes de metagenotecas de adn ambiental 289
- 430 Detección de nuevos mecanismos de resistencia a antibióticos de uso hospitalario mediante metagen mica funcional 166

Allende, Ana

- 191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua 476
- 250 Caracterización molecular (wgs) de aislados de listeria monocytogenes del ambiente de procesado de una planta de vegetales congelados 171
- 90 Prevalencia de listeria monocytogenes en plantas de procesado de frutas y hortalizas frescas cortadas 212

Almaraz Herce, Arkaitz

- 45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos 413
- 72 Efecto de la temperatura y la radiación visible en la supervivencia de vibrio spp. en condiciones de escasez de nutrientes 467

Almarcha Vela, Raquel

- 155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats 418

Alonso Del Valle, Aida

- 272 Determination of the role of a lysr regulator in bla_{oxa-48} expression in the clinically relevant plasmid poxa-48 277
- 550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido poxa-48 93

Alonso Fernandes, Elena

- 71 Respuesta global de pseudomonas putida kt2440 a la presencia de arsenito 152
- 176 El arsenoma de aromatoleum sp. cib y sus aplicaciones biotecnológicas 126

Alonso Fernández, Sergio

- 51 The sco1897 transcriptional regulator modulates streptomyces coelicolor phosphorous homeostasis and secondary metabolism..... 140



Alonso Hernando, Alicia

- 174 Harinas de arroz y mijo como fuentes de cultivos iniciadores con potencial para mejorar la panificación sin gluten. 419

Alonso Monge, Rebeca

- 113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por sars-cov-2. 341
- 147 La adhesina als9 de *candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón 342
- 259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por candida albicans 377

Alonso Sáez, Laura

- 391 Mecanismos moleculares y celulares de la degradación de carbono polimérico en alteromonas 119
- 394 Physiological and transcriptional response of the marine strain synechococcus sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 120

Alonso, Juan M.

- 314 Resistencia frente a los antibióticos en aislados de escherichia coli procedentes de perros con infección del tracto urinario 389

Alonso Molina Alonso, José Luis

- 193 Caracterización de bacterias potencialmente patógenas en fangos activos con secuenciación de tercera generación 477

Alonso-Fernández, Sergio

- 60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, SCO4439 D-Alanyl-D-Alanine Carboxypeptidase, SCO4440 GOLPH3 And SCO1758 EngA-GTPase Proteins Participate In Wall-Deficient Cells Formation In Streptomyces Coelicolor 141

Alós-Palacios, María

- 288 Antimicrobial activity of (WR)3F, a novel synthetic cationic peptide 384
- 289 Antimicrobial activity of the novel cationic peptide (RW)3F 88

Altarejos Caballero, Joaquín

- 11 Estudio de la actividad sinérgica de derivados de salicilaldehído y biocidas para el control de microorganismos patógenos alimentarios. 410
- 12 Actividad antimicrobiana de derivados de salicilaldehído en combinación con conservantes alimentarios frente a microorganismos patógenos en alimentos. 411

Alvarado González, María

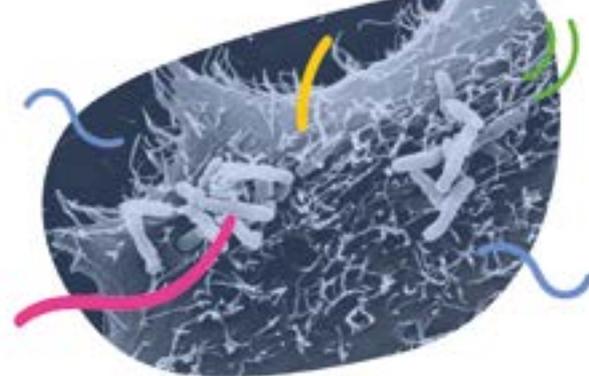
- 92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units 339
- 107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business 340
- 120 Studies and functional characterization of putative iff adhesins in the cell wall of candida auris 97

Alvarado González* (equal Contribution), María

- 105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii. 96

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Alvarez, Laura

46 Generation of an extensive library of mutants of thermus thermophilus and preliminary tn-seq analysis of genes affecting transformation efficiency 244

Álvarez Escribano, Isidro

70 Implicaciones reguladoras de la transcripción antisentido en cianobacterias 247

Álvarez Ferrero, Helena

41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus 352

121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones. 257

154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes 362

178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi 365

Álvarez Franco, María Luz

188 Caracterización de levaduras no-saccharomyces para la elaboración de cerveza artesana 169

Álvarez González, Beatriz

150 New molecular tools of the in vivo mutagenesis system t7-diva for directed evolution of proteins 158

Álvarez Ordoñez, Avelino

191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua 476

179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas. 168

Álvarez Ordóñez, Avelino

354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos viles en alimentos y entornos de producción de alimentos 173

Álvarez Sánchez, María

422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo 122

Álvarez, Belén

352 Aislamiento y caracterización de nuevos bacteriofagos linfáticos para el control biológico de enfermedades causadas por xanthomonas spp. en diversos huéspedes 455

Alvarez-Ordoñez, Avelino

250 Caracterización molecular (wgs) de aislados de listeria monocytogenes del ambiente de procesado de una planta de vegetales congelados 171

Alvarez-Sala, Andrea

80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea 167

Álvaro Llorente, Laura

21 Beta-lactamase expression triggers collateral sensitivity to azithromycin and colistin 149

Álvaro Moya, Marina

113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por sars-cov-2. 341

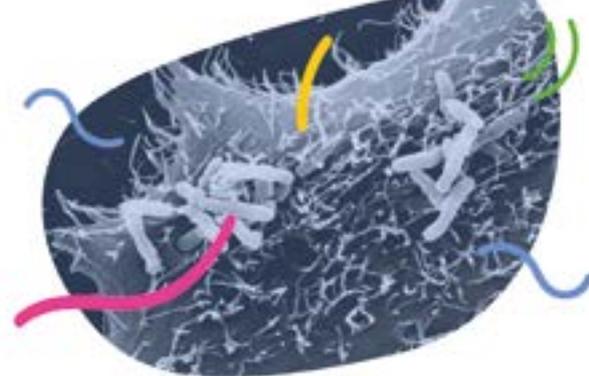
147 La adhesina als9 de *candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón 342



259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por candida albicans	377
Amaro González, Carmen	
116 Diseño de un sensor electroquímico para la detección de vibrio vulnificus.....	470
Amaro Torres, Francisco	
86 Microarns en tetrahymena thermophila: un mecanismo epigenético involucrado en la respuesta estrés frente a metales.	251
124 El transcriptoma de burkholderia cenocepacia revela activación de factores de virulencia y respuestas a estrés en el fagosoma de protistas	155
125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia	258
Amat Humaran, María Beatriz	
285 Micobioma pulmonar y medioambiente	344
Amils Pibernat, Ricardo	
75 Caracterización de la cepa citrobacter sp. t1.2d-1 aislada del subsuelo profundo de la faja pirítica ibérica	249
138 Aplicaciones potenciales de un exopolisacárido producido por bacillus xiamenensis rt6 aislado de un medio ácido	190
112 Oxidación anaerobia de hierro en el subsuelo de la faja pirítica ibérica	254
135 Producción y caracterización de un exopolisacárido por bacillus amyloliquefaciens: aplicaciones biotecnológicas.	188
Amin, Huma	
385 Spray-induced gene silencing (sigs) as an effective strategy to control pine pitch canker caused by fusarium circinatum.....	461
Andreo Andreu, Luis	
364 Caracterización de la actividad antibacteriana de clones procedentes de metagenotecas de adn ambiental	289
Andrés Galván, Elena	
253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa	374
Andújar Tenorio, Natalia	
301 Resistencia a antibióticos en enterococos intestinales aislados de heces de ratones alimentados con diferentes dietas altas en grasa.	427
530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.	329
Ángel Sahagún, César Andrés	
221 Sistemas conjugados nanoparticulas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria	148
Ángeles De Paz, Gabriela	
173 Cribado de hongos aislados en un proceso de compostaje para la degradación de plásticos; &NBSP;	191
Ángeles-De Paz, Gabriela	
338 Aplicación de dos sistemas de compostaje con bioaumento de lodos de depuradora para la remoción de contaminantes emergentes	200

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Anguita, Juan	
283 El organismo, una inesperada autopista bacteriana.	382
Anoz Carbonell, Ernesto	
406 A novel natural sideromycin unveils a new strategy to design siderophore conjugates	164
Antón Fidalgo, Nuria	
174 Harinas de arroz y mijo como fuentes de cultivos iniciadores con potencial para mejorar la panificación sin gluten.	419
Antón Rodríguez, Tania	
311 Búsqueda de nuevos sideróforos de interés industrial producidos por bacterias halófilas moderadas combinando screening in silico e in vivo	233
Antón Rodríguez, Tania	
323 Efecto del medio de cultivo y de la salinidad en la producción de biosurfactantes por bacterias halófilas moderadas	237
Arahal, David R.	
273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanes	509
Arana Basabe, Inés	
45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos	413
72 Efecto de la temperatura y la radiación visible en la supervivencia de vibrio spp. en condiciones de escasez de nutrientes	467
517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología	318
Aranda, Jesus	
111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms	253
Aranda, Elisabet	
173 Cribado de hongos aislados en un proceso de compostaje para la degradación de plásticos &NBSP;	191
338 Aplicación de dos sistemas de compostaje con bioaumentación de lodos de depuradora para la remoción de contaminantes emergentes	200
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	254
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia	321
Aranda, Jesús	
544 El proyecto micromón@uab en catalunya, 5 años de ciencia ciudadana en las aulas de secundaria y bachillerato.	139
Arbonés Fernandez, Laia	
10 Infecciones por achromobacter denitrificans/xylooxidans. ¿ estamos ante un patógeno emergente?	349



Arechaga Iturregui, Ignacio

- 319 Caracterización de la actividad de las atpasas conjugativas en el sistema de secreción tipo iv del plásmido r388 235

Arenas Busto, Jesús

- 401 Análisis genéticos de la resistencia frente a β -lactámicos en aislados invasivos de streptococcus suis 294
- 410 Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes streptococcus suis y neisseria gonorrhoeae 404
- 417 La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis 297

Argandoña Bertrán, Montserrat

- 311 Búsqueda de nuevos sideróforos de interés industrial producidos por bacterias halófilas moderadas combinando screening in silico e in vivo 233
- 323 Efecto del medio de cultivo y de la salinidad en la producción de biosurfactantes por bacterias halófilas moderadas 237
- 299 Sistemas de señalización implicados en la detección de estrés oxidativo y hierro en la bacteria halófila chromohalobacter salexigens 279
- 300 Integración de datos multiómicos para el análisis de la adaptación metabólica de la bacteria extremófila chromohalobacter salexigens 231

Arias Giraldo, Luisa María

- 420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife 92

Ariz, Mikel

- 151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling 83

Armengaud, Jean

- 136 Metabolic focus on plastic degradation; polypropylene assimilation by a rhodococcus and a stenotrophomonas strain. 189

Arques Verdú, Genoveva

- 155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats 418
- 181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral 420

Arqués Orobón Juan Luis

- 252 Supervivencia patógenos alimentarios sobre superficies de acero inoxidable: evaluación de la eficacia de un recubrimiento superficial antibacteriano 424

Arranz San Martín, Alba

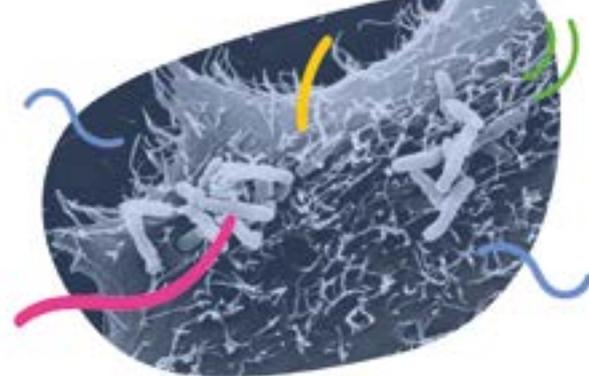
- 311 Búsqueda de nuevos sideróforos de interés industrial producidos por bacterias halófilas moderadas combinando screening in silico e in vivo 233
- 323 Efecto del medio de cultivo y de la salinidad en la producción de biosurfactantes por bacterias halófilas moderadas 237

Arrebola, Eva

- 403 Construcción y caracterización de una comunidad sintética de tres pseudomonas chlororaphis para el estudio de interacciones bacteria-planta-patógeno. 111

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Arrizabalaga Luzuriaga, Uxue

391 Mecanismos moleculares y celulares de la degradación de carbono polimérico en alteromonas 119

394 Physiological and transcriptional response of the marine strain *synechococcus* sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 120

Arrufat, Pablo

242 Análisis de la variabilidad intragenómica de genes ribosómicos para mejorar la diferenciación de especies de vibrio 180

Arsovska, Dushica

68 Synthetic biology for the heterologous expression of giant fungal non-ribosomal peptides 142

Artiñano Rodríguez De Torres, Begoña

78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural 176

Arvelo Rosales, Raimundo J.

104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife 360

Ascaso, Carmen

226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural 192

Asensio, Daniel

305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method 428

Asensio-López, Javier

151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by *haemophilus influenzae* differential fluorescent labelling 83

Avendaño-Ortiz, José

122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas 82

380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a *staphylococcus aureus* resistente a meticilina de punta de cateter 398

Ayllón Santiago, Tania

347 Detección y seroprevalencia de *leptospira* spp. en colonias felinas de la comunidas de madrid 393

415 Infecciones parasitarias en animales en cautividad: prevención y bienestar animal. &NBSP; 406

509 Aprendizaje-servicio universitario para la promoción de la salud en colectivos vulnerables en madrid: colaborando con mujeres del centro diaconía madrid. 310

Ayuso Calles, Miguel

523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología 323

Aza Toca, Pablo

100 Reconstrucción ancestral y evolución dirigida asistida por aprendizaje automático de enzimas 213

Azeredo, Joana

67 Endolysin display activity of recombinant yeast against *listeria monocytogenes* peptidoglycan. ... 355



Azpiazu-Muniozguen, Maia

239 Capacidad productora de biosurfactantes y bacteriocinas por parte de bacterias halófilas y halotolerantes 224

Azua, Iñigo

517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología 318

Baena Rojas, Belén

329 Mycospitalomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas 101

Báez Martín, Miguel

395 Determinación de los niveles de memoria de sistemas sensores: el caso de tetr 163

Bailly, Marion

94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de *limonium algarvense* en suelos salinos. 442

Baisón Olmo, Fernando

156 Estudio de la expresión de genes de salmonella enterica y su efecto en la interacción con plantas. 363

Bajo, María

282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome 278

Bakhat, Nisrine

411 The combined strategies of *podosphaera xanthii* to suppress chitin-triggered immunity in cucurbits plants 112

Balado, Miguel

144 Papel de las proteínas solubles secretadas en la virulencia del patógeno *tenacibaculum maritimum* 472

186 Adaptaciones transcripcionales asociadas a la adquisición de la isla de patogenicidad *irp-hpi*: identificación del regulón *pbtA* en *vibrio anguillarum* 114

201 Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización de las vacunas frente a *vibrio anguillarum* 478

Balbontín, Roberto

199 *Srfj* es un efector de salmonella con actividad glucosilceramidasa que altera el lipídoma y el transcriptoma de las células hospedadoras 270

Baldrian, Petr

129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane 104

Ballesté Pau, Elisenda

170 Estudio del potencial de los microplásticos como portadores de *e. coli* en agua de mar 113

357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero. 117

Ballester, Gracia

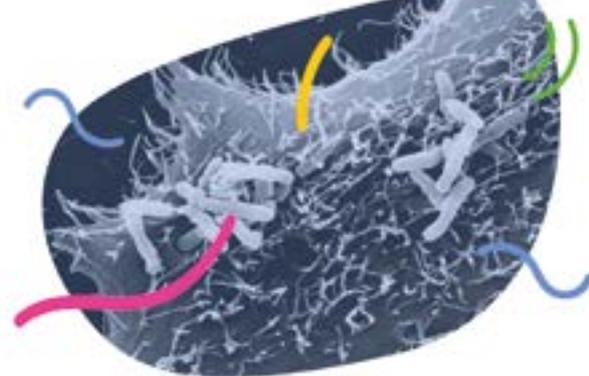
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable 380

Ballester, Luna

122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas 82

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a staphylococcus aureus resistente a metilina de punta de cateter	398
Balmaseda Rubina, Aitor	
96 Fermentación maloláctica de lactiplantibacillus plantarum en mosto tinto: consumo de ácido l-málico y compatibilidad con la fermentación alcohólica	416
Balsalobre Parra, Carlos	
399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae	403
Barbas, Coral	
282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome	278
Barbé Garcia, Jordi	
399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae	403
111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms	253
544 El proyecto micromón@uab en catalunya, 5 años de ciencia ciudadana en las aulas de secundaria y bachillerato.	139
Barbero Úriz, Óscar	
381 Hacia un modelo de levadura para el estudio del inflammasoma. expresión en saccharomyces cerevisiae de receptores de tipo nod humanos	347
Barbero Raquel	
122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas	82
Barcillán García, María Pilar	
307 Transferencia de genes de resistencia a antibióticos mediante plásmidos conjugativos marinos	482
Barrau, Julia	
244 Dos nuevos géneros procedentes de las marismas del odiel	506
Barreiro Méndez, Carlos	
126 Innovación sostenible: diseño de bioingeniería para la degradación eficiente de tereftalato de polietileno mediante enzimas petasas y mhetasas sintéticas	145
20 Aislamiento y caracterización de bacterias solubilizadoras de fosfato como mejora del desarrollo de cultivo de cebada	434
35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos	186
36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos	187
172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminoalérico en pseudomonas putida u.	125
515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo MALDI-Biotyper llevada a la práctica en asignaturas de Grado en Biotecnología	316
Barriga-Cuartero, Javier	
177 Actividad antimicrobiana de cepas bacterianas aisladas de suelos de ecosistemas naturales subterráneos de la comunidad valenciana	499



Barriuso Maicas, Jorge

- 83 Técnicas basadas en la fluorescencia para el análisis de consorcios microbianos complejos 211
- 240 Estereoespecificidad y eficiencia de lipasas, cutinasas y proteasas en la despolimerización del ácido poliláctico 225
- 57 Insight on the cellular signaling mechanisms in yarrowia lipolytica strains 206
- 82 Identificación de las enzimas degradadoras de di-n-butil ftalato en paenarthrobacter sp. shss .. 210
- 91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasasa fúngica. 143
- 101 Análisis transcriptómico de un consorcio mixto hongo-bacteria para la valorización de un residuo lignocelulósico 214
- 131 Comamonas testosteroni como chasis sintético para el reciclado enzimático del pet 146

Barros, Rocío

- 225 Proyecto eu - h2020 - novaterra: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos 423
- 426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos 241

Barrufet Barque, Pilar

- 10 Infecciones por achromobacter denitrificans/xylosoxidans. ¿ estamos ante un patógeno emergente? 349
- 17 Pseudomonas putida productora de carbapenemasa de tipo vim y transmisión nosocomial. 350

Bartolomé Alvarez, Joaquín

- 92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units 339

Batista Garcia, Ramon Alberto

- 345 Surviving in the brine: a multi-omics approach for understanding the physiology of the halophile fungus aspergillus sydowii 102

Bautista Gallego, Joaquín

- 188 Caracterización de levaduras no-saccharomyces para la elaboración de cerveza artesana 169
- 224 Uso de manoproteínas para mejorar la supervivencia de bacterias lácticas en fermentaciones de aceituna de mesa 422

Becerro, Laura

- 309 Identificación y análisis molecular de escherichia coli con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico 387
- 314 Resistencia frente a los antibióticos en aislados de escherichia coli procedentes de perros con infección del tracto urinario 389

Béjar Luque, Victoria

- 197 Los medios ambientes extremos como fuente de microorganismos con actividad promotora de crecimiento vegetal y antimicrobiana 448

Bejarano Muñoz, Lara

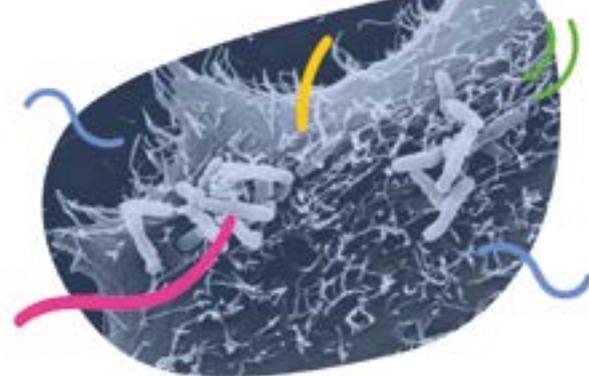
- 240 Estereoespecificidad y eficiencia de lipasas, cutinasas y proteasas en la despolimerización del ácido poliláctico 225

Belda Marco, Ana

- 273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanes 509

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Belda, Ignacio

130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems 156

185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva. 421

Belenguer Ballester, José

181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral 420

Belinchón Esteban, Iván

124 El transcriptoma de burkholderia cenocepacia revela activación de factores de virulencia y respuestas a estrés en el fagosoma de protistas 155

125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia 258

Beltran Maria

122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas 82

380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a staphylococcus aureus resistente a meticilina de punta de cateter 398

Benada, Oldrich

129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane 104

Benaiges Fernandez, Robert

152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes 473

Benaroudj, Nadia

39 Breaking the rules: how would a sod-deficient pathogen adapt to host-related oxidative stress? 79

Benítez Cruz, Guillermo

182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas 99

Benitez-Dominguez, Belen

130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems 156

Benito Sáez, Santiago

33 Técnica de genotipado para lachancea thermotolerans, una herramienta para el control biológico de la acidez en vinos 337

Benmoulahoum, Alejandro

227 Biocontrol de bacterias patógenas mediante quorum quenching 450

Benso, Lucas Antonio

54 Bioprospección de hongos fitopatógenos para el biocontrol de la mala hierba ipomoea hederifolia l. 440

Berbegal, Carmen

105 integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii. 96

Berdejo Martínez, Daniel

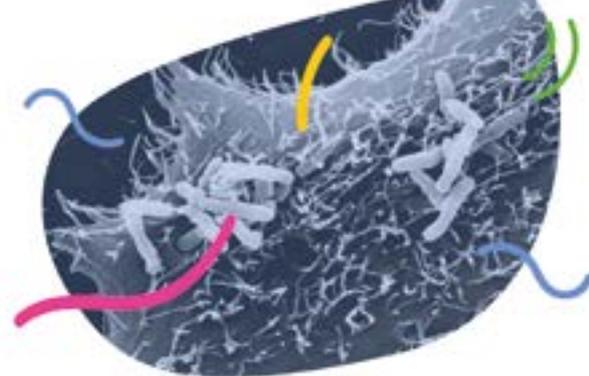
428 Caracterización genotípica de cepas de escherichia coli mg1655 y salmonella typhimurium lt2 resistentes a antibióticos 299



429 Aumento de resistencia al calor en poblaciones de listeria monocytogenes tras ensayos de evolución dirigida	175
Berenguer, Carlos José	
56 Looking for players in t. thermophilus transjugation: role of pilins in thermophilic matings	245
Berenguer, José	
46 Generation of an extensive library of mutants of thermus thermophilus and preliminary tn-seq analysis of genes affecting transformation efficiency	244
110 Relevance of the different homologous recombination repair pathways acting under high temperatures in thermus thermophilus	256
Berlanga, Maria Mercedes	
152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes	473
153 Diversidad y funcionalidad procarióticas de muestras de biofilm-sedimento y columna de agua en la laguna la muerte, monegros, españa	474
Berlanga, Mercé	
508 Experiencia docente orientada a alumnos repetidores de microbiología ii para promover el aprendizaje activo y mejorar su rendimiento académico	309
Bermúdez Luque, Andrés	
541 Tiktok como aliado para motivar la divulgación de la microbiología por estudiantes universitarios	136
Berna, Antonio	
330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro	130
Bernabé Quispe, Patricia	
256 Análisis de elementos genéticos móviles en cepas clínicas de staphylococcus spp procedentes de infecciones asociadas a dispositivos médicos	274
257 Aislamiento y caracterización de bacteriófagos para el tratamiento de infecciones por staphylococcus aureus multirresistentes	275
Bernal Bayard, Joaquín	
109 The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon	154
190 Ubicuitilación por salmonella: manipulando a las células hospedadoras	267
199 Srfj es un efector de salmonella con actividad glucosilceramidasa que altera el lipidoma y el transcriptoma de las células hospedadoras	270
375 Investigando el papel de tagk, una proteína del t6ss de salmonella de función desconocida ;	291
Bernal Guzmán, Patricia	
375 Investigando el papel de tagk, una proteína del t6ss de salmonella de función desconocida ;	391
109 The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon	154
Beuzón, Carmen R.	
156 Estudio de la expresión de genes de salmonella enterica y su efecto en la interacción con plantas.	363

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Bijlsma Lubertus

400 Diseminación de bacterias resistentes a antibióticos en aguas residuales de castellón análisis y preservación de muestras 490

Bikard David

16 Unravelling the molecular drivers of plasmid fitness costs using crispr screenings 242

550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido poxa-48 93

Bilbao, Eli

391 Mecanismos moleculares y celulares de la degradación de carbono polimérico en alteromonas 119

Biosca, Elena G.

513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val) 314

516 Innovación docente en microbiología en la universitat de valència 317

Blanco González, Antonio

173 Cribado de hongos aislados en un proceso de compostaje para la degradación de plásticos 191

Blanco, Paula

59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons 246

74 A Biotechnology tool to detect integron gene cassettes 309

Blasco, Arnau

153 Diversidad y funcionalidad procarióticas de muestras de biofilm-sedimento y columna de agua en la laguna la muerte, monegros, españa 474

Blázquez Muñoz, María Teresa

105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii. 96

107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business 340

120 Studies and functional characterization of putative iff adhesins in the cell wall of candida auris 97

Blázquez, Beatriz

377 Heterogeneidad de los taxones bacterianos durante el proceso de curación del jamón ibérico en distintas localizaciones de castilla y león 174

Blesa Esteban, Alba

56 Looking for players in t. thermophilus transjugation: role of pilins in thermophilic matings 245

147 La adhesina als9 de *candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón 342

Bobo-Pinilla, Javier

425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo 466

Bocigas Martín, Carolina

322 Actividad antimicrobiana de extractos de hojas de guaviduca (piper carpunya) 430

Bocos Asenjo, Irene Teresa

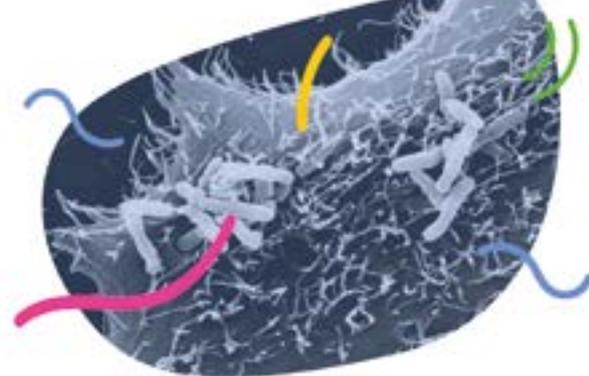
385 Spray-induced gene silencing (sigs) as an effective strategy to control pine pitch canker caused by fusarium circinatum 461



Boj, Juan Ramón	
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	380
Bono Tapp, Cristina	
76 Candida albicans pca2 vaccination induces a trained protective response in myeloid cells.	356
Bono Tapp, Cristina	
77 Direct tlr2 signaling through mtor and tbk1 induces c/ebp β and irf7-dependent macrophage differentiation in hematopoietic stem and progenitor cells	357
Bordons De Porrata-Doria, Albert	
96 Fermentación maloláctica de lactiplantibacillus plantarum en mosto tinto: consumo de ácido l-málico y compatibilidad con la fermentación alcohólica	416
Borge García, Rafael	
78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural	176
Borrallo, Laura	
318 Resistencia a antibióticos de microorganismos aislados de muestras de un glaciar antártico ...	483
Borrego, Juan José	
277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus	480
Bosch Díaz, Camila	
417 La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis	297
Bosch, Rafael	
128 Mechanistic understanding of recalcitrant plastic biodegradation	123
136 Metabolic focus on plastic degradation; polypropylene assimilation by a rhodococcus and a stenotrophomonas strain.	189
235 An optimised method for screening polyester-degrading microorganisms	193
236 Comparación de la capacidad de bacterias marinas del género alcanivorax para degradar polietileno	194
245 Bacterias marinas que colonizan plásticos sumergidos: aproximación multifactorial para el aislamiento de potenciales degradadores.	129
267 Acelerando la degradación de plásticos.....	49
274 Plastic-degrading potential of a collection of marine bacteria	196
390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de xylella fastidiosa	513
Botelho, João	
109 The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon	154
Bou, Germán	
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	366
Bravo Vázquez, Daniel	
514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos	315
Brenes Álvarez, Manuel	
70 Implicaciones reguladoras de la transcripción antisentido en cianobacterias	247

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Brotons, Ana	
316 Efecto inmunomodulador de akkermansia muciniphila y su potencial aplicación como probiótico	234
Buendía ,Andrés Aránzazu	
64 The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
Bueso Bordils, Jose-Ignacio	
325 Si las bacterias evolucionan, nosotros también. swiceu: innovación y gamificación en la educación y difusión sobre las resistencias antimicrobianas.	132
Buetas, Elena	
52 Del cultivo puro a las comunidades microbianas complejas: el caso de la periodontitis y el cáncer colorrectal	354
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	366
Bug, Dmitrii S.	
183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium	159
Bullones Bolaños, Andrea	
190 Ubicuitilación por salmonella: manipulando a las células hospedadoras	267
Bunin, Evgeni	
242 Análisis de la variabilidad intragenómica de genes ribosómicos para mejorar la diferenciación de especies de vibrio	180
Burgos, Emma	
533 Micromundo@uclm: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
Burgui, Saioa	
151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling	83
Busquets, Antonio	
216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por xylella fastidiosa	503
232 Diversidad de pseudomonas endófitas mediante técnicas dependientes de cultivo en almendros infectados con xylella fastidiosa	504
234 Estudio del numero de polimorfismos de nucleotido unico (snps) en aislados de x. fastidiosa de las islas baleares	505
390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de xylella fastidiosa	513
Butturini, Andrea	
152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes	473
Caballero Méndez, Eva	
40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados	243
Cabañas Romero, L. Verónica	
412 Evaluación de monooxigenasas líticas de polisacáridos (lpmos) para la funcionzalización de la celulosa	240



Cabeo Garrido, Mónica

249 *Bacillus toyonensis* aa1ec1, una cepa halotolerante con uso potencial en agricultura como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol 106

Cabezón Navarro, Elena

319 Caracterización de la actividad de las atpasas conjugativas en el sistema de secreción tipo iv del plásmido r388 235

Cabot, Catalina

390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de *Xylella fastidiosa* 513

Cabral, Vitor

315 *Lactobacillus cooperi* con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes. 390

Cahua Romero, Araceli Milagros

298 Actividad antibacteriana de saponinas aisladas de los tejidos de *Patallus mollis* selenka, 1868 (Cucumariidae) "pepino de mar" estudio preliminar 481

353 Efecto antagónico de *Trichoderma* sp. aislado de rizosfera de pitahaya frente a *Alternaria* sp., *Sclerotinia* sp. y *Botrytis* sp. 456

Calderón-Sánchez, María

299 Sistemas de señalización implicados en la detección de estrés oxidativo y hierro en la bacteria halófila *Chromohalobacter salexigens* 279

Calero, Raúl

533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado 332

Calheiros De Carvalho, Ana

68 Synthetic biology for the heterologous expression of giant fungal non-ribosomal peptides 142

Calvet Seral, Juan

247 Genetic traps to sabotage bacterial virulence in mycobacterium 162

Calvete del Olmo, Pablo

514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos 315

Calviño, Eva

91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica. 143

Calvo Adiego, Luis

181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral 420

Calvo Peña, Carla

20 Aislamiento y caracterización de bacterias solubilizadoras de fosfato como mejora del desarrollo de cultivo de cebada 434

Calvo, Concepción

173 Cribado de hongos aislados en un proceso de compostaje para la degradación de plásticos &NBSP; 191

Calvo, Alba

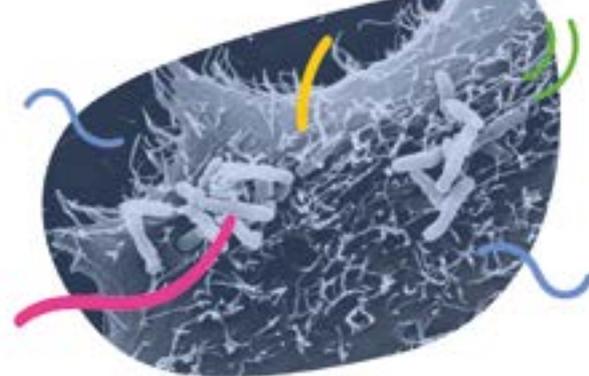
316 Efecto inmunomodulador de *Akkermansia muciniphila* y su potencial aplicación como probiótico 234

Calvo, Concepción

338 Aplicación de dos sistemas de compostaje con bioaumentación de lodos de depuradora para la remoción de contaminantes emergentes 200

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Calvo, Concepción

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia 321

Camacho Fernández, Eva María

364 Caracterización de la actividad antibacteriana de clones procedentes de metagenotecas de adn ambiental 289

Camacho Sánchez, Miguel

202 Uso de metabarcoding para comparación de técnicas de desinfección de suelo 502

Camacho, Eva María

430 Detección de nuevos mecanismos de resistencia a antibióticos de uso hospitalario mediante metagenómica funcional 166

Camarero Fernández, Susana

100 Reconstrucción ancestral y evolución dirigida asistida por aprendizaje automático de enzimas 213

269 Desarrollo de herramientas para el reciclaje de la biomasa lignocelulósica en levaduras 227

Campa Fernández, Victor Manuel

395 Determinación de los niveles de memoria de sistemas sensores: el caso de tetr 163

342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria synechococcus elongatus pcc7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa 282

358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de synechococcus elongatus pcc7942 287

Campos López, Alicia

407 Mites: una nueva conexión virus-procariota 514

Campos Vázquez, Cristina

146 Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa 218

Campoy Sánchez, Susana

111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms 253

399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae 403

544 El proyecto micromón@uab en catalunya, 5 años de ciencia ciudadana en las aulas de secundaria y bachillerato. 139

Can Ubando, Lorna

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

Cancino Muñoz, Irving

260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de candida auris en la comunidad valenciana 276

Canlet, Cecile

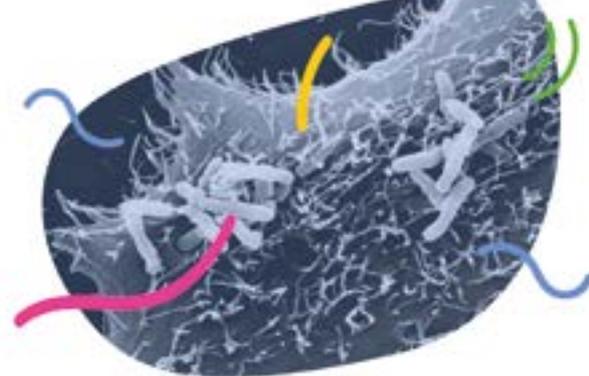
315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes. 390



Cano Prieto, Carolina	
68 Synthetic biology for the heterologous expression of giant fungal non-ribosomal peptides	142
Cano Sánchez, Irene	
176 El arsenoma de <i>Aromatoleum</i> sp. cib y sus aplicaciones biotecnológicas	126
Cano, Ibai	
216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por <i>Xylella fastidiosa</i>	503
232 Diversidad de <i>Pseudomonas</i> endófitas mediante técnicas dependientes de cultivo en almendros infectados con <i>Xylella fastidiosa</i>	504
Canosa Perez-Fragero, Inés	
326 Deciphering the mechanisms of naproxen biodegradation by microbial consortia	198
Cantón, Rafael	
550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido <i>poxa-48</i>	93
Cañada, Francisco Javier	
91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiosido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica.	143
Cañellas, María	
390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de <i>Xylella fastidiosa</i>	513
Caperta, Ana Delaunay	
94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de <i>Limonium algarvense</i> en suelos salinos.	442
Caradec, Thibault	
406 A Novel natural sideromycin unveils a new strategy to design siderophore conjugates	164
Carballo, Julia	
327 Microbiota asociada a las balsas de tratamiento de carrocerías de automóviles	199
370 Ciencia en el cole: viendo lo invisible	303
Carbó, Ester	
516 Innovación docente en microbiología en la universitat de valència	317
Carda Diéguez, Miguel	
52 Del cultivo puro a las comunidades microbianas complejas: el caso de la periodontitis y el cáncer colorrectal	354
Carda-Dieguez, Miguel	
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	366
Carlino, Niccolò	
179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
Carmona Pérez, Manuel	
71 Respuesta global de <i>Pseudomonas putida</i> K2440 a la presencia de arsenito	152
176 El arsenoma de <i>Aromatoleum</i> sp. cib y sus aplicaciones biotecnológicas	126

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



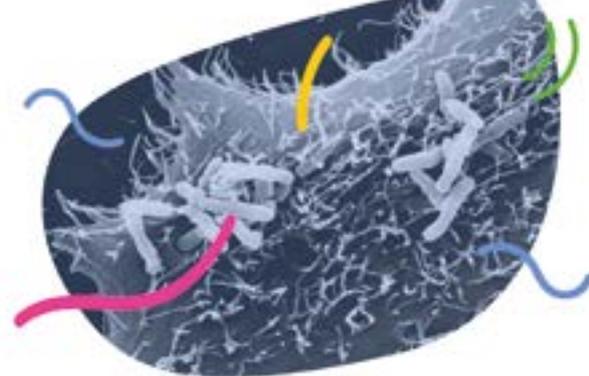
196 Pseudomonas putida kt2440 como plataforma para la bioextracción y bioproducción de nanopartículas de lantánidos	147
<i>Carmona Valenzuela, Laura</i>	
422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo	122
<i>Carnicero Mayo, Yaiza</i>	
42 Study of microbiota derived from gluten metabolism in the human gut: a community-based global approach	491
<i>Carracedo Pérez, María</i>	
210 Bacillus pumilus: bioindicador para la esterilización mediante CO ₂ supercrítico	222
<i>Carral Saez-Royuela, Juan</i>	
100 Reconstrucción ancestral y evolución dirigida asistida por aprendizaje automático de enzimas	213
<i>Carrera, Jesus</i>	
357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero.	117
<i>Carrillo Huerta, Yolanda Daniela</i>	
221 Sistemas conjugados nanoparticulas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria	148
<i>Carrilo, Encarnación</i>	
512 Lifehub: fostering collaborations and scientific literacy in microbiology education and outreach	313
<i>Carrion Bravo, Victor J.</i>	
419 Learning from nature: halophyte microbiomes to cope with salt stress in plants	463
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife	92
<i>Carro, Lorena</i>	
217 Diversidad microbiana de desierto: un potencial a explorar	179
349 Explorando el género lentzea como potencial probiótico de plantas: mecanismos de resiliencia y producción de metabolitos con acción antimicrobiana. &NBSP;	108
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bioacúaticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
524 Creación de contenido interactivo para facilitar el aprendizaje de conceptos y técnicas complejas	324
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	327
540 Presentaciones interactivas y minivídeos en redes sociales para motivar	407
<i>Carro, Juan</i>	
303 Oxidoreductase-dependent approaches to produce the renewable plastic precursor furandicarboxylic acid	232
<i>Carruana, Gloria</i>	
219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes.	86
<i>Carvajal-Holguera, Rocío</i>	
140 La encapsulación de células individuales revela heterogenidad asociada a la resistencia a fluoroquinolonas en salmonella enterica	157



Carvalho, André	
168 Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de vibrio cholerae	265
Casado Martín, Lorena	
271 Evolución anual (octubre 2020-2021) de sars-cov-2 y norovirus en aguas residuales en el municipio de valladolid	115
310 Desarrollo de nuevo método más ecológico de aislamiento, purificación y concentración de virus en alimentos	172
373 " Análisis microbiológico de aguas residuales urbanas en burgos: caracterización y resistencia de bacterias patógenas causantes de enfermedades infecciosas y alimentarias	486
374 Evaluación de la sensibilidad de medios cromogénicos selectivos diferenciales para la identificación de bacterias patógenas en aguas	487
Casares Porcel, Manuel	
182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas	99
Casares, Fernando	
512 LifeHUB: Fostering collaborations and scientific literacy in microbiology education and outreach.....	313
Casqueiro Blanco, Francisco Javier	
42 Study of microbiota derived from gluten metabolism in the human gut: a community-based global approach	491
Castanheira, Sonia	
551 Morfogénesis de salmonella y su respuesta al ambiente intrafagosomal	94
Castañera Estrada, Pablo	
41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus	352
121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones.	257
154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes	362
178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi	365
Castilla, Robert	
305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method	482
Castillejo Castillo, Adela	
281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses	510
282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome	278
Castillo Rodríguez, Inés	
320 Producción de celulosa por starkeya sp.: caracterización del polímero y análisis de mutantes sobreproductores	282
Castro Figueroa, Jean Franco	
353 Efecto antagonico de trichoderma sp. aislado de rizosfera de pitahaya frente a alternaria sp. , sclerotinia sp. y botrytis sp.	456

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



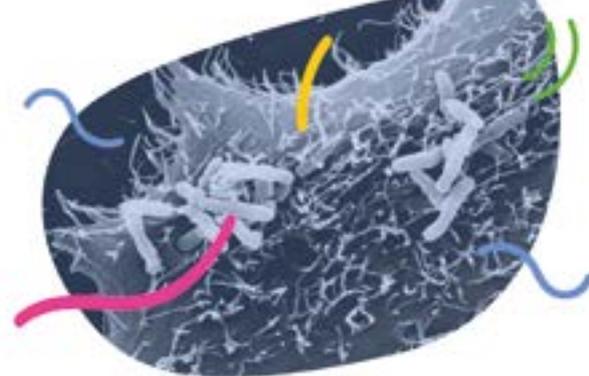
Castro, Laura	
196 <i>Pseudomonas putida</i> kt2440 como plataforma para la bioextracción y bioproducción de nanopartículas de lantánidos	196
Castro, Jean Franco	
217 Diversidad microbiana de desierto: un potencial a explorar	179
Castro, Dolores	
277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus	480
Castro-Cegrí, Alejandro	
266 La sinergia de bacterias halotolerantes junto al exopolisacárido maurano mitiga el estrés salino en plantas mediante la acumulación de osmoprotectores	453
Catalán Moreno, Arancha	
208 Un nueva mini-proteína induce la formación de agregados proteicos que insolubilizan las lipasas extracelulares de <i>staphylococcus aureus</i>	272
Cava, Felipe	
46 Generation of an extensive library of mutants of <i>thermus thermophilus</i> and preliminary tn-seq analysis of genes affecting transformation efficiency	244
Cayuela, Luis	
185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva.	421
Cazorla López, Francisco M.	
405 Bases moleculares de la colonización de la raíz de aguacate utilizando la cepa modelo de biocontrol <i>pseudomonas chlororaphis</i> pcl1606 &NBSP;	462
Cazorla Francisco M.	
403 Construcción y caracterización de una comunidad sintética de tres <i>pseudomonas chlororaphis</i> para el estudio de interacciones bacteria-planta-patógeno.	111
Cazorla Francisco	
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife	92
Cerk, Klara	
200 Dinámica de la microbiota intestinal influenciada por taxones tolerantes al bisfenol a en la obesidad infantil mediante culturómica y amplicon-sequencing	501
Cerna-Vargas, Jean Paul	
398 La percepción de nitrato en bacterias fitopatogénas favorece la colonización e infección de las plantas 110	
Cervera Alamar, Mercedes	
256 Análisis de elementos genéticos móviles en cepas clínicas de <i>staphylococcus</i> spp procedentes de infecciones asociadas a dispositivos médicos	274
Chamizo Ampudia, Alejandro	
35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos	186
36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos 187	
126 Innovación sostenible: diseño de bioingeniería para la degradación eficiente de tereftalato de polietileno mediante enzimas petasas y mhetasas sintéticas	145
172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminovalérico en <i>pseudomonas putida</i> u.	125



515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo MALDI-Biotyper llevada a la práctica en asignaturas de Grado en Biotecnología	316
Chapon, Virginie	
133 Characterization of soil and rhizosphere microbial diversity of a wetland impacted by a former uranium mine in france	496
Chávez, Luis Fernando	
382 Sugarcane rhizosphere bacteria: from bioprospecting, characterization of functional profiles and structure of the bacterial community in different crop management	460
Chhajer, Harsh	
366 Modeling Cellular Lifecycle Of +RNA Viruses Suggests Strategies For Inhibiting Productive Cellular Infection	396
Chinchetru, Marcos	
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (fago@val)	314
Chiner Vives, Eusebi	
212 Visualización y detección de las partículas de SARS-CoV-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19	368
285 Microbioma pulmonar y medioambiente	344
Chiva Tomás, Rosana	
321 Microbiota innovadora para elaborar panes saludables con harinas de garbanzo	463
Chova, Marcos	
254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de blanes	507
Christie-Oleza, Joseph A.	
128 Mechanistic understanding of recalcitrant plastic biodegradation	123
136 Metabolic focus on plastic degradation; polypropylene assimilation by a rhodococcus and a stenotrophomonas strain.	189
235 An optimised method for screening polyester-degrading microorganisms	193
236 Comparación de la capacidad de bacterias marinas del género alcanivorax para degradar polietileno	194
245 Bacterias marinas que colonizan plásticos sumergidos: aproximación multifactorial para el aislamiento de potenciales degradadores.	129
267 Acelerando la degradación de plásticos.....	49
274 Plastic-degrading potential of a collection of marine bacteria	196
Cid Blanco, Ángeles	
362 La presencia de acil-homoserina lactonas reduce la citotoxicidad ejercida por dos antimicrobianos sobre una microalga	118
522 Metodología abp aplicada a una materia optativa de microbiología	322
Cisneros Pérez, María	
312 Estudio de la microbiota nasofaríngea asociada a salud y a enfermedad en procesos respiratorios vinculados a infección por streptococcus pneumoniae	388
Civantos, Cristina	
109 The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon	154

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Claessen, Dennis	
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife	92
Climent Soler, Óscar	
157 Estudio ex vivo del efecto de diferentes colutorios sobre el biofilm oral	261
Cobo Díaz, José Francisco	
38 Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo	439
179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
Cobo Molinos, Antonio	
11 Estudio de la actividad sinérgica de derivados de salicilaldehído y biocidas para el control de microorganismos patógenos alimentarios.	410
12 Actividad antimicrobiana de derivados de salicilaldehído en combinación con conservantes alimentarios frente a microorganismos patógenos en alimentos.	411
301 Resistencia a antibióticos en enterococos intestinales aislados de heces de ratones alimentados con diferentes dietas altas en grasa.	427
530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.	329
Cobos Román, Rebeca	
20 Aislamiento y caracterización de bacterias solubilizadoras de fosfato como mejora del desarrollo de cultivo de cebada	434
Collado, Sara	
426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos	241
Colman-Vega, Pamela Jael	
245 Bacterias marinas que colonizan plásticos sumergidos: aproximación multifactorial para el aislamiento de potenciales degradadores.	129
Colman-Vega, Pamela J.	
267 Acelerando la degradación de plásticos	49
Colom Valiente, María Francisca	
12 Visualización y detección de las partículas de SARS-CoV-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19	411
285 Microbioma pulmonar y medioambiente	322
416 Análisis de la asignatura de microbiología en los grados de medicina en España	
Comas, Iñaki	
317 Factores epigenéticos implicados en la resistencia a antimicrobianos en el gonococo	391
Concha, Ángel	
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	322
Conde-Pérez, Kelly	
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	85



Conejo Martínez, Amparo María

148 Acción sinérgica con distintos antibióticos de nanopartículas de plata sintetizadas a partir de una microalga ácido-tolerante. 219

Conill Bonet, Pau

399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae..... 403

544 El proyecto micromón@uab en catalunya, 5 años de ciencia ciudadana en las aulas de secundaria y bachillerato. 139

Consuegra Rivera, Roger

146 Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa **218**

165 Estudio proteómico preliminar de una cepa de saccharomyces cerevisiae durante la producción de vino de maracuyá amarilla 322

Contreras Moll, Alberto

235 An optimised method for screening polyester-degrading microorganisms 193

Contreras-Moll, Alberto

267 Acelerando la degradación de plásticos 49

Copa Patiño, José Luis

379 Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de candida albicans. 346

384 Evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana de la combinación ácido 4-fenilbutírico y un compuesto dendrítico frente a staphylococcus aureus 399

Coppin, Frédéric

133 Characterization of soil and rhizosphere microbial diversity of a wetland impacted by a former uranium mine in France 496

Cordero García, Rebeca

191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua 476

Corell-Escuin, Paula

18 La dermicidina humana (dcd), un péptido inmunitario contra la gripe 78

Corella, Dolores

80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea 167

Coronel, Pilar

263 Efecto sinérgico de acetilcisteína y cefditoren en biofilms de streptococcus pneumoniae multirresistente 378

Corte Rodríguez, Mario

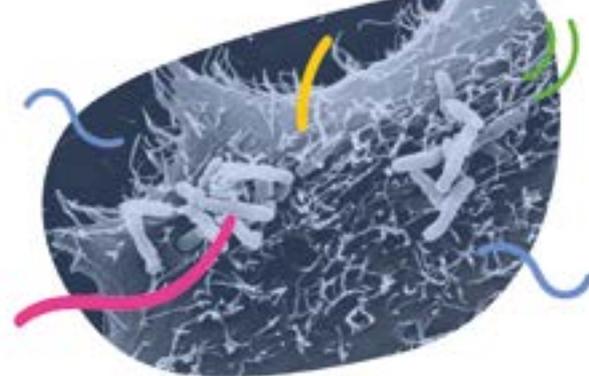
51 The sco1897 transcriptional regulator modulates streptomyces coelicolor phosphorous homeostasis and secondary metabolism 140

Cortés Garmendia, Pilar

111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms 253

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Cortés Prieto, Isabel

113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por SARS-CoV-2. 341

Cortés Prieto, Isabel

147 La adhesina als9 de *candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón 342

259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por candida albicans 377

Cortinhas, Ana

94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de limonium algarvense en suelos salinos. 442

Costa Lacuesta, Marina

256 Análisis de elementos genéticos móviles en cepas clínicas de staphylococcus spp procedentes de infecciones asociadas a dispositivos médicos 274

Costas Romero, Coloma

103 Using CRISPR1 to have an integrative understanding of plasmid-mediated antibiotic resistance 153

550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido POXA-48 93

Crespo Mira, Javier

212 Visualización y detección de las partículas de SARS-CoV-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19 368

Crespo Quevedo, Álvaro

514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos 315

Crespo Roche, Diego

83 Técnicas basadas en la fluorescencia para el análisis de consorcios microbianos complejos 211

101 Análisis transcriptómico de un consorcio mixto hongo-bacteria para la valorización de un residuo lignocelulósico 214

150 New molecular tools of the in vivo mutagenesis system T7-DIVA for directed evolution of proteins 158

Crespo Yuste, Estefanía

247 Genetic traps to sabotage bacterial virulence in mycobacterium 162

Cruz Moral, Melba

208 Un nueva mini-proteína induce la formación de agregados proteicos que insolubilizan las lipasas extracelulares de staphylococcus aureus 272

Cruz Morales, Pablo

68 Synthetic biology for the heterologous expression of giant fungal non-ribosomal peptides 142

Cuartero Teruel, Ana

17 Pseudomonas putida productora de carbapenemasa de tipo VIM y transmisión nosocomial. 350

Cubero, Jaime

261 Caracterización de un elemento transponible en el genoma de xanthomonas arboricola pv. pruni 107

Cuesta Gil, Inés

337 Estudio del efecto antimicrobiano del hollejo de uva blanca adicionado en hamburguesas de pollo inoculadas con campylobacter jejuni. 431



Cuesta-Morrondo, Sara

261 Caracterización de un elemento transponible en el genoma de xanthomonas arboricola pv. pruni 107

Cuétara-García, María S.

329 Mycospitolomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas 101

Cui, Lun

550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido POXA-48 93

Cuiñas, Mary

209 Botrytis cinerea bioactive peptides and its role during infective process 160

Culebras López, Esther

371 L-Captopril como inhibidor de metalo-beta-lactamasas: estrategia de restauracion de la actividad de carbapenemicos y de reposicionamiento de farmacos 397

Cuniberti, Gianaurelio

116 Diseño de un sensor electroquímico para la detección de vibrio vulnificus 470

Curiel Gámiz, José Antonio

13 Bioactivación de los fitoestrógenos por la microbiota intestinal 412

D' Auria, Guiseppe

18 La dermicidina humana (DCD), un péptido inmunitario contra la gripe 78

Dasgupta, Nandita

426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos 241

Dávila Ramos, Sonia

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

de Aymerich Vadillo, Bárbara

503 Proyecto científico "up: microbios al vuelo" ii: estudio y caracterización de physarum polycephalum antes y después de su viaje estratosférico 307

De Benito Armas, Amparo

155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats 418

181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral 420

De Celis, Miguel

130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems 156

185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva. 421

De Dios, Rubén

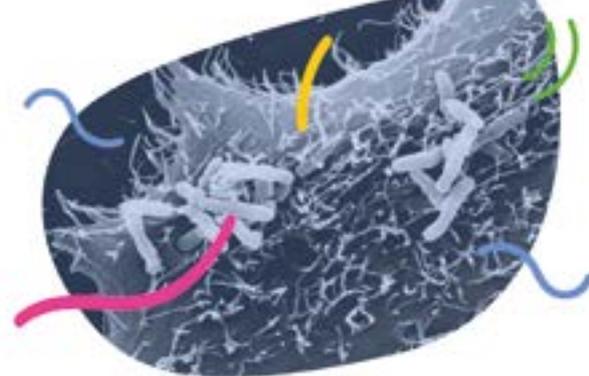
166 The artificial sweetener acesulfame-k inhibits growth of multidrug resistant acinetobacter baumannii and potentiates carbapenem activity 84

De Eugenio Martinez, Laura I

90 α -L-Arabinofuranosidasas fúngicas para mejorar la producción de xilooligosacáridos y monosacáridos a partir de arabinoxilano 212

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



83 Técnicas basadas en la fluorescencia para el análisis de consorcios microbianos complejos	211
89 Pichia Pastoris: Un Sistema Para Expresar La DyP De Irpex Lacteus	338
240 Estereoespecificidad y eficiencia de lipasas, cutinasas y proteasas en la despolimerización del ácido poliláctico	225
91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasasas fúngica.	143
131 Comamonas testosteroni como chasis sintético para el reciclado enzimático del PET	322
De Filippis, Francesca	
179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
De Francisco De Polanco, Sofía	
293 Diseño racional de biocatalizadores bacterianos para la eliminación y valorización de plastificantes	230
De Francisco Martínez, Patricia	
124 El transcriptoma de burkholderia cenocepacia revela activación de factores de virulencia y respuestas a estrés en el fagosoma de protistas	155
125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia	258
De Groot, Piet W.J.	
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units	339
105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii.	96
107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business	340
120 Studies and functional characterization of putative iff adhesins in the cell wall of candida auris	97
De Herralde, Felicidad	
225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos	423
De Jesús García, Meritxell	
161 Mobile integrons contain phage defence cassettes.	262
De La Cruz Calahorra, Fernando	
119 Identification and characterization of conjugative plasmid-dependent bacteriophages	256
222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal	449
De La Cruz Moreno, Mercedes	
284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales	229
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum	373



De La Cruz, Fernando

307 Transferencia de genes de resistencia a antibióticos mediante plásmidos conjugativos marinos	482
328 Explorando la diversidad de sistemas de secreción tipo vi en plásmidos: generación de un catálogo genómico	283
332 Si Síno y si no sí uso de la movilidad plasmídica para implementar la negación lógica en biología sintética	284
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria synechococcus elongatus PCC7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de synechococcus elongatus pcc7942	287
393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293
427 Especificidades del plasmidoma de la familia Erwiniaceae	298

De La Fuente Hidalgo, Javier

29 Genomic validation of a CRISPR-CAS9 system for the selective curing of antibiotic resistance plasmids	351
550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido POXA-48.....	93

De La Fuente-Vivas Vivas, Dalia

426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos.....	241
---	-----

De La Haba, Rafael R.

142 Diversidad procariota (in)dependiente de cultivo en suelos hipersalinos de las marismas del odiel	178
180 Una nueva arquea halófila extrema del género haloarcula aislada de suelos hipersalinos	500
500 ¿Quién vive en mi yogur? echemos un microvistazo	304
502 Acercando la microbiología a los más pequeños	306
532 Micromundo@sevilla2023	331

De La Torre Ruiz, Maria Angeles

324 Aft1 Nuclear localization and transcriptional response to iron starvation rely upon torc2/ypk1 signaling and sphingolipid biosynthesis	100
--	-----

De La Torre Zúniga, Jesús

48 Enzimas extremófilas para el sector agroindustrial	204
---	-----

De Llanos Frutos, Rosa

400 Diseminación de bacterias resistentes a antibióticos en aguas residuales de castellón análisis y preservación de muestras	490
---	-----

De Los Reyes Ramos, Cristina

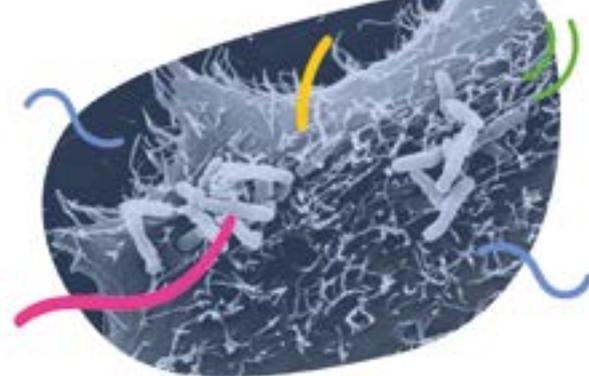
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
--	-----

De Los Ríos, Asunción

226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural	192
--	-----

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



318 Resistencia a antibióticos de microorganismos aislados de muestras de un glaciar antártico ...	483
De Los Santos, Berta	
202 Uso de metabarcoding para comparación de técnicas de desinfestación de suelo	502
de Lucas, José Ramón	
537 ¿Hacer un pódcast para aprender microbiología?	334
De Maat, Vincent	
219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes.	86
De Mateo, Andrea	
209 Botrytis cinerea bioactive peptides and its role during infective process	160
De Miguel, Sara	
218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva	371
351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la covid19 en españa	90
De Pablos, Irene	
344 Microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano en canarias	512
de Paz, Gabriela Ángeles	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia	321
De Proença Pieroni, Lisandro	
54 Bioprospección de hongos fitopatógenos para el biocontrol de la mala hierba ipomoea hederifolia l.	440
De Quinto Cáceres, Ignacio	
16 Unravelling the molecular drivers of plasmid fitness costs using CRISPRi screenings	242
De Salas De La Cuadra, Felipe	
89 Pichia pastoris: un sistema para expresar la dyp de irpex lacteus	338
De Toro Hernando, María	
222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal	449
De Urioste Rodríguez, Jaime	
415 Infecciones parasitarias en animales en cautividad: prevención y bienestar animal.	406
De Vicente Moreno, Antonio	
405 Bases moleculares de la colonización de la raíz de aguacate utilizando la cepa modelo de biocontrol pseudomonas chlororaphis PCL1606	462
403 Construcción y caracterización de una comunidad sintética de tres pseudomonas chlororaphis para el estudio de interacciones bacteria-planta-patógeno.	111
De Waal, Bas F.M.	
145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a streptococcus pneumoniae	260
Deb, Saptarathi	
164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas	445



Debesa Tur, Gabriela

281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses 510

Del Campo, Rosa

122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas 82

237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades 300

380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a staphylococcus aureus resistente a meticilina de punta de cateter 398

Del Castillo, M^a Ángeles

93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas 358

Del Cerro Arrieta, Ana

356 Estudio de la rata topera (arvicola scherman) como reservorio de patógenos zoonóticos en el noroeste peninsular 395

Del Cerro, Carlos

269 Desarrollo de herramientas para el reciclaje de la biomasa lignocelulósica en levaduras 227

Del Moral, Ana

333 Microorganismos aerotransportados en polvo sahariano y depositados en lluvia de barro 484

344 Microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano en canarias 512

Del Ramo Torreblanca, Inés

367 Respuesta humoral y celular contra el SARS-COV-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo. 290

Delgado Brito, Axel A.

40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados 243

Delgado Martín, Josemaría

37 Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por QPCR 203

Delgado Ruíz, Andrea

379 Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de candida albicans..... 346

Díaz Arinero, Esther

262 Desarrollo de biohidrogeles con stenotrophomonas. bentonitica, método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular. 195

Díaz Ceballos, Carlos

395 Determinación de los niveles de memoria de sistemas sensores: el caso de TETR 163

Díaz Cruz, Silvia

357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero. 117

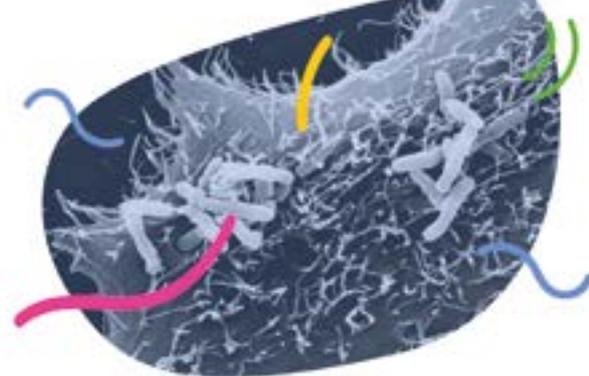
Díaz Fernández, Eduardo

71 Respuesta global de pseudomonas putida KT2440 a la presencia de arsenito 152

293 Diseño racional de biocatalizadores bacterianos para la eliminación y valorización de plastificantes 230

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



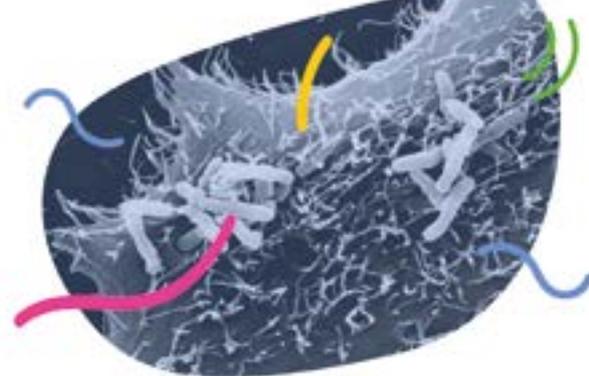
Díaz González, Juan P.	
40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados	243
Díaz Martínez, Margarita	
61 Estudio del potencial antifúngico de actinomicetos procedentes de diversas fuentes contra hongos fitopatógenos	208
62 Búsqueda de las histidina quininas que activan el regulador huérfano AOR1 de streptomyces coelicolor	209
230 Diseño de una plataforma para la determinación de las señales de activación de las histidina quininas (HKASP) en streptomyces coelicolor	223
529 Micromundo usal: nuevos horizontes de divulgación	328
Díaz Moreno, Miguel Ángel	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
Díaz Moscoso, Alejandro	
364 Caracterización de la actividad antibacteriana de clones procedentes de metagenotecas de adn ambiental	289
Díaz Ramiro, Elías	
78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural	176
Díaz Santos, Encarnación	
404 Caracterización del sistema de regulación PETR/P en cianobacterias	295
408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias	296
Díaz, Eduardo	
82 Identificación de las enzimas degradadoras de di-n-butyl ftalato en paenarthrobacter SP. SHSS	210
176 El arsenoma de aromatoleum SP. CIB y sus aplicaciones biotecnológicas	126
196 Pseudomonas putida KT2440 como plataforma para la bioextracción y bioproducción de nanopartículas de lantánidos	147
269 Desarrollo de herramientas para el reciclaje de la biomasa lignocelulósica en levaduras	227
Díaz, Caridad	
284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales	229
Díaz-Colunga, Juan	
130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems	156
Díaz-Moreno, Miguel Ángel	
338 Aplicación de dos sistemas de compostaje con bioaumento de lodos de depuradora para la remoción de contaminantes emergentes	200
Dicenzo, George C.	
423 Potencial de la cepa bacteriana pseudomonas SP. CDVBN10 como bioinoculante agrícola de amplio espectro	465
Diez Galán, Alba	
20 Aislamiento y caracterización de bacterias solubilizadoras de fosfato como mejora del desarrollo de cultivo de cebada.....	434



Díez Maté, Ana María	
322 Actividad antimicrobiana de extractos de hojas de guaviduca (piper carpunya)	430
Díez Méndez, Alexandra	
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	327
538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia	335
Díez Velasco, Ángela	
415 Infecciones parasitarias en animales en cautividad: prevención y bienestar animal.	406
Díez, Paula	
49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication...	353
Díez-Méndez, Alexandra	
217 Diversidad microbiana de desierto: un potencial a explorar	179
Djukovic, Ana	
315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes.	390
Do Vale, Ana	
388 Impacto del lipopolisacárido en la virulencia y la resistencia a péptidos antimicrobianos en el patógeno marino photobacterium damsela subsp. damsela	489
Dobson, Alan	
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
Dolz, Mikel	
175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases	266
Domenech Lucas, Mirian	
218 Diferencias en patogenicidad entre secuenciotipos del serotipo 3 de streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva	371
51 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la covid19 en España	140
213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la covid19 en la resistencia antibiótica en streptococcus pneumoniae	369
53 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en España	81
263 Efecto sinérgico de acetilcisteína y cefditoren en biofilms de streptococcus pneumoniae multirresistente	378
Dominelli, Nazzareno	
534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional	333
Domingues Velini, Edivaldo	
54 Bioprospección de hongos fitopatógenos para el biocontrol de la mala hierba ipomoea Hederifolia L.	440
Domingues, Lucília	
67 Endolysin display activity of recombinant yeast against listeria monocytogenes peptidoglycan. ...	355
Domínguez, Lucas	
287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos salmonella y campylobacter	383

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



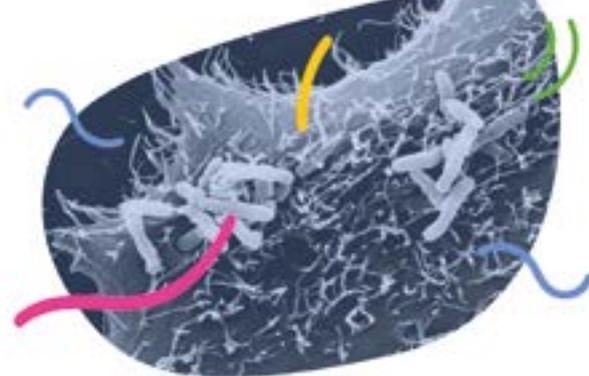
291 Determinación, en <i>Escherichia coli</i> resistente a colistina, del efecto antimicrobiano de compuestos alternativos a los antibióticos en nutrición para ganado.	385
Domínguez-Quintero, Marina	
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria <i>Synechococcus elongatus</i> PCC7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de <i>Synechococcus elongatus</i> PCC7942	287
Dorado Morales, Pedro	
208 Un nueva mini-proteína induce la formación de agregados proteicos que insolubilizan las lipasas extracelulares de <i>Staphylococcus aureus</i>	272
383 Evaluation of the efficacy of engineered pathogenicity islands carrying CRISPR in a murine model of mastitis.	91
Duque, Estrella	
48 Enzimas extremófilas para el sector agroindustrial	204
Durán Viseras, Ana	
502 Acercando la microbiología a los más pequeños	306
Durán, David	
359 Analysis of the <i>Pseudomonas</i> OGARAE F113 secretome reveals two new type VI secretion systems effectors	109
Durante Rodríguez, Gonzalo	
71 Respuesta global de <i>Pseudomonas putida</i> KT2440 a la presencia de arsenito	152
176 El arsenoma de <i>Aromatoleum</i> sp. cib y sus aplicaciones biotecnológicas	126
293 Diseño racional de biocatalizadores bacterianos para la eliminación y valorización de plastificantes.....	230
Dzalbe, Sindija	
166 The artificial sweetener acesulfame-K inhibits growth of multidrug resistant <i>Acinetobacter baumannii</i> and potentiates carbapenem activity	84
E. Toranzo, Alicia	
144 Papel de las proteínas solubles secretadas en la virulencia del patógeno <i>Tenacibaculum maritimum</i>	472
Egido Guerrero, Guillermo	
419 Learning from nature: halophyte microbiomes to cope with salt stress in plants	463
El Hsissen, Salma	
237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades	300
Enguidanos Salvador, Carlos	
249 <i>Bacillus toyonensis</i> aa1ec1, una cepa halotolerante con uso potencial en agricultura como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol	106
Eraso Barrio, Elena	
107 Characterization of adhesin-like wall proteins in <i>Candida glabrata</i> clinical isolates: a sticky business.....	340
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein Pir1 in <i>Candida albicans</i> is facilitated by two or more Pir repeat units	339



105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii.	96
120 Studies and functional characterization of putative iff adhesins in the cell wall of candida auris	97
Ercolini, Danilo	
179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
Ercolini, Danilo	
354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
Erill Sagales, Ivan	
111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms	253
Escalera, Luz	
534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional	333
Escobar Niño, Almudena	
97 Vesículas extracelulares de botrytis cinerea: primera caracterización de su proteoma y su papel en el proceso de infección	95
209 Botrytis cinerea bioactive peptides and its role during infective process	160
Escribano Gómez, Isabel	
394 Physiological and transcriptional response of the marine strain synechococcus sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation.	120
Escribano, M. Pilar	
144 Papel de las proteínas solubles secretadas en la virulencia del patógeno tenacibaculum maritimum	472
Esrig, Carles	
99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs.....	359
Escrivá, Laura	
365 Actividad antifúngica de productos bioactivos basados en bacterias ácido lácticas frente a candida auris	345
Escudero García-Calderón, José Antonio	
162 Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263
167 Influencia del entorno genético en el estudio de las dinámicas evolutivas de cassettes de integrón	264
168 Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de vibrio cholerae	265
Escudero Nieto, Raquel	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla y León	80
Escudero, Andrea	
49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication ..	353
Escudero, José Antonio	
59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons	246
64 The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
74 A biotechnology tool to detect integron gene cassettes	248

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



161 Mobile integrons contain phage defence cassettes.....	262
<i>Escudero, Cristina</i>	
112 Oxidación anaerobia de hierro en el subsuelo de la faja pirítica ibérica	254
<i>Espí Felgueroso, Alberto</i>	
356 Estudio de la rata topera (arvicola scherman) como reservorio de patógenos zoonóticos en el noroeste peninsular	395
<i>Espí Malillos, Alba</i>	
98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk	417
<i>Espinal, Paula</i>	
258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de escherichia coli MDR.....	376
288 Antimicrobial activity of (wr)3f, a novel synthetic cationic peptide	384
289 Antimicrobial activity of the novel cationic peptide (rw)3f	88
295 Uso de nuevas tecnologías en el aprendizaje de microbiología en ciencias de la salud: experiencia en los últimos 5 años	301
519 Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic	320
<i>Espuelas Millán, Socorro</i>	
159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war	364
<i>Essen, Lars-Oliver</i>	
107 Characterization Of Adhesin-Like Wall Proteins In Candida Glabrata Clinical Isolates: A Sticky Business	340
<i>Esteban Cabornero, Oscar J.</i>	
418 ¿Por qué entiendes abracadabra cuando quiero decir eureka?	134
<i>Esteban Ronda, Violeta</i>	
212 Visualización y detección de las partículas de sars-cov-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19	368
285 Micobioma pulmonar y medioambiente	344
<i>Esteve Sánchez, Consuelo</i>	
47 Potencial del plasma frío en la obtención de péptidos bioactivos a partir del procesado de arthrospira platensis (spirulina)	414
<i>Esteve-Núñez, Abraham</i>	
330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro	130
<i>Estrada Bonilla, Germán Andrés</i>	
24 Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal mejoran el rendimiento en maíz bajo condiciones de déficit hídrico en el caribe seco colombiano	435
<i>Etxebarria Loizate, Nestor</i>	
45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos	413
<i>Euba, Begoña</i>	
143 Expression of the haemophilus influenzae adhesin hmw1a is regulated by a multifaceted mechanism	259
<i>Expósito González, Francisco J.</i>	
40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados	243



Ezquerria Aznarez, Jose Manuel

22 Estudios de elucidación del mecanismo de acción de las avermectinas frente a mycobacterium tuberculosisXXX

F. Noguera, José

189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon. 85

Fajardo, Carmen

537 ¿Hacer un pódcast para aprender microbiología? 334

Farfán, Maribel

205 Actividad sinérgica de nuevos péptidos cíclicos análogos de polimixina y su mecanismo de acción sobre membranas 367

508 Experiencia docente orientada a alumnos repetidores de microbiología ii para promover el aprendizaje activo y mejorar su rendimiento académico 309

Fernandez Lopez, Manuel

184 Soil o-live: monitorizando la salud del suelo del olivar mediterráneo. 447

Fernandez, Ignacio

182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas 99

Fernandez, Susana

222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal 449

Fernández Acero, Francisco Javier

97 Vesículas extracelulares de botrytis cinerea: primera caracterización de su proteoma y su papel en el proceso de infección 95

Fernández Blanco, Ángela

35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos 186

36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos 187

515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo maldi-biotyper llevada a la práctica en asignaturas de grado en biotecnología 316

Fernández García, Gemma

51 The SCO1897 transcriptional regulator modulates streptomyces coelicolor phosphorous homeostasis and secondary metabolism 140

Fernández Gómez, Andrea

360 Introducción in vivo de proteínas de edición genética mediante fusión a relaxasas conjugativas 288

Fernández González, Antonio José

31 Papel de la microbiota radicular en el decaimiento de pinus sylvestris en el parque nacional de sierra nevada 437

32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo 438

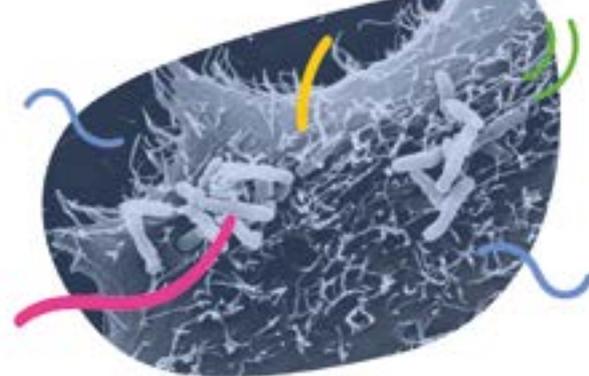
38 Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo 439

Fernández González, Rocío

320 Producción de celulosa por starkeya sp.: caracterización del polímero y análisis de mutantes sobreproductores 282

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Fernández Herrero, Luis Ángel

150 New molecular tools of the in vivo mutagenesis system T7-DIVA for directed evolution of proteins 158

Fernández López, Manuel

31 Papel de la microbiota radicular en el decaimiento de pinus sylvestris en el parque nacional de sierra nevada 437

32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo 438

38 Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo 439

Fernández López, Raúl

119 Identification and characterization of conjugative plasmid-dependent bacteriophages 256

307 Transferencia de genes de resistencia a antibióticos mediante plásmidos conjugativos marinos 482

395 Determinación de los niveles de memoria de sistemas sensores: el caso de TetR 163

Fernández Martínez, Sergio

367 Respuesta humoral y celular contra el sars-cov-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo. 290

Fernández Ortuño, Dolores

411 The combined strategies of podosphaera xanthii to suppress chitin-triggered immunity in cucurbits plants 112

421 Un gen que codifica una proteína de pared celular con anclaje a gpi, una nueva oportunidad para controlar podosphaera xanthii..... 464

Fernández Pacheco, Pilar

533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado 332

Fernández Pastor, Ignacio

233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum 373

Fernández Pereira, Jordan

107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business 340

Fernández Villalba, Jorge

237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades 300

Fernández Vivas, Antonia

37 Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por QPCR 203

Fernández, Rosario

233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum 373

Fernández, Belén

330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del ebro 130

Fernández-Acero Acero, Francisco Javier

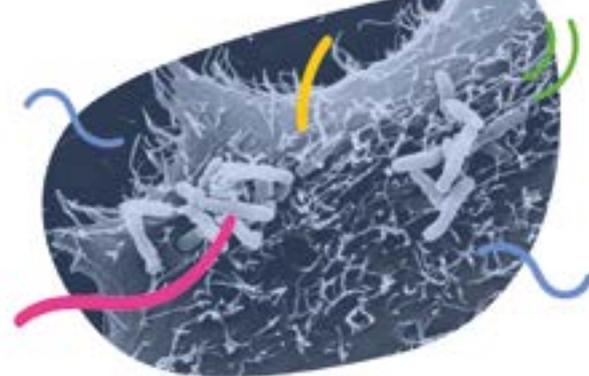
209 Botrytis cinerea bioactive peptides and its role during infective process 1 60



Fernández-Acero, Teresa	
381 Hacia un modelo de levadura para el estudio del inflammasoma. expresión en <i>saccharomyces cerevisiae</i> de receptores de tipo nod humanos	347
Fernández-De La Cruz, Eric	
288 Antimicrobial Activity Of (WR)3F, A Novel Synthetic Cationic Peptide	384
289 Antimicrobial Activity Of The Novel Cationic Peptide (RW)3F	88
Fernández-Fernández, Rocío	
140 La encapsulación de células individuales revela heterogenidad asociada a la resistencia a fluoroquinolonas en <i>salmonella enterica</i>	157
Fernández-García, Gemma	
60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, SCO4439 D-Alanyl-D-Alanine Carboxypeptidase, SCO4440 GOLPH3 And SCO1758 EngA-GTPase Proteins Participate In Wall-Deficient Cells Formation In <i>Streptomyces Coelicolor</i>	141
Fernández-Llario, Pedro	
309 Identificación y análisis molecular de <i>escherichia coli</i> con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico	387
Fernández-López, Raúl	
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria <i>synechococcus elongatus</i> pcc7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de <i>synechococcus elongatus</i> PCC7942	287
Fernández-Pampín, Natalia	
426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos	241
Ferrando Núñez, Jordi	
8 Desarrollo de un método colorimétrico para la inserción simultánea de múltiples copias génicas en <i>bacillus subtilis</i> mediante CRISPR-CAS9.	202
Ferrer García, Maria Desamparados	
18 La dermicidina humana (dcd), un péptido inmunitario contra la gripe	78
49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication ..	353
53 Desarrollo de un modelo in vitro para el estudio de biofilms en tiempo real: potenciales aplicaciones y validación clínica.....	81
157 Estudio ex vivo del efecto de diferentes colutorios sobre el biofilm oral	261
Ferrer Rodriguez, Consuelo	
285 Microbioma pulmonar y medioambiente	344
212 Visualización y detección de las partículas de SARS-COV-2 en aerosoles de pacientes con covid-19	368
Ferrer, Carolina	
260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de <i>candida auris</i> en la comunidad valenciana	276
Ferrer, María D	
312 Estudio de la microbiota nasofaríngea asociada a salud y a enfermedad en procesos respiratorios vinculados a infección por <i>streptococcus pneumoniae</i>	388

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Ferrero García, Miguel Ángel

42 Study of microbiota derived from gluten metabolism in the human gut: a community-based global approach 491

Février, Laureline

133 Characterization of soil and rhizosphere microbial diversity of a wetland impacted by a former uranium mine in France 496

Flor-Duro, Alejandra

219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes. 86

Flores Díaz, Amando

326 Deciphering the mechanisms of naproxen biodegradation by microbial consortia 198

364 Caracterización de la actividad antibacteriana de clones procedentes de metagenotecas de ADN Ambiental 289

Flores Félix, José David

164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas 445

Flores, Amando

430 Detección de nuevos mecanismos de resistencia a antibióticos de uso hospitalario mediante metagenómica funcional 166

Flórez García, Ana Belén

63 Epicoccum sp. como agente causal de manchas marrón-rojizas en la superficie de un queso duro de leche cruda de oveja 415

Folch, Montserrat,

357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero. 117

Folster, Jason P

393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi..... 293

Formariz, Víctor

223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular 105

48 Aislamiento del bacterioma cultivable de lupinus angustifolius 204

Fors, Rosalba

94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de limonium algarvense en suelos salinos. 442

Fouz, Belén

177 Actividad antimicrobiana de cepas bacterianas aisladas de suelos de ecosistemas naturales subterráneos de la comunidad valenciana 499

513 Enseñanza activa y biusqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val) 314

516 Innovación docente en microbiología en la universitat de València 317

534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional 333



Frasquet Artes, Juan

513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicación valenciana (Fago@val) 314

Freese, Heike M.

268 Sesgo De Género En Los Nombres De Procariotas Que Honran A Personas..... 508

Freitag, Johannes

278 Desvelando respuestas al cambio climático a partir de microorganismos marinos antiguos preservados en hielo marino antártico 116

Frías Arevalilo, Juana

321 Microbiota innovadora para elaborar panes saludables con harinas de garbanzo 236

Frías, Roberto

225 Proyecto eu - h2020 - novaterra: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos 423

Furtado, Edson Luiz

54 Bioprospección de hongos fitopatógenos para el biocontrol de la mala hierba ipomoea hederifolia L. 440

Fusté, Ester

258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de escherichia Coli MDR 376

288 Antimicrobial activity of (WR)3F, A Novel Synthetic Cationic Peptide 384

289 antimicrobial activity of the novel cationic Peptide (RW)3F 88

295 Uso de nuevas tecnologías en el aprendizaje de microbiología en ciencias de la salud: experiencia en los últimos 5 años 301

519 Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic 320

Fuster González, Candela

276 Una nueva herramienta para estudiar la resistencia que confiere la microbiota intestinal frente a patógenos multirresistentes 379

280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos 381

G. De La Torre, Beatriz

288 Antimicrobial Activity Of (WR)3F, A Novel Synthetic Cationic Peptide 384

89 Antimicrobial Activity Of The Novel Cationic Peptide (RW)3F 338

G. Biosca, Elena

352 Aislamiento y caracterización de nuevos bacteriófagos líticos para el control biológico de enfermedades causadas por xanthomonas spp. en diversos huéspedes 455

G. Morán, Xosé Anxelu

394 Physiological and transcriptional response of the marine strain synechococcus SP. RS9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 120

Gabaldón, Toni

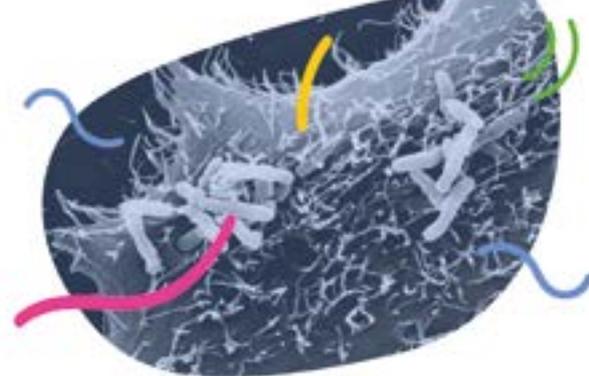
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units 339

Gadea-Salom, Laura

18 La Dermicidina Humana (DCD), Un Péptido Inmunitario Contra La Gripe 78

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Galán Sicilia, Beatriz

194 Optimización mediante ingeniería genética de la producción de 22-hidroxi-23,24-bisnortricol-4-en-3-ona en *Mycobacterium smegmatis* a escala de biorreactor 221

Galiana Roselló, Carolina

325 Si las bacterias evolucionan, nosotros también. SWICEU: innovación y gamificación en la educación y difusión sobre las resistencias antimicrobianas. 132

Galisteo, Cristina

142 Diversidad procarionota (in)dependiente de cultivo en suelos hipersalinos de las marismas del odiel 178

180 Una nueva arquea halófila extrema del género *Haloarcula* aislada de suelos hipersalinos 500

244 Dos nuevos géneros procedentes de las marismas del odiel 506

500 ¿Quién vive en mi yogur? Echemos un microvistazo 304

502 Acercando la microbiología a los más pequeños 306

Gallardo, Alejandro

309 Identificación y análisis molecular de *Escherichia coli* con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico 387

Gallego Rodríguez, Violeta

75 Caracterización de la cepa *Citrobacter* sp. t1.2d-1 aislada del subsuelo profundo de la faja pirítica ibérica 249

Gallegos, María Del Carmen

340 Explorando las comunidades bacterianas en ambientes hospitalarios: la diversidad del género *Pseudomonas* 511

343 Diversidad bacteriana en ambientes clínicos. Reservorio de nuevos patógenos multirresistentes? 182

Gálvez Martínez, Beatriz

285 Microbioma pulmonar y medioambiente 344

Gálvez Roldán, Clara

231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas 451

398 La percepción de nitrato en bacterias fitopatógenas favorece la colonización e infección de las plantas 110

Gálvez Del Postigo Ruiz, Antonio

301 Resistencia a antibióticos en enterococos intestinales aislados de heces de ratones alimentados con diferentes dietas altas en grasa. 427

Gamazo, Carlos

316 Efecto inmunomodulador de *Akkermansia muciniphila* y su potencial aplicación como probiótico 234

Gámez, Pedro Xavier

305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method 428

Gangloff, Valentin

368 Cianobacterias no fotosintéticas en el ciclo del agua: del subsuelo al intestino 183



Gaona Soler, Marc

399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae 403

Gárate Castro, Carla

540 Aislamiento y secuenciación genómica de cepas de pseudomonas sp. degradadoras de furanos desde la microbiota intestinal de salmón del atlántico 407

Garbisu, Carlos

283 El Organismo, Una Inesperada Autopista Bacteriana. 382

García Alayo, Fred

298 Actividad antibacteriana de saponinas aisladas de los tejidos de patallus mollis selenka, 1868 (cucumariidae) "pepino de mar" - estudio preliminar 481

García Aljaro, Cristina

170 Estudio del potencial de los microplásticos como portadores de e. coli en agua de mar 113

García Fraile, Paula

423 Potencial de la cepa bacteriana pseudomonas SP. CDVBN10 como bioinoculante agrícola de amplio espectro 465

García Lopez, Daniel

332 Si sí no y si no sí: uso de la movilidad plasmídica para implementar la negación lógica en biología sintética 284

García Mauricio, Juan Carlos

165 Estudio proteómico preliminar de una cepa de saccharomyces cerevisiae durante la producción de vino de maracuyá amarilla..... 220

García Acedos, Miguel

194 Optimización mediante ingeniería genética de la producción de 22-hidroxi-23,24-bisnorcol-4-en-3-ona en mycolicibacterium smegmatis a escala de biorreactor 221

García Aljaro, Cristina

350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico 485

357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero. 117

García Barbazán, Irene

402 El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de cryptococcus neoformans reduciendo los radicales libres endógenos 348

García Cancela, Paula

51 The sco1897 transcriptional regulator modulates streptomyces coelicolor phosphorous homeostasis and secondary metabolism 140

García Del Portillo, Francisco

98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk 417

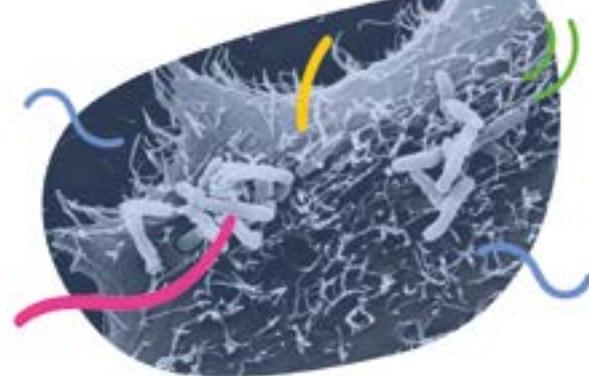
551 Morfogénesis de salmonella y su respuesta al ambiente intrafagosomal 94

García Díaz, Claudia

531 Desde el instituto hasta la universidad y la investigación. El proyecto MicroMundo en la Universidad Autónoma de Madrid y la búsqueda de antibacterianos 330

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



García Fernández, Alfredo

27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue lupin. 436

García Fraile, Paula

129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane 104

164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas 445

372 Mejora de la productividad y calidad del grano de trigo duro mediante inoculantes de cepas de bacillus, azospirillum y/o rhizobium 459

523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología 323

527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas 327

538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia 335

García García, Juan Carlos

146 Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa 218

García García, Isidoro

146 Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa 218

García García, Juan Carlos

541 Tiktok como aliado para motivar la divulgación de la microbiología por estudiantes universitarios 136

García González, Carlos A.

210 Bacillus pumilus: bioindicador para la esterilización mediante CO₂ supercrítico 222

García Gonzalo, Diego

428 Caracterización genotípica de cepas de escherichia coli MG1655 y salmonella typhimurium LT2 resistentes a antibióticos 299

García Huete, Samuel

39 Breaking the rules: how would a sod-deficient pathogen adapt to host-related oxidative stress? 79

García Juan, Silvia

407 MITES: Una nueva conexión virus-procariota 514

García Limón, Tania

356 Estudio de la rata topera (arvicola scherman) como reservorio de patógenos zoonóticos en el noroeste peninsular 395

García López, Jose Luis

194 Optimización mediante ingeniería genética de la producción de 22-hidroxi-23,24-bisnorcol-4-en-3-ona en mycolicibacterium smegmatis a escala de biorreactor 221

García López, Carla

417 La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis 297

García Martín, Javier

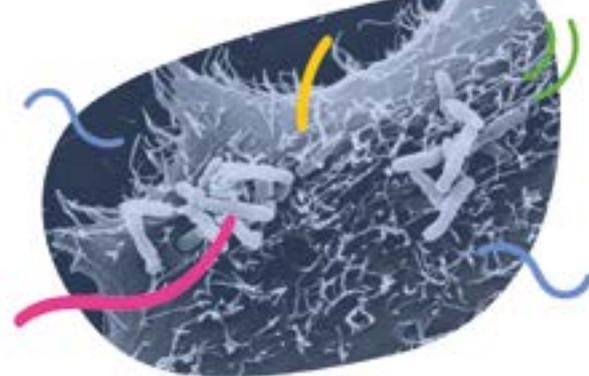
62 Búsqueda de las histidina quinazas que activan el regulador huérfano aor1 de streptomyces coelicolor 209



230	Diseño de una plataforma para la determinación de las señales de activación de las histidina quinasas (hkasp) en streptomyces coelicolor	223
529	MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación	328
García Martínez, Teresa		
146	Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa	218
511	Trabajando con infografías científicas para desarrollar competencias en los estudiantes universitarios	312
541	Tiktok como aliado para motivar la divulgación de la microbiología por estudiantes universitarios	136
García Mauricio, Juan Carlos		
146	Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa	218
511	Trabajando con infografías científicas para desarrollar competencias en los estudiantes universitarios	312
García Miro, Alejandro		
57	Insight on the cellular signaling mechanisms in yarrowia lipolytica strains	206
82	Identificación de las enzimas degradadoras de di-n-butil ftalato en paenarthrobacter sp. shss ..	210
García Pastor, Lucía		
64	The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
162	Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263
168	Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de vibrio cholerae	265
García Pina, Javier		
155	Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats	418
García Porcel, Eloísa		
379	Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de candida albicans.	346
García Rodas, Rocío		
402	El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de cryptococcus neoformans reduciendo los radicales libres endógenos	348
García Rodríguez, Fernando Manuel		
38	Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo	439
García Roldán, Alicia		
139	Metagenómica y diversidad procariota de las salinas de isla Cristina (Huelva)	497
500	¿Quién vive en mi yogur? Echemos un microvistazo	304
502	Acercando la microbiología a los más pequeños	306
García Ruiz, Ana M		
78	Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural	176
García Ruiz, Eva		
512	LifeHUB: Fostering Collaborations and Scientific Literacy in Microbiology Education and Outreach	313

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



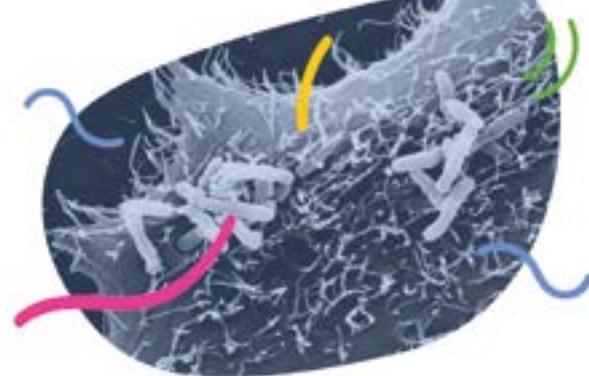
García Salgado, Sara	
176 El arsenoma de <i>aromatoleum</i> sp. cib y sus aplicaciones biotecnológicas	126
García Sánchez, Alfredo	
306 Principales agentes causantes de la mastitis caprina: análisis en leche de tanque y animales individuales	429
García Toledo, María	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
García Valentín-Fernández, David	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
García Villalba, Rocío	
91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica.	143
García, Alejandro	
131 <i>Comamonas testosteroni</i> como chasis sintético para el reciclado enzimático del PET.....	146
García, María Jesús	
134 Identification of the kribbellichelins a & b and sandramycin biosynthetic gene clusters in the genome of <i>kribbella</i> Sp. CA-293567	217
García, Francisca	
191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua	476
García, Begoña	
383 Evaluation of the efficacy of engineered pathogenicity islands carrying crispr in a murine model of mastitis.	91
García, Paula	
538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia	335
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
García-Garcerá, Marc	
315 <i>Lactobacillus coopers</i> con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes.	390
García-García, Isidoro	
165 Estudio proteómico preliminar de una cepa de <i>saccharomyces cerevisiae</i> durante la producción de vino de maracuyá amarilla	220
García-Gómez, Marina	
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
García-Gonzalo, Diego	
429 Aumento de resistencia al calor en poblaciones de <i>listeria monocytogenes</i> tras ensayos de evolución dirigida	175
García-Gutierrez, Laura	
329 Mycospatialomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas	101



García-Hernández, Elena	
344 Microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano en Canarias	512
García-López, María-Luisa	
207 Enterobacter cloacae complex resistentes a colistina en vegetales frescos y su entorno de producción	170
García-Martínez, Teresa	
165 Estudio proteómico preliminar de una cepa de saccharomyces cerevisiae durante la producción de vino de maracuyá amarilla	220
García-Rosado, Esther	
277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus	480
García-Ruiz, Eva	
175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases	266
García-Seco Romero, Teresa	
64 The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
García-Valdés Pukkitts, Elena	
85 Índices filogenómicos en la diferenciación de especies y subespecies en el subgrupo de pseudomonas chlororaphis	494
216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por xylella fastidiosa	503
232 Diversidad de pseudomonas endófitas mediante técnicas dependientes de cultivo en almendros infectados con xylella fastidiosa	504
Garcillan Barcia, M. Pilar	
332 Sí sí no y si no sí: uso de la movilidad plasmídica para implementar la negación lógica en biología sintética	284
393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293
328 Explorando la diversidad de sistemas de secreción tipo vi en plásmidos: generación de un catálogo genómico	283
Garita-Cambronero, Jerson	
261 Caracterización de un elemento transponible en el genoma de xanthomonas arboricola pv. Pruni	107
Garmendia, Junkal	
143 Expression of the haemophilus influenzae adhesin hmw1a is regulated by a multifaceted mechanism	259
151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling	83
Garmendia, Nahiara	
383 Evaluation of the efficacy of engineered pathogenicity islands carrying crispr in a murine model of mastitis.	91
Garrido Chamorro, Sonia	
35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos	186
36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos	187

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



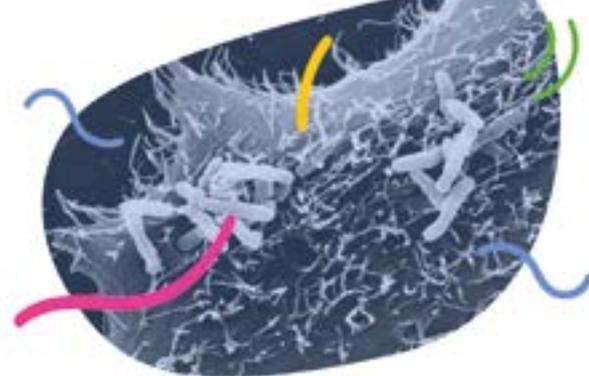
126 Innovación sostenible: diseño de bioingeniería para la degradación eficiente de tereftalato de polietileno mediante enzimas petasas y mhetasas sintéticas	145
172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminovalérico en pseudomonas putida u.	125
515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo maldi-biotyper llevada a la práctica en asignaturas de grado en biotecnología	316
Garrido Fernández, Juan Manuel	
95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos	468
Garrido-Oter, Ruben	
223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular	105
Garzón, María José	
215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes	370
280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos	381
315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes.	390
Gasmi, Meriem	
349 Explorando el género lentzea como potencial probiótico de plantas: mecanismos de resiliencia y producción de metabolitos con acción antimicrobiana.	108
Gasol, Josep M.	
254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de blanes	507
273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanes	509
Gašparovic, Henrich	
22 Estudios de elucidación del mecanismo de acción de las avermectinas frente a mycobacterium tuberculosis	XXX
Gavira, Jose A.	
183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium	159
Gegúndez, María Isabel	
537 ¿Hacer un pódcast para aprender microbiología?	334
Gémez-Mata, Juan	
277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus	480
Genilloud Rodríguez, Olga	
284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales	229
132 Un nuevo linaje de hongos de la hojarasca de sudáfrica, fuente de metabolitos bioactivos frente hongos fitopatógenos	216
134 Identification of the kribbellichelins a & b and sandramycin biosynthetic gene clusters in the genome of kribbella Sp. CA-293567	217
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471



182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas	99
233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno <i>Pectobacterium carotovorum</i>	373
Getino Alonso, Luis	
35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos	186
36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos	187
126 Innovación sostenible: diseño de bioingeniería para la degradación eficiente de tereftalato de polietileno mediante enzimas petasas y mhetasas sintéticas	145
172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminovalérico en <i>Pseudomonas putida</i> u.	125
515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo maldi-biotyper llevada a la práctica en asignaturas de grado en biotecnología	316
Giagnoni, Lucia	
164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas	445
Gil Alvarez, Sara	
17 <i>Pseudomonas putida</i> productora de carbapenemasa de tipo vim y transmisión nosocomial.	350
Gil Flores, Patricia	
188 Caracterización de levaduras no- <i>Saccharomyces</i> para la elaboración de cerveza artesana	169
224 Uso de manoproteínas para mejorar la supervivencia de bacterias lácticas en fermentaciones de aceituna de mesa	422
Gil Herrero, María Luisa	
76 <i>Candida albicans</i> <i>pca2</i> vaccination induces a trained protective response in myeloid cells.....	356
77 Direct <i>tlr2</i> signaling through <i>mtor</i> and <i>tbk1</i> induces <i>c/ebpβ</i> and <i>irf7</i> -dependent macrophage differentiation in hematopoietic stem and progenitor cells	357
Gil Urbano, Sofía	
410 Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes <i>Streptococcus suis</i> y <i>Neisseria gonorrhoeae</i>	404
Gil, Mabel	
191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua	476
Gil, María I	
250 Caracterización molecular (wgs) de aislados de <i>Listeria monocytogenes</i> del ambiente de procesado de una planta de vegetales congelados	171
Gil, Maria Isabel	
290 Prevalencia de <i>Listeria monocytogenes</i> en plantas de procesado de frutas y hortalizas frescas cortadas	426
Gil, Carmen	
383 Evaluation of the efficacy of engineered pathogenicity islands carrying <i>crispr</i> in a murine model of mastitis.....	91
Gil, Jessica	
337 Incidencia de hongos productores de micotoxinas en uvas ecológicas	431

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Gila Vílchez, Cristina

262 Desarrollo de biohidrogeles con stenotrophomonas. bentonitica, método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular. 195

Gil-Molino, María

287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos salmonella y campylobacter 383

314 Resistencia frente a los antibióticos en aislados de escherichia coli procedentes de perros con infección del tracto urinario 389

Gimeno, Concepción

260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de candida auris en la comunidad valenciana 276

Gimeno, Mercedes

263 Efecto sinérgico de n-acetil-l-cisteina y cefditoren en biofilms de streptococcus pneumoniae multirresistente 378

Giner, Lola

268 Sesgo de género en los nombres de procariotas que honran a personas 508

Ginesy, Mireille

385 Spray-induced gene silencing (sigs) as an effective strategy to control pine pitch canker caused by fusarium circinatum 461

Giraldo Segura, Rafael

23 Caracterización de los dominios amiloidogénicos wh1 en proteínas rep de plásmidos del fitopatógeno xylella fastidiosa 479

Girones, Nuria

518 Cuestionario de autoevaluación presencial 319

Göker, Markus

81 Biotechnological potential of blastococcus (actinobacteria) in arid agro-ecosystems 177

268 Sesgo de género en los nombres de procariotas que honran a personas 508

Gomez, Rosa

152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes 473

Gómez Bolívar, Jaime

133 Characterization of soil and rhizosphere microbial diversity of a wetland impacted by a former uranium mine in france 496

Gómez Casanova, Natalia

379 Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de candida albicans. 346

384 Evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana de la combinación ácido 4-fenilbutírico y un compuesto dendrítico frente a staphylococcus aureus 399

Gómez Garre, María Del Dulcenombre

78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural 176

Gómez Gómez, Clara

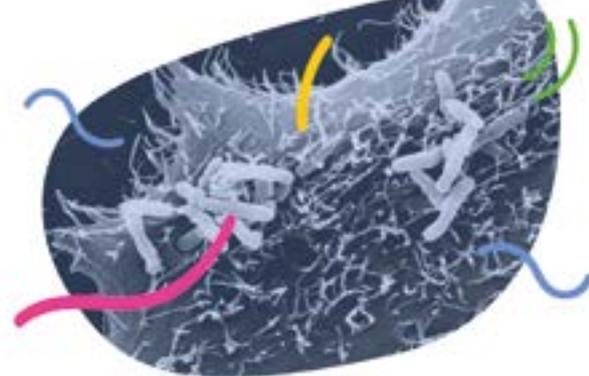
350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico 485



Gómez Jiménez, Pilar	
321 Microbiota innovadora para elaborar panes saludables con harinas de garbanzo	236
Gómez Martín, Ángel	
99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs	359
Gómez Molero, Emilia	
107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business	340
120 Studies and functional characterization of putative iff adhesins in the cell wall of candida auris	97
105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii.	96
Gómez Moreno, Francisco Javier	
78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural	176
Gómez Navajas, Jesús Alberto	
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units.....	339
105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen pichia kudriavzevii.	96
Gómez Navajas, Jesús	
107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business	340
120 Studies and functional characterization of putative iff adhesins in the cell wall of candida auris	97
Gómez Ramírez, Luis Fernando	
24 Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal mejoran el rendimiento en maíz bajo condiciones de déficit hídrico en el caribe seco colombiano	435
Gómez Vázquez, Emilio	
539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición	336
Gómez, Cristina L	
46 Generation of an extensive library of mutants of thermus thermophilus and preliminary tn-seq analysis of genes affecting transformation efficiency	244
Gómez, Manuel J	
46 Generation of an extensive library of mutants of thermus thermophilus and preliminary tn-seq analysis of genes affecting transformation efficiency	244
Gómez, Cristina	
110 Relevance of the different homologous recombination repair pathways acting under high temperatures in thermus thermophilus	252
Gómez, Helena	
269 Desarrollo de herramientas para el reciclaje de la biomasa lignocelulósica en levaduras	227
Gómez, Óscar	
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
Gómez-Cebrián, Nuria	
215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes	370

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



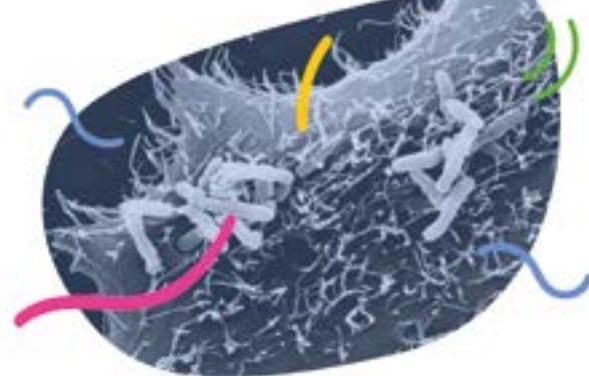
Gómez-Cuadrado, Laura	
426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos	241
Gómez-Sánchez, Noelia	
212 Visualización y detección de las partículas de sars-cov-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19	368
Gomila Ribas, Margarita	
85 Índices filogenómicos en la diferenciación de especies y subespecies en el subgrupo de pseudomonas chlororaphis	494
216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por xylella fastidiosa	503
232 Diversidad de pseudomonas endófitas mediante técnicas dependientes de cultivo en almendros infectados con xylella fastidiosa	504
234 Estudio del numero de polimorfismos de nucleotido unico (snps) en aislados de x. fastidiosa de las Islas Baleares	505
340 Explorando las comunidades bacterianas en ambientes hospitalarios: la diversidad del género pseudomonas	511
343 Diversidad bacteriana en ambientes clinicos: reservorio de nuevos patogenos multirresistentes?	182
390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de xylella fastidiosa	513
Gomila, Rosa Maria	
390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de xylella fastidiosa	229
Gomis, Jesús	
99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs	359
Gonzalez Gutierrez, Sheila	
332 Si sí no y si no sá: uso de la movilidad plasmádica para implementar la negación lógica en biología sintética	284
Gonzalez, Javier	
155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats	418
González Benítez, Natalia	
27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue lupin.	436
González Dominici, Lihúén Iraí	
129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane	104
423 Potencial de la cepa bacteriana pseudomonas sp. cdvbn10 como bioinoculante agrícola de amplio espectro	229
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	229
González Gutierrez, Sheila	
328 Explorando la diversidad de sistemas de secreción tipo vi en plásmidos: generación de un catálogo genómico	283
González Martín, Cristina	
40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados	243



104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
<i>González Martínez, Ignacio</i>	
284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales	229
<i>González Martín-Niño, Rosa</i>	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
<i>González Menéndez, Víctor</i>	
132 Un nuevo linaje de hongos de la hojarasca de sudáfrica, fuente de metabolitos bioactivos frente hongos fitopatógenos	216
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas	99
233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum	373
<i>González Morales, Eduardo</i>	
262 Desarrollo de biohidrogeles con stenotrophomonas. bentonitica, método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular.	195
<i>González Munuera, David</i>	
86 Microarns en tetrahymena thermophila: un mecanismo epigenético involucrado en la respuesta estrés frente a metales.	251
<i>González Toril, Elena</i>	
40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados	243
<i>González Torres, Cintya</i>	
276 Una nueva herramienta para estudiar la resistencia que confiere la microbiota intestinal frente a patógenos multirresistentes	379
<i>González Vega, Francisco</i>	
291 Determinación, en escherichia coli resistente a colistina, del efecto antimicrobiano de compuestos alternativos a los antibióticos en nutrición para ganado.	385
<i>González, Ignacio</i>	
134 Identification of the kribbellichelins a & b and sandramycin biosynthetic gene clusters in the genome of Kribbella Sp. CA-293567	217
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
<i>González, Francisco</i>	
287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos salmonella y campylobacter	383
<i>González, Juan Jesús</i>	
352 Aislamiento y caracterización de nuevos bacteriófagos líticos para el control biológico de enfermedades causadas por xanthomonas spp. en diversos huéspedes	455
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val)	314

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



González, Alba	
534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional	333
González-Candelas, Fernando	
260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de candida auris en la comunidad valenciana	276
González-Dominici, Lihúén Iraí	
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
González-Fornell, José Manuel	
303 Oxidoreductase-dependent approaches to produce the renewable plastic precursor furandicarboxylic acid	232
González-Guerra, Ana	
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria synechococcus elongatus pcc7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
58 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de synechococcus elongatus PCC7942	207
González-Quiñónez, Nathaly	
60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, SCO4439 D-Alanyl-D-Alanine Carboxypeptidase, SCO4440 GOLPH3 And SCO1758 EngA-GTPase Proteins Participate In Wall-Deficient Cells Formation In Streptomyces Coelicolor	141
Gonzalo Asensio, Jesús	
247 Genetic traps to sabotage bacterial virulence in mycobacterium	162
Goris, Marga	
347 Detección y seroprevalencia de leptospira spp. en colonias felinas de la comunidad de madrid	393
Gorostiaga Garay, José María	
45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos	413
Gosalbes, María José	
80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea	167
Gozalbo, Roberto	
516 Innovación docente en microbiología en la universitat de valència	317
Gracillán-Barcia, M. Pilar	
427 Especificidades del plasmidoma de la familia erwiniaceae	298
Granada Hurtado, Juan	
37 Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por QPCR	203
Grande Burgos, Mª José	
530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.	329
Griffin, Chelsey	
393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293



Grueso, Luis Carlos

177 Actividad antimicrobiana de cepas bacterianas aisladas de suelos de ecosistemas naturales subterráneos de la Comunidad Valenciana 499

Guadamillas, Marta

533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado 332

Guerrero Egido, Guillermo

420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife..... 92

Guerrero Gonzalez, Paula

77 Direct tlr2 signaling through mtor and tbk1 induces c/ebp β and irf7-dependent macrophage differentiation in hematopoietic stem and progenitor cells 357

76 Candida Albicans PCA2 Vaccination Induces A Trained Protective Response In Myeloid Cells. 356

Guerrero, Javier

101 Análisis transcriptómico de un consorcio mixto hongo-bacteria para la valorización de un residuo lignocelulósico 214

Guerrero, Ricardo

153 Diversidad y funcionalidad procarióticas de muestras de biofilm-sedimento y columna de agua en la Laguna La Muerte, Monegros, España 474

Guillamon Carrasco, Albert

336 Isolation of bacillus subtilis spores by tangential flow filtration using the bionet m1 system 238

Guillén Tirado, Belén

430 Detección de nuevos mecanismos de resistencia a antibióticos de uso hospitalario mediante metagenómica funcional 166

Guillén-Martín, Paz

317 Factores epigenéticos implicados en la resistencia a antimicrobianos en el gonococo 391

Guivernau, Miriam

330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro 130

Guna, María Del Remedio

260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de candida auris en la Comunidad Valenciana 276

Gutiérrez Barranquero, José A.

405 Bases moleculares de la colonización de la raíz de aguacate utilizando la cepa modelo de biocontrol pseudomonas chlororaphis PCL1606 462

Gutiérrez Chávez, Abner Josué

221 Sistemas conjugados nanopartículas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria 148

Gutiérrez Fernández, Juan Carlos

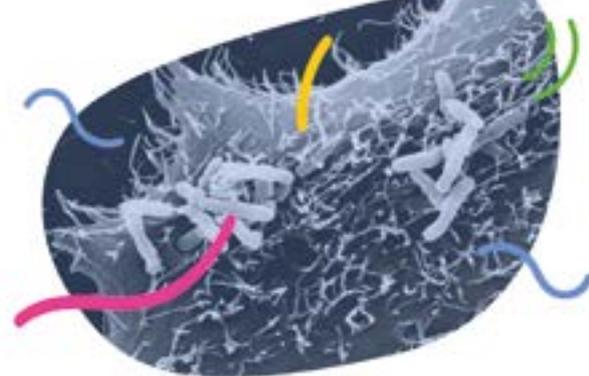
86 Microarns en tetrahymena thermophila: un mecanismo epigenético involucrado en la respuesta estrés frente a metales. 251

Gutiérrez-Del-Río, Ignacio

60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, SCO4439 D-Alanyl-D-Alanine Carboxypeptidase, SCO4440 GOLPH3 And SCO1758 EngA-GTPase Proteins Participate In Wall-Deficient Cells Formation In Streptomyces Coelicolor 141

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Gutiérrez-Lanza, Raquel

342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria *synechococcus elongatus* pcc7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa 286

358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de *synechococcus elongatus* PCC7942 287

Guzmán Herrador, Dolores Lucía

360 Introducción in vivo de proteínas de edición genética mediante fusión a relaxasas conjugativas 288

Hamby, Rachael

363 Using inorganic and organic nanotechnology in spray-induced gene silencing (sigs) provides a steady rna effect against fungal diseases. 458

Hartkoorn, Ruben C

406 A novel natural sideromycin unveils a new strategy to design siderophore conjugates 164

Harzen, Anne

97 Vesículas extracelulares de *botrytis cinerea*: primera caracterización de su proteoma y su papel en el proceso de infección 95

Henández, Manuel

537 ¿Hacer un pódcast para aprender microbiología?..... 334

Henares, Desirée

312 Estudio de la microbiota nasofaríngea asociada a salud y a enfermedad en procesos respiratorios vinculados a infección por *streptococcus pneumoniae* 388

Henner, Pascale

133 Characterization of soil and rhizosphere microbial diversity of a wetland impacted by a former uranium mine in France..... 496

Heredero Bermejo, Irene

379 Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de *candida albicans*. 346

Heredero Bermejo, Irene

384 Evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana de la combinación ácido 4-fenilbutírico y un compuesto dendrítico frente a *staphylococcus aureus* 399

Heredia Martíne, Luis G

404 Caracterización del sistema de regulación *petr/p* en cianobacterias 295

408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias..... 296

Herencias Rodriguez, Cristina

16 Unravelling the molecular drivers of plasmid fitness costs using *crispri* screenings 242

21 Beta-lactamase expression triggers collateral sensitivity to azithromycin and colistin 149

122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas 82

Hermann, Ralf

534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional 333

Hermosa, Rosa

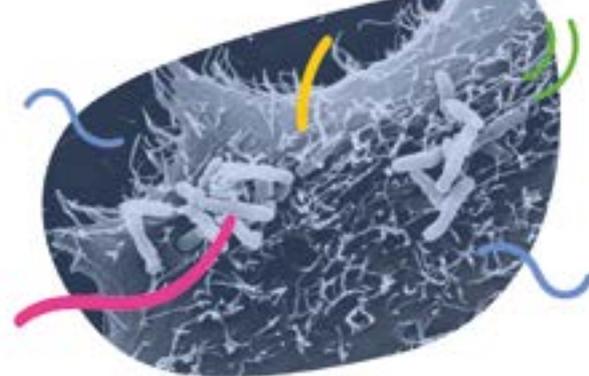
163 Analysis Of Tomato MiRNAs Provides Novel Insights Into The *Trichoderma* Atroviride-Plant Interaction. 444



Hernández García, Marta	
550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido POXA-48	93
Hernández Martín, Luis Miguel	
188 Caracterización de levaduras no-saccharomyces para la elaboración de cerveza artesana	169
Hernández Pérez, Marta	
271 Evolución anual (octubre 2020-2021) de sars-cov-2 y norovirus en aguas residuales en el municipio de Valladolid	115
Hernández, Luis Miguel	
224 Uso de manoproteínas para mejorar la supervivencia de bacterias lácticas en fermentaciones de aceituna de mesa	422
Hernández-Fernández, Gabriel	
194 Optimización mediante ingeniería genética de la producción de 22-hidroxi-23, 24-bisnorcol-4-en-3-ona en mycolicibacterium smegmatis a escala de biorreactor	221
Hernando, Natalia	
237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades	300
Herrera Gómez, Inés	
57 Insight on the cellular signaling mechanisms in yarrowia lipolytica strains	206
Herrera Rodríguez, Daniel	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
416 Análisis de la asignatura de microbiología en los grados de medicina en España	133
Herrera, Beatriz	
215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes	370
280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos	381
Herrera, Carmen	
237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades	300
Herrero Cofreces, Silvia	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
Herrero Igartua, Cristina	
509 Aprendizaje-servicio universitario para la promoción de la salud en colectivos vulnerables en Madrid: colaborando con mujeres del centro Diaconía Madrid.	310
Herrero, Concepción	
522 Metodología abp aplicada a una materia optativa de microbiología	322
Hervas Moron, Manuel	
404 Caracterización del sistema de regulación petr/p en cianobacterias	295
408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias	296

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Hidalgo Da Silva, Cristina	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
Hidalgo Pestaña, Marina	
301 Resistencia a antibióticos en enterococos intestinales aislados de heces de ratones alimentados con diferentes dietas altas en grasa.	427
Hidalgo Vico, Susana	
259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por candida albicans	377
Hidalgo-Sanz, Raquel	
93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas	358
Hinojosa, M^a Belén	
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
Hipólito Carrillo De Albornoz, Alberto	
64 The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
162 Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263
167 Influencia del entorno genético en el estudio de las dinámicas evolutivas de cassettes de integrón	264
168 Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de vibrio cholerae	265
59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons	246
74 A Biotechnology tool to detect integron gene cassettes	248
161 Mobile integrons contain phage defence cassettes.	262
Hita Díaz, Samantha	
213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la covid19 en la resistencia antibiótica en streptococcus pneumoniae	369
253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa	374
218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva	371
351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la covid19 en españa	90
Horcajo Charzynska, Lorena	
252 Supervivencia patógenos alimentarios sobre superficies de acero inoxidable: evaluación de la eficacia de un recubrimiento superficial antibacteriano	424
Huang Lin, Elisa Huang-Lin	
135 Producción y caracterización de un exopolisacárido por bacillus amyloliquefaciens: aplicaciones biotecnológicas.	188
Huang Lin, Elisa	
138 Aplicaciones potenciales de un exopolisacárido producido por bacillus xiamenensis rt6 aislado de un medio ácido	190
Hueso, Rafael	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311



Hurtado, Ana

- 198 *Enterococcus lactis* en ganado bovino lechero: caracterización de genomas completos y comparación con *enterococcus faecium* 269
- 308 *Enterococcus* resistentes en granjas de ganado bovino de leche del país vasco: concentraciones mínimas inhibitorias y caracterización de genomas completos 280
- 313 Perfiles de resistencia en *enterococcus* de origen animal del País Vasco 281

Ibañez Sánchez, Ana M^a

- 515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo maldi-biotyper llevada a la práctica en asignaturas de grado en biotecnología 316
- 20 Aislamiento y caracterización de bacterias solubilizadoras de fosfato como mejora del desarrollo de cultivo de cebada 434
- 36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos 187

Ibáñez, Pablo

- 177 Actividad antimicrobiana de cepas bacterianas aisladas de suelos de ecosistemas naturales subterráneos de la Comunidad Valenciana 499

Ibarlucea, Bergoi

- 116 Diseño de un sensor electroquímico para la detección de *vibrio vulnificus* 470

Igeño González, M^a Isabel

- 291 Determinación, en *escherichia coli* resistente a colistina, del efecto antimicrobiano de compuestos alternativos a los antibióticos en nutrición para ganado. 385
- 287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos *salmonella* y *campylobacter* 383
- 309 Identificación y análisis molecular de *escherichia coli* con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico 387

Iglesias Sánchez, Lydia

- 529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación 328

Iglesias Valenzuela, María Belén

- 11 Estudio de la actividad sinérgica de derivados de salicilaldehído y biocidas para el control de microorganismos patógenos alimentarios. 410
- 530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas. 329
- 219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes. 86

Iglesias, Ainhoa

- 517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/eHU. perspectiva desde la microbiología 318

Irache Garreta, Juan M

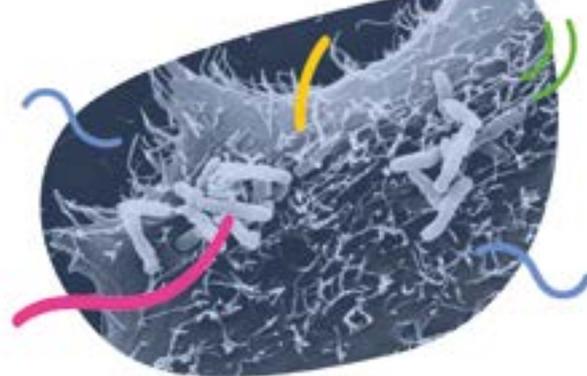
- 159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war 364
- 316 Efecto inmunomodulador de *akkermansia muciniphila* y su potencial aplicación como probiótico 229

Iriondo Alegría, Jose María

- 27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue lupin. 436

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



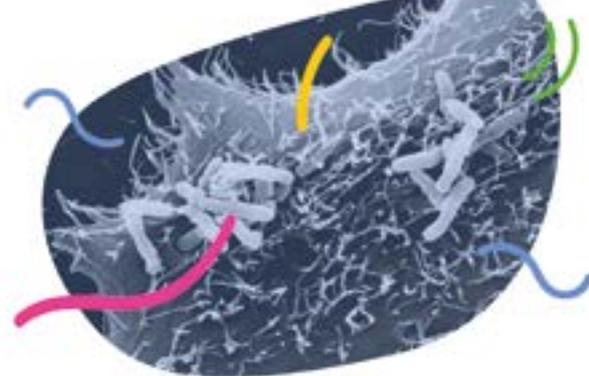
Iriondo, Mikel	
517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología	318
Iturbe Sanz, Pablo	
413 Deciphering the map of transcriptional overlap between neighbouring genes: the excludon finder	405
Izaguirre Aramayona, Urtzi	
45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos	413
Izal, Iñigo	
504 Microbiólogas	308
Jackson, Stephen	
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
Jado García, Isabel	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
Jaime Moreno, Isabel	
322 Actividad antimicrobiana de extractos de hojas de guaviduca (Piper Carpunya)	430
Jaraba Soto, Laura	
16 Unravelling the molecular drivers of plasmid fitness costs using crispri screenings	242
21 Beta-Lactamase expression triggers collateral sensitivity to azithromycin and colistin	149
292 Interacciones positivas entre plasmidos de resistencia: otro arma para las superbacterias	386
Javadi Marand, Farzaneh	
121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones.	257
178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi	365
41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus	352
154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes	362
Jávega Martínez, Beatriz	
367 Respuesta humoral y celular contra el sars-cov-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo.	290
Javier Diez Casero, Julio	
385 Spray-induced gene silencing (sigs) as an effective strategy to control pine pitch canker caused by fusarium circinatum	461
Jayachandran, Sidharth	
68 Synthetic biology for the heterologous expression of giant fungal non-ribosomal peptides	142
Jimenez, Guadalupe	
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	229
289 Antimicrobial activity of the novel cationic Peptide (RW)3F	88



295	Uso de nuevas tecnologías en el aprendizaje de microbiología en ciencias de la salud: experiencia en los últimos 5 años	301
	<i>Jiménez Carretero, Mónica</i>	
37	Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por QPCR	203
	<i>Jiménez Cid, Víctor</i>	
381	Hacia un modelo de levadura para el estudio del inflammasoma. expresión en <i>saccharomyces cerevisiae</i> de receptores de tipo nod humanos	347
	<i>Jiménez Gómez, Alejandro</i>	
129	Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane	104
	<i>Jiménez Gómez, Beatriz</i>	
181	Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral	420
	<i>Jiménez Guerra, Gemma</i>	
79	Experiencia del diagnóstico molecular de meningitis/encefalitis en el área de salud de Ibiza y formentera: filmarray vs pcr multiplex	250
	<i>Jiménez López, Concepción</i>	
37	Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por QPCR	203
203	Hueso Como Bioadsorbente Para La Eliminación De Bacterias	128
	<i>Jiménez Páez, Elena</i>	
510	Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria.....	311
	<i>Jiménez, Carlos</i>	
201	Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización de las vacunas frente a <i>vibrio anguillarum</i>	478
	<i>Jiménez, Guadalupe</i>	
519	Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic	320
	<i>Jiménez-Hernández, Nuria</i>	
80	Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea	167
	<i>Jin, Hailing</i>	
363	Using inorganic and organic nanotechnology in spray-induced gene silencing (sigs) provides a steady rna effect against fungal diseases.	458
	<i>Jofre Albendea, Pilar</i>	
514	Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos.....	315
	<i>Jones, Richard M.</i>	
22	Estudios de elucidación del mecanismo de acción de las avermectinas frente a <i>mycobacterium tuberculosis</i>	229
	<i>Jorba, Marta</i>	
258	Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de <i>escherichia coli</i> MDR	376
279	Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	380

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



295	Uso de nuevas tecnologías en el aprendizaje de microbiología en ciencias de la salud: experiencia en los últimos 5 años	301
519	Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic	320
Jordán Del Moral, Alejandro		
181	Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral	420
Jové, Thomas		
161	Mobile integrons contain phage defence cassettes.	262
162	Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263
Juaneda, Juan		
367	Respuesta humoral y celular contra el sars-cov-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo.	290
Juárez Mugarza, Maitane		
326	Deciphering the mechanisms of naproxen biodegradation by microbial consortia	198
Jurado Romero, Paula		
410	Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes streptococcus suis y neisseria gonorrhoeae	404
417	La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis	297
Justicia, Carlos		
233	Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum	373
Kaberdin, Vladimir R.		
242	Análisis de la variabilidad intragenómica de genes ribosómicos para mejorar la diferenciación de especies de vibrio	180
Kaur, Sabhjeet		
423	Potencial de la cepa bacteriana pseudomonas sp. cdvbn10 como bioinoculante agrícola de amplio espectro	465
Kauserud, Håvard		
123	Generating a large collection of saccharomyces polyploids to study their adaptation to food-related industrial conditions	215
Keasling, Jay D.		
68	Synthetic biology for the heterologous expression of giant fungal non-ribosomal peptides	142
Kieffer, Nicolas		
161	Mobile integrons contain phage defence cassettes.	262
Kim, Justin Y		
393	Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293
Korduláková, Jana		
22	Estudios de elucidación del mecanismo de acción de las avermectinas frente a mycobacterium Tuberculosis	XXX
Kostic, Tanja		
543	Educational needs in the food systems microbiome	138



Kramer, Gertjan

- 105 Integrated post-genomic cell wall analysis reveals floating biofilm formation associated with high expression of flocculins in the pathogen *Pichia kudriavzevii*. 96

Krell, Tino

- 183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium 159
- 398 La percepción de nitrato en bacterias fitopatógenas favorece la colonización e infección de las plantas 110

Kupis, Karolina

- 534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional 333

L. Lemos, Manuel

- 201 Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización de las vacunas frente a *Vibrio anguillarum* 478

Labban, Abbrar

- 394 Physiological and transcriptional response of the marine strain *Synechococcus* sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 120

Labella, Alejandro

- 277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus 480

Laborda Mansilla, Jesús

- 175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases 266

Laço, José

- 340 Explorando las comunidades bacterianas en ambientes hospitalarios: la diversidad del género *Pseudomonas* 511
- 343 Diversidad bacteriana en ambientes clínicos: Reservorio de nuevos patógenos multirresistentes? 182

Lages, Marta A

- 186 Adaptaciones transcripcionales asociadas a la adquisición de la isla de patogenicidad *irp-hpi*: identificación del regulón *pBta* en *Vibrio anguillarum* 114

Lahoz, Sandra

- 228 Péptidos antimicrobianos de *Streptococcus dentisani*: dentisinas. 161

Lain, Elena

- 410 Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes *Streptococcus suis* y *Neisseria gonorrhoeae* 404

Lalaoui, Rym

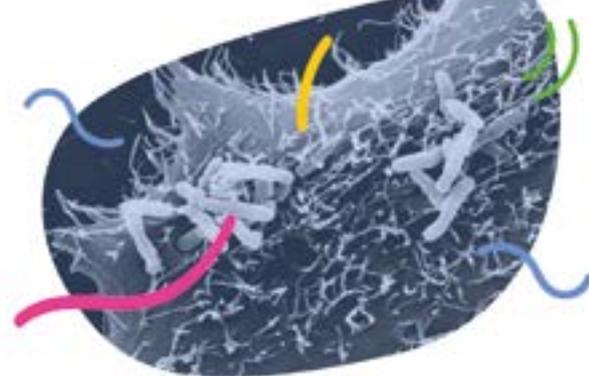
- 315 *Lactobacillus cooperi* con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes. 390

Lalucat Jo, Jorge

- 85 Índices filogenómicos en la diferenciación de especies y subespecies en el subgrupo de *Pseudomonas chlororaphis* 494
- 216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por *Xylella fastidiosa* 503

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



232 Diversidad de pseudomonas endófitas mediante técnicas dependientes de cultivo en almendros infectados con xylella fastidiosa	504
Landete Iranzo, José M^a	
13 Bioactivación de los fitoestrógenos por la microbiota intestinal	412
Lanzen, Anders	
391 Mecanismos moleculares y celulares de la degradación de carbono polimérico en alteromonas	119
Laorden, Lorena	
239 Capacidad productora de biosurfactantes y bacteriocinas por parte de bacterias halófilas y halotolerantes	224
Lara Romero, Carlos	
27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue Lupin.	436
Larbi Merroun, Mohamed	
187 Proteínas implicadas en la reducción y biotransformación del se(vi) en la bacteria stentrophomonas bentonitica bii-r7: estudios multidisciplinares	127
Larraz Iribar, Beatriz	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
Larrea Leoz, Esther	
159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war	364
Lasa Uzcudun, Iñigo	
413 Deciphering the map of transcriptional overlap between neighbouring genes: the excludon finder.....	405
383 Evaluation of the efficacy of engineered pathogenicity islands carrying crispr in a murine model of mastitis.	91
Latorre Castillo, Amparo	
281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses	510
282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome	278
Lavin Trueba, Jose Luis	
283 El organismo, una inesperada autopista bacteriana.	382
198 Enterococcus lactisen ganado bovino lechero: caracterización de genomas completos y comparación con enterococcus faecium	269
308 Enterococcus resistentes en granjas de ganado bovino de leche del país vasco: concentraciones mínimas inhibitorias y caracterización de genomas completos	280
313 Perfiles de resistencia en enterococcus de origen animal del País Vasco	281
Laza, Aitor	
517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología	318
Lázaro-Díez, María	
151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling	83



Lazúen López, Guillermo

187 Proteínas implicadas en la reducción y biotransformación del se(vi) en la bacteria *Stenotrophomonas bentonitica* bii-r7: estudios multidisciplinares 127

296 Multidisciplinary characterization of the antimicrobial activity of selenium nanoparticles produced by different subcellular fractions of *Stenotrophomonas bentonitica* BII-R7. 197

Lechuga Arana, Alma Arianna

221 Sistemas conjugados nanopartículas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria 148

Leclercq, Alexandre

99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic *Listeria* spp. in feces and organs 359

Lecuit, Marc

98 Proteomic characterization of *Listeria monocytogenes* grown in UHT milk 417

99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic *Listeria* spp. in feces and organs 359

Leiva-Rebollo, Rocio

277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus 480

Lemos, Manuel L.

144 Papel de las proteínas solubles secretadas en la virulencia del patógeno *Tenacibaculum maritimum* 472

186 Adaptaciones transcripcionales asociadas a la adquisición de la isla de patogenicidad *irp-hpi*: identificación del regulón *pBta* en *Vibrio anguillarum* 114

Leo, Ángel

314 Resistencia frente a los antibióticos en aislados de *Escherichia coli* procedentes de perros con infección del tracto urinario 389

León León, María José

244 Dos nuevos géneros procedentes de las marismas del Odiel 506

León Sampedro, Ricardo

550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido POXA-48..... 93

León, María José

500 ¿Quién vive en mi yogur? Echemos un microvistazo 304

502 Acercando la microbiología a los más pequeños 306

Letek Polberg, Michal

121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en *Rhodococcus fascians* y posibles aplicaciones. 257

Letek, Michal

41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of *Staphylococcus aureus* 352

154 Utilizing selected *Bacillus* strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by *Listeria monocytogenes* 362

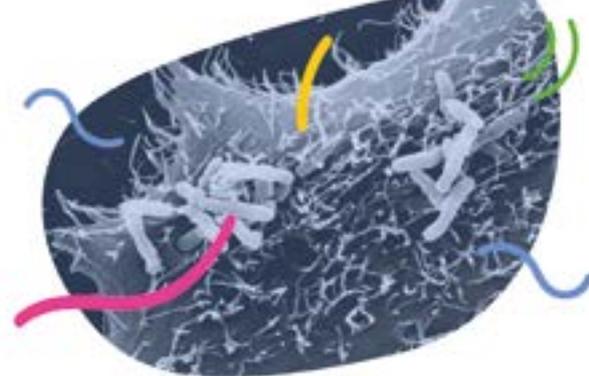
178 Exploring the potential of natural compounds in the treatment of *Rhodococcus equi* 365

Leunda-Esnaola, Amaia

242 Análisis de la variabilidad intragenómica de genes ribosómicos para mejorar la diferenciación de especies de *Vibrio* 180

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



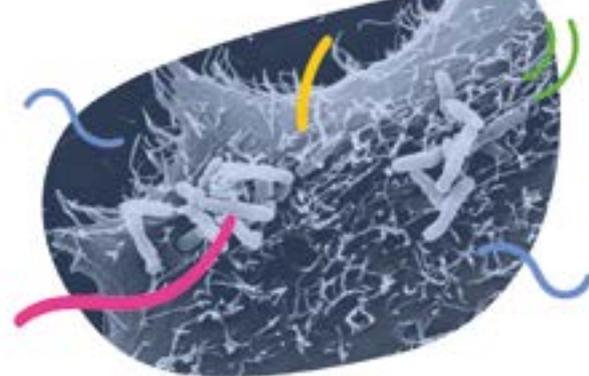
Liang, Hongxia	
170 Estudio del potencial de los microplásticos como portadores de e. coli en agua de mar	113
Liébana García, Raquel	
394 Physiological and transcriptional response of the marine strain synechococcus sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation.	120
391 Mecanismos moleculares y celulares de la degradación de carbono polimérico en alteromonas	119
Lima, Alexandre	
501 Phagecast: podcasting on balancing life and science in the world of bacteriophage research ...	305
Limón, Enric	
519 Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic	320
Linares Jiménez, Raúl Eduardo	
296 Multidisciplinary characterization of the antimicrobial activity of selenium nanoparticles produced by different subcellular fractions of stenotrophomonas bentonitica BII-R7.	197
187 Proteínas implicadas en la reducción y biotransformación del se(vi) en la bacteria stenotrophomonas bentonitica bii-r7: estudios multidisciplinares	127
Llagostera Casas, Montserrat	
111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms	253
544 El proyecto MicroMón@UAB en Catalunya, 5 años de ciencia ciudadana en las aulas de secundaria y bachillerato.	139
Llamas Company, Inmaculada	
197 Los medios ambientes extremos como fuente de microorganismos con actividad promotora de crecimiento vegetal y antimicrobiana	448
249 Bacillus toyonensis aa1ec1, una cepa halotolerante con uso potencial en agricultura como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol	106
255 Identification of the pseudomonas aeruginosa σ hasi and σ hxi regulons	375
227 Biocontrol de bacterias patógenas mediante quorum quenching	450
265 Uso de bacterias halotolerantes con actividad pgp y quorum quenching para combatir estrés abiótico y biótico en plantas	452
266 La sinergia de bacterias halotolerantes junto al exopolisacárido maurano mitiga el estrés salino en plantas mediante la acumulación de osmoprotectores	453
Llamas Lorente, Marian	
255 Identification of the pseudomonas aeruginosa σ hasi and σ hxi regulons	375
Llamosi Fornés, Mirella	
263 Efecto sinérgico de acetilcisteína y cefditoren en biofilms de streptococcus pneumoniae multirresistente	378
Llano Verdeja, Jesús	
41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus	352
121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones.	257
154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes	362



178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi	365
Llanos Palop, M.	
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
Llorenç Vicedo, Aitana	
278 Desvelando respuestas al cambio climático a partir de microorganismos marinos antiguos preservados en hielo marino antártico	116
422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo	122
Lloret Sos, Carmen	
367 Respuesta humoral y celular contra el sars-cov-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo.	290
Llosa Blas, Matxalen	
360 Introducción in vivo de proteínas de edición genética mediante fusión a relaxasas conjugativas	288
Lluesma Gómez, Mónica	
278 Desvelando respuestas al cambio climático a partir de microorganismos marinos antiguos preservados en hielo marino antártico	116
Lobato, Carlos	
525 La importancia y aplicabilidad de las lenguas clásicas en la asignación de los nombres científicos. un caso práctico.	325
Lois Alvedro, Marta	
95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos.....	468
238 Detección y cuantificación de virus entéricos en aguas residuales mediante rt-pcr en tiempo real durante la pandemia de COVID-19	479
Lombó, Felipe	
60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, SCO4439 D-Alanyl-D-Alanine Carboxypeptidase, SCO4440 GOLPH3 And SCO1758 EngA-GTPase Proteins Participate In Wall-Deficient Cells Formation In Streptomyces Coelicolor	141
Londoño, Alejandra	
382 Sugarcane rhizosphere bacteria: from bioprospecting, characterization of functional profiles and structure of the bacterial community in different crop management	460
Lopez, Asuncion	
305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method	428
López Abarquero, Pilar	
252 Supervivencia patógenos alimentarios sobre superficies de acero inoxidable: evaluación de la eficacia de un recubrimiento superficial antibacteriano.....	424
López Almela, Inmaculada	
98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk	417
López Alonso, Ricardo	
356 Estudio de la rata topera (arvicola scherman) como reservorio de patógenos zoonó en el noroeste peninsular	395

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



López Bellido, Alejandro	
361 Evaluación de la actividad antifúngica (in vitro e in vivo) de extractos de plantas naturales frente a candida auris.	457
López Escarpa, David	
551 Morfogénesis de salmonella y su respuesta al ambiente intrafagosomal	94
López Fernández, Margarita	
187 Proteínas implicadas en la reducción y biotransformación del se(vi) en la bacteria stenotrophomonas bentonitica bii-r7: estudios multidisciplinarios	127
López García, Álvaro	
41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus	352
121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones.	257
154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes	362
178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi	365
López Goñi, Ignacio	
504 Microbiólogas	308
López Igual, Rocío	
414 Description of toxin-antitoxin systems in anabaena sp. pcc 7120 analyzing their role as addiction modules	165
López Labrador, Xavier	
18 La dermicidina humana (dcd), un péptido inmunitario contra la gripe	78
López López, Arantxa	
228 Péptidos antimicrobianos de streptococcus dentisani: dentisinas.	161
López López, Modesto Torcuato	
262 Desarrollo de biohidrogeles con stenotrophomonas. bentonitica, método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular.	195
López Maury, Luis	
404 Caracterización del sistema de regulación $P_{ETR/P}$ en cianobacterias	295
408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias	296
López Mendoza, María Carmen	
98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk	417
López Moreno, Ana	
158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal humana y su potencial enzimático	498
160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rRNA amplicon-metagenómica	124
200 Dinámica de la microbiota intestinal influenciada por taxones tolerantes al bisfenol A en la obesidad infantil mediante culturomica y amplicon-sequencing	501
539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición	336



López Pagán, Nieves

156 Estudio de la expresión de genes de salmonella enterica y su efecto en la interacción con plantas. 363

López Pérez, María

40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados 243

López Pérez, Júlía

111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms 253

López Ramos, Víctor

410 Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes streptococcus suis y neisseria gonorrhoeae 404

López Rodríguez, María Del Mar

173 Cribado de hongos aislados en un proceso de compostaje para la degradación de plásticos 191

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

López Romalde, Jesús Ángel

95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos 468

238 Detección y cuantificación de virus entéricos en aguas residuales mediante rt-pcr en tiempo real durante la pandemia de COVID-19 479

López Simón, Javier

197 Los medios ambientes extremos como fuente de microorganismos con actividad promotora de crecimiento vegetal y antimicrobiana 21

López Solanilla, Emilia

231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas 451

López Torrejón, Gema

231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas 451

López Urrutia, Ángel

394 Physiological and transcriptional response of the marine strain synechococcus sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 112

López Vilariño, José Manuel

409 Selección de una cepa silvestre de s. cerevisiae para la producción industrial de una cerveza de abada 239

225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos 423

López, Alejandro

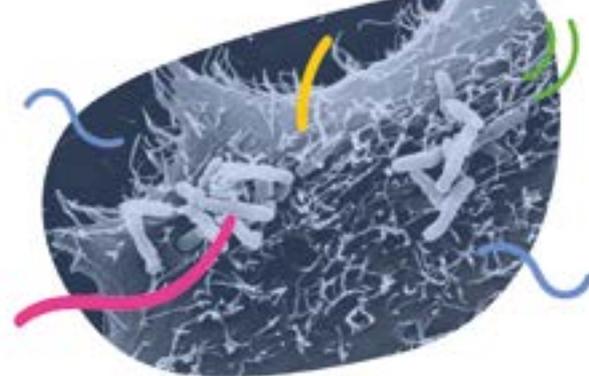
365 Actividad antifúngica de productos bioactivos basados en bacterias ácido lácticas frente a candida auris 345

López Sergio

525 La importancia y aplicabilidad de las lenguas clásicas en la asignación de los nombres científicos. un caso práctico. 301

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



López-Capón, Cecilia

250 Caracterización molecular (wgs) de aislados de listeria monocytogenes del ambiente de procesado de una planta de vegetales congelados 171

López-Igual, Rocío

74 A biotechnology tool to detect integron gene cassettes 248

López-Solanilla, Emilia

398 La percepción de nitrato en bacterias fitopatógenas favorece la colonización e infección de las plantas 110

Lorente Torres, Blanca

41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus 352

121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones. 257

154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes 362

178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi 365

Lorenzo Sanchez, Óscar

222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal 449

Lorenzo Sánchez, María

61 Estudio del potencial antifúngico de actinomicetos procedentes de diversas fuentes contra hongos fitopatógenos 208

529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación 328

Lucas López, Rosario

530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas. 329

Lucas, Yolanda

330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro 130

Lucena, Teresa

254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de blanes 507

273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanes 509

Lucero López, Leticia

23 Caracterización de los dominios amiloidogénicos wh1 en proteínas rep de plásmidos del fitopatógeno xylella fastidiosa 150

Lucio, José

329 Mycospitolomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas 101

Luengo Rodríguez, Jose María

126 Innovación sostenible: diseño de bioingeniería para la degradación eficiente de tereftalato de polietileno mediante enzimas petasas y mhetasas sintéticas 145

172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminovalérico en pseudomonas putida u. 125



Luque Larena, Juan José

44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños
mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León 80

Luque, Gracia

158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal
humana y su potencial enzimático 498

160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados
de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rRNA amplicon-metagenómica 124

539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración
de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición 336

Luque, Daniel

402 El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de *Cryptococcus neoformans*
reduciendo los radicales libres endógenos 348

Luque, Ignacio

414 Description Of Toxin-Antitoxin Systems In *Anabaena* Sp. PCC 7120 Analyzing Their
Role As Addiction Modules 165

M Bretscher, Kevin

420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife 92

M. Forero, Abel

201 Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización
de las vacunas frente a *Vibrio anguillarum* 478

M. Wentzien, Nuria

32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo 438

M. Quijada, Narciso

163 Analysis of tomato miRNAs provides novel insights into the trichoderma atroviride-plant
interaction. 444

Maestre Carballa, Lucía

422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los
microorganismos del mar mediterráneo 122

Maestro García-Donas, Beatriz

145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras
multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a *Streptococcus pneumoniae* 260

195 La membrana de *Streptococcus pneumoniae* como diana para el
reposicionamiento de fármacos 268

Magariños, Beatriz

144 Papel de las proteínas solubles secretadas en la virulencia del patógeno
Tenacibaculum maritimum 472

210 *Bacillus pumilus*: bioindicador para la esterilización mediante CO₂ supercrítico 222

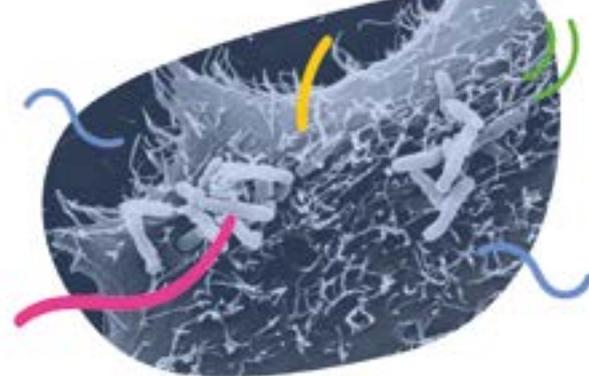
Maicas Prieto, Sergi

106 Aplicación de la estadística espacial (kriging) en el análisis de suelos para la
detección de bacterias productoras de antibióticos 361

352 Aislamiento y caracterización de nuevos bacteriófagos líticos para el control
biológico de enfermedades causadas por *Xanthomonas* spp. en diversos huéspedes 455

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



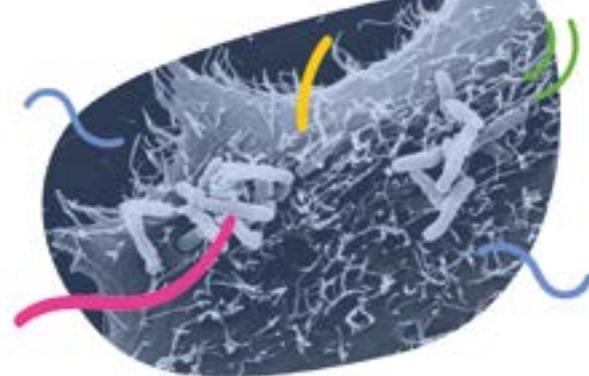
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val)	314
516 Innovación docente en microbiología en la Universitat de València	317
534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional	333
Manteca Fernández, Angel	
51 The SCO1897 Transcriptional Regulator Modulates Streptomyces Coelicolor Phosphorous Homeostasis And Secondary Metabolism	140
60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, SCO4439 D-Alanyl-D-Alanine Carboxypeptidase, SCO4440 GOLPH3 And SCO1758 EngA-GTPase Proteins Participate In Wall-Deficient Cells Formation In Streptomyces Coelicolor	141
Manzaneda Avila, Antonio	
184 Soil o-live: monitorizando la salud del suelo del olivar mediterráneo.	447
Manzano, Saioa	
101 Análisis transcriptómico de un consorcio mixto hongo-bacteria para la valorización de un residuo lignocelulósico	214
Marco Crespo, Elisa	
325 Si las bacterias evolucionan, nosotros también. swiceu: innovación y gamificación en la educación y difusión sobre las resistencias antimicrobianas.	132
Marcos García, Marta	
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
Marcos Sánchez, José Luis	
523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología	323
Marcos Torres, Francisco Javier	
255 Identification of the pseudomonas aeruginosa ohasi and ohxui regulons	375
Marena, Gabriel Davi	
361 Evaluación de la actividad antifúngica (in vitro e in vivo) de extractos de plantas naturales frente a candida auris.	457
María Gil-Molino, María	
309 Identificación y análisis molecular de escherichia coli con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince Ibérico	387
Marín Alcalá, Clara	
401 Análisis genéticos de la resistencia frente a lactámicos en aislados invasivos de streptococcus suis	394
417 La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis	297
Marín Muelas, Mª Del Pilar	
257 Aislamiento y caracterización de bacteriófagos para el tratamiento de infecciones por staphylococcus aureus multirresistentes.....	275
Marín Palma, Irma	
148 Acción sinérgica con distintos antibióticos de nanopartículas de plata sintetizadas a partir de una microalga acido-tolerante.	219



531 Desde el instituto hasta la universidad y la investigación. El proyecto MicroMundo en la Universidad Autónoma de Madrid y la búsqueda de antibacterianos	330
<i>Marín Quero, Patricia</i>	
320 Producción de celulosa por starkeya sp.: caracterización del polímero y análisis de mutantes sobreproductores	282
<i>Marina , Alberto</i>	
18 La dermicidina humana (dcd), un péptido inmunitario contra la gripe	78
<i>Markovich, Yuval</i>	
99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs	359
<i>Marqués Martín, Silvia</i>	
320 Producción de celulosa por starkeya sp.: caracterización del polímero y análisis de mutantes sobreproductores	282
<i>Marqués, Ana M.</i>	
205 Actividad sinérgica de nuevos péptidos cíclicos análogos de polimixina y su mecanismo de acción sobre membranas	367
<i>Marqués, Ana M^a</i>	
508 Experiencia docente orientada a alumnos repetidores de microbiología ii para promover el aprendizaje activo y mejorar su rendimiento académico	309
<i>Marquina Díaz, Domingo</i>	
33 Técnica de genotipado para lachancea thermotolerans, una herramienta para el control biológico de la acidez en vinos	337
<i>Marrero Hernández, M^a Cristo</i>	
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
<i>Martel Martín, Sonia</i>	
426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos	241
<i>Martí-Centelles, Vicente</i>	
49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication... ..	353
<i>Martin Cuadrado, Ana-Belen</i>	
407 MITES: una nueva conexión virus-procariota	514
<i>Martin Solis, Miquel</i>	
10 Infecciones por achromobacter denitrificans/xylosoxidans. ¿ estamos ante un patógeno emergente?	349
<i>Martín Armas, Jonathan</i>	
40 Impacto de la radiación ultravioleta sobre la supervivencia de microorganismos aerotransportados	243
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
<i>Martín Fernández, Jose Luis</i>	
172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminovalérico en pseudomonas putida u.	125
<i>Martín González, Ana</i>	
124 El transcriptoma de burkholderia cenocepacia revela activación de factores de virulencia y respuestas a estrés en el fagosoma de protistas	155

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Martín Gutiérrez, Guillermo

292 Interacciones positivas entre plásmidos de resistencia: otro arma para las superbacterias 386

Martín Jiménez, Laura

375 Investigando el papel de tagk, una proteina del t6ss de salmonella de función desconocida 291

Martín Quijada, Narciso

179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas 168

354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos 173

Martín, Ana María

125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia 258

Martín, Jesús

132 Un nuevo linaje de hongos de la hojarasca de sudáfrica, fuente de metabolitos bioactivos frente hongos fitopatógenos 216

Martín, Andrea

225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos 423

Martín, Jesús

233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum 373

Martín, Blanca

280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos 381

359 Analysis of the pseudomonas ogarae f113 secretome reveals two new type vi secretion systems effectors 109

Martín, Idoia

517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología 318

Martinez Pacheco, Fiorella Rocio

298 Actividad antibacteriana de saponinas aisladas de los tejidos de patallus mollis selenka, 1868 (cucumariidae) " pepino de mar - estudio preliminar 481

Martinez Suárez, Joaquín

252 Supervivencia patógenos alimentarios sobre superficies de acero inoxidable: evaluación de la eficacia de un recubrimiento superficial antibacteriano 424

Martinez-Gil, Luis

18 La dermicidina humana (DCD), un péptido inmunitario contra la gripe 78

Martínez Álvarez, Sandra

214 Detección y caracterización de cepas escherichia coli enteropatógena (epec) aisladas de la cavidad nasal de cerdos potencialmente sanos 273

Martínez Bonilla, Adrián

75 Caracterización de la cepa citrobacter sp. t1.2d-1 aislada del subsuelo profundo de la faja pirítica Ibérica 249



112 Oxidación anaerobia de hierro en el subsuelo de la faja pirítica ibérica	254
Martínez Brígido, Alberto	
188 Caracterización de levaduras no-saccharomyces para la elaboración de cerveza artesana.....	169
Martínez Bueno, Manuel	
37 Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por QPCR	203
Martínez Bueno, Laura	
379 Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de candida albicans.	346
Martínez Cañamero, Magdalena	
301 Resistencia a antibióticos en enterococos intestinales aislados de heces de ratones alimentados con diferentes dietas altas en grasa.	427
Martínez Cañamero, Magdalena	
530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.	329
Martínez Carretero, Enrique	
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
Martínez Dolz, Luis	
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val)	314
Martínez Espinoza, Juan Carlos	
221 Sistemas conjugados nanoparticulas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria	148
Martínez Galarza, Iciar	
72 Efecto de la temperatura y la radiación visible en la supervivencia de vibrio spp. en condiciones de escasez de nutrientes	467
Martínez García, Manuel	
278 Desvelando respuestas al cambio climático a partir de microorganismos marinos antiguos preservados en hielo marino antártico	116
422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo	122
Martínez Hernández, María Jesús	
90 α -l-arabinofuranosidasas fúngicas para mejorar la producción de xilooligosacáridos y monosacáridos a partir de arabinoxilano	212
Martínez Hernandez, Francisco Javier	
278 Desvelando respuestas al cambio climático a partir de microorganismos marinos antiguos preservados en hielo marino antártico	116
Martínez Hernández, María Jesús	
89 Pichia Pastoris: Un Sistema Para Expresar La DyP De Irpex Lacteus	338
Martínez Hernández, Francisco	
422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo	122
Martínez Hidalgo, Pilar	
27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue lupin.....	436



Martínez-Checa Barrero, Fernando

249 *Bacillus toyonensis* aa1ec1, una cepa halotolerante con uso potencial en agricultura como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol 106

333 Microorganismos aerotransportados en polvo sahariano y depositados en lluvia de barro 484

344 Microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano en canarias 512

Martínez-Eixarch, Maite

330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del ebro 130

Martinez-Malaxetxebarria, Irati

239 Capacidad productora de biosurfactantes y bacteriocinas por parte de bacterias halófilas y halotolerantes 224

Martínez-Máñez, Ramon

49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication .. 353

Martínez-Martínez, Lourdes

300 Integración de datos multiómicos para el análisis de la adaptación metabólica de la bacteria extremófila *chromohalobacter salexigens* 231

Martínez-Matamoros, Diana

201 Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización de las vacunas frente a *vibrio anguillarum* 478

Martín-Orozco Santiago, Elena

270 Científicas del celuloide: microbiólogas, bioquímicas e inmunólogas en las artes cinematográficas. 131

Martin-Sanchez, Pedro M.

329 Mycospitolomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas 101

Martirani Von Abercron, Sophie Marie

320 Producción de celulosa por *starkeya* sp.: caracterización del polímero y análisis de mutantes sobreproductores 282

Martorell, Sergi

340 Explorando las comunidades bacterianas en ambientes hospitalarios: la diversidad del género *Pseudomonas* 511

343 Diversidad bacteriana en ambientes clínicos: Reservorio de nuevos patógenos multirresistentes? 182

Martos, Bernabé

284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales 229

Maslova, Evgenia

166 The artificial sweetener acesulfame-k inhibits growth of multidrug resistant *acinetobacter baumannii* and potentiates carbapenem activity 84

Masmela, Julian

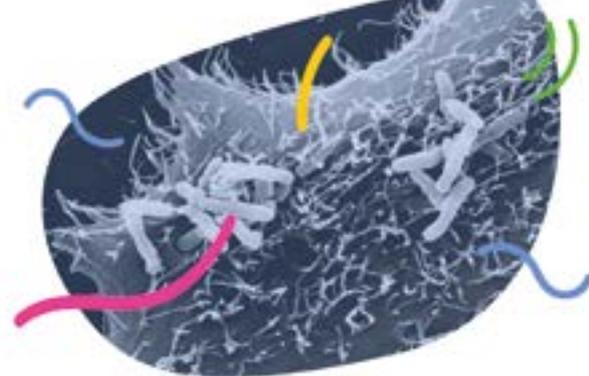
382 Sugarcane rhizosphere bacteria: from bioprospecting, characterization of functional profiles and structure of the bacterial community in different crop management 460

Mateljak, Ivan

175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases 266

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Mateo Barrientos, Marta

347 Detección y seroprevalencia de leptospira spp. en colonias felinas de la comunidas de madrid 393

415 Infecciones parasitarias en animales en cautividad: prevención y bienestar animal. 406

Mateos Delgado, Luis Mariano

121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones. 257

Mateos, Luis Mariano

41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus 352

Mateos, Guillermo

112 Oxidación anaerobia de hierro en el subsuelo de la faja pirítica ibérica 254

Mateos, Luis Mariano

154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes 362

178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi..... 365

Mateos, Pedro F.

377 Heterogeneidad de los taxones bacterianos durante el proceso de curación del jamón ibérico en distintas localizaciones de Castilla Y León..... 174

524 Creación de contenido interactivo para facilitar el aprendizaje de conceptos y técnicas complejas..... 324

527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas 327

540 Presentaciones interactivas y minivideos en redes sociales para motivar 407

538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia 335

Matilla Serrano, Antonio

160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rrna amplicon-metagenómica 124

539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición 336

158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal humana y su potencial enzimático 498

Matilla, Miguel A.

183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium 159

Mattei, Luca

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

Mauricio, Juan Carlos

541 Tiktok como aliado para motivar la divulgación de la microbiología por estudiantes universitarios 136

Mavridou, Despoina A.I.

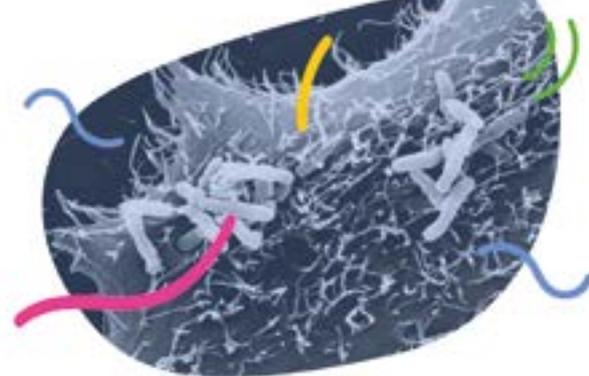
109The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon 154



Maya Cerro, Cesar	
252 Supervivencia patógenos alimentarios sobre superficies de acero inoxidable: evaluación de la eficacia de un recubrimiento superficial antibacteriano	424
Mayo Pérez, Baltasar	
63 Epicoccum sp. como agente causal de manchas marrón-rojizas en la superficie de un queso duro de leche cruda de oveja	415
Maza Márquez, Paula	
521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia	321
Mazel, Didier	
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria synechococcus elongatus PCC7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
Mccarthy, Ronan R.	
166 The artificial sweetener acesulfame-k inhibits growth of multidrug resistant acinetobacter baumannii and potentiates carbapenem activity	84
Meca, Giuseppe	
365 Actividad antifúngica de productos bioactivos basados en bacterias ácido lácticas frente a candida auris	345
Medema, Marnix	
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife	92
Medina Castillo, Antonio Luis	
262 Desarrollo de biohidrogeles con stenotrophomonas. bentonitica, método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular.	195
Medina Méndez, Juan Manuel	
307 Transferencia de genes de resistencia a antibióticos mediante plásmidos conjugativos marinos	482
Medina Rosales, Juan Antonio	
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
Medina, Juan Manuel	
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria synechococcus elongatus pcc7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de synechococcus elongatus pcc7942	287
Medina-Armijo, Cristy	
330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro	130
Megía López, Juan Antonio	
514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos	315
Megías Vázquez, Diego	
355 Caracterización de cepas de candida parapsilosis resistente a azoles causante de brotes en hospitales de España durante la pandemia COVID-19	394
Megías, Clara	
280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos	87

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Megías, Diego

402 El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de *Cryptococcus neoformans* reduciendo los radicales libres endógenos 103

Meier-Kolthoff, Jan P.

81 Biotechnological potential of *Blastococcus* (actinobacteria) in arid agro-ecosystems 177

Meijer, Bert

145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a *Streptococcus pneumoniae* 260

Melero Gil, Beatriz

322 Actividad antimicrobiana de extractos de hojas de guayaduca (*Piper carpubaya*) 430

389 Distribution of the motility phenotype in *Campylobacter jejuni* along the phylogeny 401

392 Swarming motility of *Campylobacter jejuni* with different origins 402

118 Molecular mechanisms of *Campylobacter jejuni* against harsh environmental conditions 301

Melero, Mercedes

260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de *Candida auris* en la comunidad Valenciana 276

Melguizo, Clara

337 Incidencia de hongos productores de micotoxinas en uvas ecológicas 431

Mellado, Emilia

329 Mycospitalomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas 101

Melo, Luís D.R.

67 Endolysin display activity of recombinant yeast against *Listeria monocytogenes* peptidoglycan. 355

Membrillo Solbes, Pilar

213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la COVID-19 en la resistencia antibiótica en *Streptococcus pneumoniae* 369

253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en España 374

351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la COVID-19 en España 90

218 Diferencias en patogenicidad entre secuenciotipos del serotipo 3 de *Streptococcus pneumoniae* en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva 371

Mena Ordóñez, Laura

530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas 329

Mencía Caballero, Mario

43 Acid digestion and symbiont: proton sharing at the origin of mitochondria? 492

Mencía, Mario

46 Generation of an extensive library of mutants of *Thermus thermophilus* and preliminary TN-seq analysis of genes affecting transformation efficiency 244

110 Relevance of the different homologous recombination repair pathways acting under high temperatures in *Thermus thermophilus* 252

Mendaña, Alfonso

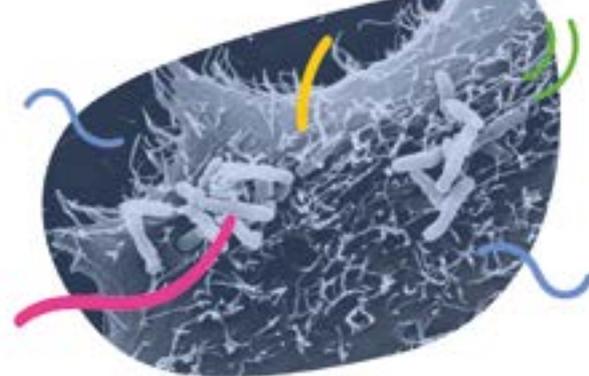
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria *Synechococcus elongatus* PCC7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa 286



358 Efecto de variaciones en la intensidad lumínica en el ciclo circadiano de <i>synechococcus elongatus</i> pcc7942	287
Méndez Liter, Juan A	
90 α -L-Arabinofuranosidasas fúngicas para mejorar la producción de xilooligosacáridos y monosacáridos a partir de arabinoxilano	212
91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica.....	143
Méndez, Javier	
170 Estudio del potencial de los microplásticos como portadores de <i>e. coli</i> en agua de mar	113
Menéndez Ramos, Miguel	
362 La presencia de acil-homoserina lactonas reduce la citotoxicidad ejercida por dos antimicrobianos sobre una microalga	118
Menéndez, Esther	
217 Diversidad microbiana de desierto: un potencial a explorar	179
349 Explorando el género <i>lentzea</i> como potencial probiótico de plantas: mecanismos de resiliencia y producción de metabolitos con acción antimicrobiana.	108
377 Heterogeneidad de los taxones bacterianos durante el proceso de curación del jamón ibérico en distintas localizaciones de Castilla y León	174
423 Potencial de la cepa bacteriana <i>pseudomonas</i> sp. cdvbn10 como bioinoculante agrícola de amplio espectro	465
524 Creación de contenido interactivo para facilitar el aprendizaje de conceptos y técnicas complejas	324
538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia	335
540 Presentaciones interactivas y minivideos en redes sociales para motivar	407
Menguiano Vázquez, Tamara	
319 Caracterización de la actividad de las atpasas conjugativas en el sistema de secreción tipo iv del plásmido R388	235
Mercado Blanco, Jesús	
32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo	438
184 Soil o-live: monitorizando la salud del suelo del olivar mediterráneo.	447
Merino Almalé, Natalia	
428 Caracterización genotípica de cepas de <i>escherichia coli</i> mg1655 y <i>salmonella typhimurium</i> lt2 resistentes a antibióticos	299
429 Aumento de resistencia al calor en poblaciones de <i>listeria monocytogenes</i> tras ensayos de evolución dirigida	175
Merlos, Alexandra	
288 Antimicrobial activity of (wr)3f, a novel synthetic cationic peptide	384
Merroun, Mohamed	
133 Characterization of soil and rhizosphere microbial diversity of a wetland impacted by a former uranium mine in France	496
Merroun, Mohamed Larbi	
262 Desarrollo de biohidrogeles con <i>stenotrophomonas bentonitica</i> , método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular.	195

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



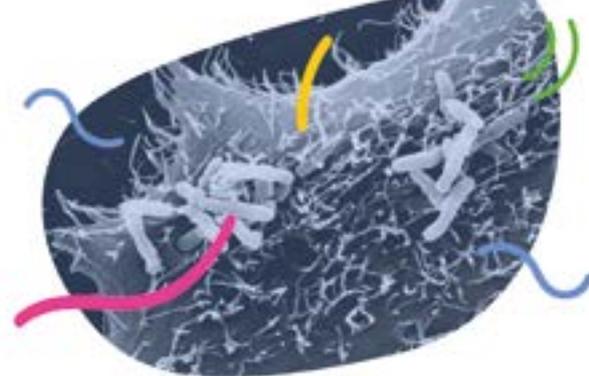
296 Multidisciplinary characterization of the antimicrobial activity of selenium nanoparticles produced by different subcellular fractions of <i>Stenotrophomonas bentonitica</i> BII-R7.	197
Mesa Galán, Antonio	
334 El moviloma de cianobacterias	285
Meyer García, María Del Carmen	
367 Respuesta humoral y celular contra el SARS-CoV-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo.	290
Micó, Miguel	
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein Pir1 in <i>Candida albicans</i> is facilitated by two or more Pir repeat units	339
Minogue, Cora	
316 Efecto inmunomodulador de <i>Akkermansia muciniphila</i> y su potencial aplicación como probiótico	234
Mira Obrador, Alex	
18 La dermicidina humana (dcd), un péptido inmunitario contra la gripe	78
53 Desarrollo de un modelo in vitro para el estudio de biofilms en tiempo real: potenciales aplicaciones y validación clínica	81
157 Estudio ex vivo del efecto de diferentes colutorios sobre el biofilm oral	261
Mira Taborda, Yerly Dayana	
54 Bioprospección de hongos fitopatógenos para el biocontrol de la mala hierba <i>Ipomoea hederifolia</i> L.	440
Mira, Alex	
49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication ..	353
52 Del cultivo puro a las comunidades microbianas complejas: el caso de la periodontitis y el cáncer colorrectal	354
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	366
228 Péptidos antimicrobianos de <i>Streptococcus dentisani</i> : dentisinas.	161
312 Estudio de la microbiota nasofaríngea asociada a salud y a enfermedad en procesos respiratorios vinculados a infección por <i>Streptococcus pneumoniae</i>	388
Miranda Cadena, Katherine	
120 Studies and functional characterization of putative Iff adhesins in the cell wall of <i>Candida auris</i>	97
Miranda, Luis	
202 Uso de metabarcoding para comparación de técnicas de desinfección de suelo	502
Mitter, Neena	
363 Using inorganic and organic nanotechnology in spray-induced gene silencing (SIGS) provides a steady RNAi effect against fungal diseases.	458
Mixao, Verónica	
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein Pir1 in <i>Candida albicans</i> is facilitated by two or more Pir repeat units	339
Molina Cobos, María Del Carmen	
27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue lupin.	436



Molina Guijarro, José Manuel	
537 ¿Hacer un pódcast para aprender microbiología?	334
Molina Martín, María	
381 Hacia un modelo de levadura para el estudio del inflammasoma. expresión en saccharomyces cerevisiae de receptores de tipo nod humanos	347
Molina Rodríguez, Felipe Roberto	
306 Principales agentes causantes de la mastitis caprina: análisis en leche de tanque y animales individuales	429
Molina, Rocío D. I.	
236 Comparación de la capacidad de bacterias marinas del género alcanivorax para degradar polietileno	194
267 Acelerando la degradación de plásticos.....	49
Molpeceres García, Gonzalo	
100 Reconstrucción ancestral y evolución dirigida asistida por aprendizaje automático de enzimas	213
Molpeceres García, Francisco Javier	
131 Comamonas testosteroni como chasis sintético para el reciclado enzimático del pet	146
82 Identificación de las enzimas degradadoras de di-n-butil ftalato en paenarthrobacter sp. shss	210
Monte, Enrique	
163 Analysis of tomato mirnas provides novel insights into the trichoderma atroviride-plant interaction.....	444
Montellà Manuel, Sandra	
324 Aft1 nuclear localization and transcriptional response to iron starvation rely upon torc2/ypk1 Signaling and sphingolipid biosynthesis	100
Monteoliva Sánchez, Mercedes	
158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal humana y su potencial enzimático	498
160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rna amplicon-metagenómica	124
539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición.....	336
Montero Calasanz, María Del Carmen	
81 Biotechnological potential of blastococcus (actinobacteria) in arid agro-ecosystems	177
525 La importancia y aplicabilidad de las lenguas clásicas en la asignación de los nombres científicos. un caso práctico.	325
Montes Bayón, María	
51 The SCO1897 transcriptional regulator modulates streptomyces coelicolor phosphorous homeostasis and secondary metabolism	140
Monzón, Ana	
265 Uso de bacterias halotolerantes con actividad pgp y quorum quenching para combatir estrés abiótico y biótico en plantas	452
Mora Gutiérrez, Azucena	
386 La producción de señales quorum sensing y su efecto sobre biofilm y motilidad replantea el conocimiento actual en k. pneumoniae.	400

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Morais, Daniel	
129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane	104
Moraleja, Cristina	
380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a staphylococcus aureus resistente a meticilina de punta de cateter	398
Morales Cortés, Sara	
350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico	485
Morales Luís, Michael	
415 Infecciones parasitarias en animales en cautividad: prevención y bienestar animal.	406
Morán Cacho, Ramiro	
529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación	328
Morán Pérez, Jose Alejandro	
174 Harinas de arroz y mijo como fuentes de cultivos iniciadores con potencial para mejorar la panificación sin gluten.	419
Morán-Diez, María Eugenia	
163 Analysis of tomato mirnas provides novel insights into the trichoderma atroviride-plant interaction.	444
Moreno Amatria, Esther	
159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war	364
Moreno Galván, Andrés Eduardo	
24 Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal mejoran el rendimiento en maíz bajo condiciones de déficit hídrico en el caribe seco colombiano	435
Moreno Gómez, Diego A	
78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural	176
Moreno Martínez, Ana Esther	
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units	339
Moreno, Victoria	
253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa	374
Moreno, Patricia	
277 Evaluación de la respuesta inmune en doradas tras la administración de una vacuna inactivada frente a betanodavirus	480
Moreno-Cid, Juan A.	
336 Isolation of bacillus subtilis spores by tangential flow filtration using the bionet m1 system	238
Morillo Pérez, Jose Antonio	
193 Caracterización de bacterias potencialmente patógenas en fangos activos con secuenciación de tercera generación	477
Moro, Luis Carlos	
225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: Optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos	423



Morón García, Álvaro

124 El transcriptoma de burkholderia cenocepacia revela activación de factores de virulencia y respuestas a estrés en el fagosoma de protistas 155

125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia 258

Mosquera, Sandra

385 Spray-Induced Gene Silencing (SIGS) as an effective strategy to control pine pitch canker caused by fusarium circinatum 461

Mostajir, Behzad

422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo 122

Mougeot, François

44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León 80

Moura, Alexandra

98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk 417

99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs 359

Mourenza Flórez, Álvaro

121 Papel de las micorredoxinas frente al estrés oxidativo en rhodococcus fascians y posibles aplicaciones. 257

41 Identifying new combinatorial strategies for blocking the intracellular infection of staphylococcus aureus 352

154 Utilizing selected bacillus strains as a probiotic solution to combat gastrointestinal infections caused by listeria monocytogenes 362

178 Exploring the potencial of natural compounds in the treatment of rhodococcus equi 365

Moya Simarro, Andrés

281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses 510

282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome 278

Moya, Celeste

534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional 333

Muela Garrido, Erica

181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral 420

Mugica, Maitane

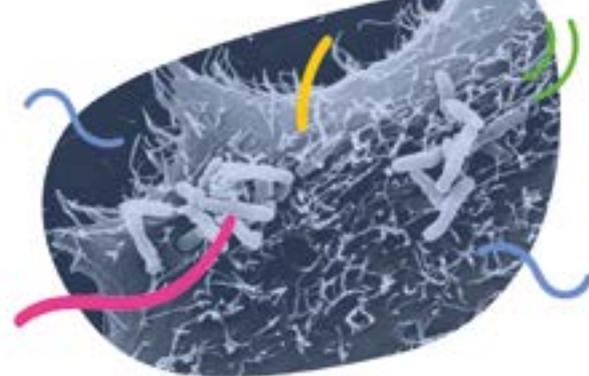
198 Enterococcus lactis en ganado bovino lechero: caracterización de genomas completos y comparación con 269

308 Enterococcus resistentes en granjas de ganado bovino de leche del país vasco: concentraciones mínimas inhibitorias y caracterización de genomas completos 280

313 Perfiles de resistencia en enterococcus de origen animal del País Vasco..... 281

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Mulet Pol, Magdalena

- 85 Índices filogenómicos en la diferenciación de especies y subespecies en el subgrupo de *pseudomonas chlororaphis* 494
- 216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por *xylella fastidiosa* 503
- 232 Diversidad de *pseudomonas* endófitas mediante técnicas dependientes de cultivo en almendros infectados con *xylella fastidiosa* 504

Mulet, Juan Vicente

- 260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de *candida auris* en la comunidad valenciana 276

Munar Palmer, Martí

- 231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas 451

Muniesa, Maite

- 119 Identification and characterization of conjugative plasmid-dependent bacteriophages 256
- 350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico 485

Muñoz Almagro, Carmen

- 312 Estudio de la microbiota nasofaríngea asociada a salud y a enfermedad en procesos respiratorios vinculados a infección por *streptococcus pneumoniae* 388

Muñoz Cazalla, Ada

- 21 Beta-Lactamase expression triggers collateral sensitivity to azithromycin and colistin 149

Muñoz Palazón, Bárbara

- 510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria..... 311

Muñoz-Mira, Salvador

- 183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium 159

Murguía, Jose Ramon

- 49 Self-Propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication .. 353

Murguiondo Delgado, Carlos

- 240 Estereoespecificidad y eficiencia de lipasas, cutinasas y proteasas en la despolimerización del ácido poliláctico 225

Murillo Torres, Marina

- 109 The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon 154

Muro Pastor, Alicia María

- 70 Implicaciones reguladoras de la transcripción antisentido en cianobacterias 247

Muruzabal Galarza, Ane

- 208 Un nueva mini-proteína induce la formación de agregados proteicos que insolubilizan las lipasas extracelulares de *staphylococcus aureus* 272

Nadal Molero, Francisco

- 407 MITES: una nueva conexión virus-procariota 514



Nakagami, Hirofumi

97 Vesículas extracelulares de botrytis cinerea: primera caracterización de su proteoma y su papel en el proceso de infección 95

Narros Sierra, Adolfo

78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural 176

Natera, Michael

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

Navarro Blasco, Íñigo

159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war 364

Navarro Carruesco, José A

404 Caracterización del sistema de regulación petr/p en cianobacterias 295

408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias 296

Navarro Gómez, Pilar

326 Deciphering the mechanisms of naproxen biodegradation by microbial consortia 198

Navarro Rocha, Juliana

410 Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes streptococcus suis y neisseria gonorrhoeae 404

Navarro Sempere, Pablo

285 Microbioma pulmonar y medioambiente 344

Navarro, Milagros

225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos 423

Navarro, María Azahara

333 Microorganismos aerotransportados en polvo sahariano y depositados en lluvia de barro 484

344 Microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano en Canarias 512

Navarro, Alfonso

516 Innovación docente en microbiología en la universitat de València 317

Navarro-Torre, Salvadora

94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de limonium algarvense en suelos salinos. 442

Navas, Francisco Javier

209 Botrytis Cinerea Bioactive Peptides And Its Role During Infective Process 160

Navasa Mayo, Nicolás

42 Study of microbiota derived from gluten metabolism in the human gut: a community-based global approach 491

Navascués López-Cordón, Eva

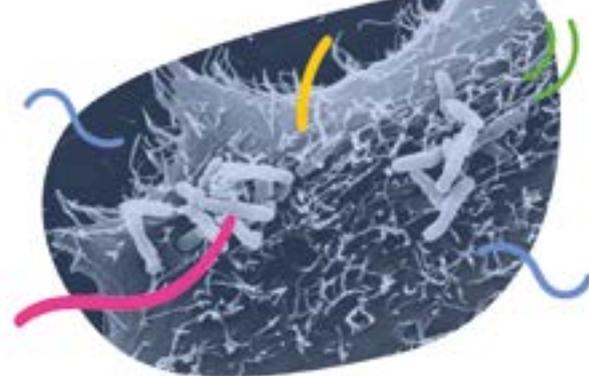
33 Técnica de genotipado para lachancea thermotolerans, una herramienta para el control biológico de la acidez en vinos 337

Neyra, Daniel

414 Description of toxin-antitoxin systems in anabaena sp. pcc 7120 analyzing their role as addiction modules 165

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Nieto Dominguez, Manuel

90 α -L-Arabinofuranosidasas fúngicas para mejorar la producción de xilooligosacáridos y monosacáridos a partir de arabinoxilano 212

Nieto Gutiérrez, Joaquín José

311 Búsqueda de nuevos sideróforos de interés industrial producidos por bacterias halófilas moderadas combinando screening in silico e in vivo 233

323 Efecto del medio de cultivo y de la salinidad en la producción de biosurfactantes por bacterias halófilas moderadas 237

299 Sistemas de señalización implicados en la detección de estrés oxidativo y hierro en la bacteria halófila chromohalobacter salexigens 279

300 Integración de datos multiómicos para el análisis de la adaptación metabólica de la bacteria extremófila chromohalobacter salexigens 231

Niño Sánchez, Jonatan

363 Using inorganic and organic nanotechnology in spray-induced gene silencing (sigs) provides a steady rna effect against fungal diseases. 458

Nogales, Amaia

94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de limonium algarvense en suelos salinos. 442

Nogales, Balbina

128 Mechanistic understanding of recalcitrant plastic biodegradation 123

136 Metabolic focus on plastic degradation; polypropylene assimilation by a rhodococcus and a stenotrophomonas strain. 189

235 An optimised method for screening polyester-degrading microorganisms 193

236 Comparación de la capacidad de bacterias marinas del género para degradar polietileno 194

245 Bacterias marinas que colonizan plásticos sumergidos: aproximación multifactorial para el aislamiento de potenciales degradadores. 129

267 Acelerando la degradación de plásticos 49

274 Plastic-degrading potential of a collection of marine bacteria 196

Noguerol, Joan

330 Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del Ebro 130

Nunja Huamán, Paola

298 Actividad antibacteriana de saponinas aisladas de los tejidos de patallus mollis selenka, 1868 (cucumariidae) pepino de mar - estudio preliminar 481

353 Efecto antagónico de trichoderma sp. aislado de rizosfera de pitahaya frente a alternaria sp. , sclerotinia sp. y botrytis sp. 456

Núñez Hernández, Andrés

78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural 176.....

Núñez, Encarnación

93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas 358

Obrador-Viel, Theo

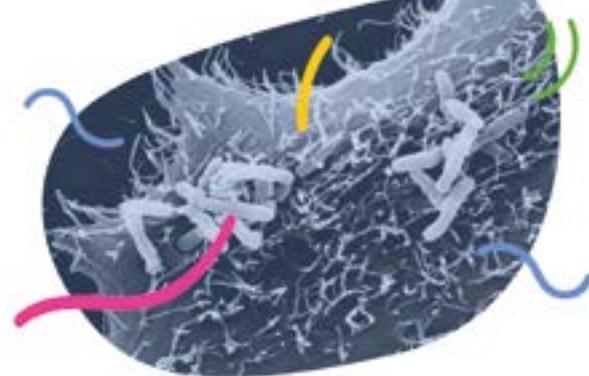
128 Mechanistic understanding of recalcitrant plastic biodegradation 123



136 Metabolic focus on plastic degradation; polypropylene assimilation by a rhodococcus and a stenotrophomonas strain.	189
236 Comparación de la capacidad de bacterias marinas del género para degradar polietileno	194
245 Bacterias marinas que colonizan plásticos sumergidos: aproximación multifactorial para el aislamiento de potenciales degradadores.	129
267 acelerando la degradación de plásticos	49
274 Plastic-degrading potential of a collection of marine bacteria	196
Ocejo, Medelin	
198 Enterococcus lactis en ganado bovino lechero: caracterización de genomas completos y comparación con enterococcus faecium	269
308 Enterococcus resistentes en granjas de ganado bovino de leche del país vasco: concentraciones mínimas inhibitorias y caracterización de genomas completos	280
313 Perfiles de resistencia en enterococcus de origen animal del País Vasco	281
Ogayar Sandoval, Elixabet	
72 Efecto de la temperatura y la radiación visible en la supervivencia de vibrio spp. en condiciones de escasez de nutrientes	467
Ojeda, Francisco Manuel	
161 Mobile integrons contain phage defence cassettes.....	262
Olarte Carmen	
93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas	358
Olesen, Asmus Kalckar	
280 La Microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos	381
Oliveira, Marcia	
191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua	476
Olivera, Elías R.	
515 Identificación microbiana mediante espectrometría de masas tipo MALDI-Biotyper llevada a la práctica en asignaturas de Grado en Biotecnología	316
Olmeda García, Sonia A.	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
Olmo, Rocío	
163 Analysis of tomato mirnas provides novel insights into the trichoderma atroviride-plant interaction.	444
543 Educational needs in the food systems microbiome	138
Omil Prieto, Francisco	
95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos	468
Oporto, Beatriz	
198 Enterococcus lactis en ganado bovino lechero: caracterización de genomas completos y comparación con enterococcus faecium	269
308 Enterococcus resistentes en granjas de ganado bovino de leche del país vasco: concentraciones mínimas inhibitorias y caracterización de genomas completos	280

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



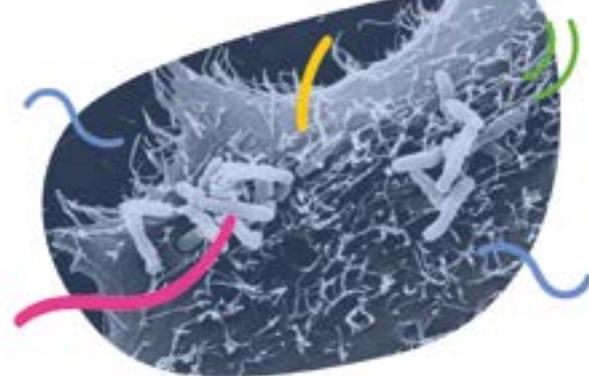
313	Perfiles de resistencia en enterococcus de origen animal del País Vasco	281
	<i>Ordóñez, Ruth</i>	
336	Isolation of bacillus subtilis spores by tangential flow filtration using the bionet m1 system	238
	<i>Ordóñez-Jiménez, Paula</i>	
267	Acelerando la degradación de plásticos	49
	<i>Orellana Muñoz, Sara</i>	
115	Caracterización de linajes de levadura y su potencial fenotípico para su uso en la industria de los alimentos	144
	<i>Orellana Muñoz, Sara</i>	
123	Generating a large collection of saccharomyces polyploids to study their adaptation to food-related industrial conditions	215
	<i>Oren, Aharon</i>	
268	Sesgo de género en los nombres de procariotas que honran a personas	508
525	La importancia y aplicabilidad de las lenguas clásicas en la asignación de los nombres científicos. un caso práctico.	325
	<i>Orero, Marta</i>	
352	Aislamiento y caracterización de nuevos bacteriófagos líticos para el control biológico de enfermedades causadas por xanthomonas spp. en diversos huéspedes	455
	<i>Orphan, Victoria J.</i>	
422	Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo	122
	<i>Orruño Beltrán, Maite</i>	
45	Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos	413
72	Efecto de la temperatura y la radiación visible en la supervivencia de vibrio spp. en condiciones de escasez de nutrientes	467
517	Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/eu. perspectiva desde la microbiología	318
	<i>Ortega Morente, Elena</i>	
11	Estudio de la actividad sinérgica de derivados de salicilaldehído y biocidas para el control de microorganismos patógenos alimentarios.....	410
12	Actividad antimicrobiana de derivados de salicilaldehído en combinación con conservantes alimentarios frente a microorganismos patógenos en alimentos.	411
530	Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.	329
	<i>Ortega Rodríguez, José María</i>	
404	Caracterización del sistema de regulación petr/p en cianobacterias	295
408	Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias	296
	<i>Ortega Sanz, Irene</i>	
118	Molecular mechanisms of campylobacter jejuni against harsh environmental conditions	255
389	Distribution of the motility phenotype in campylobacter jejuni along the phylogeny	401
392	Swarming motility of campylobacter jejuni with different origins	402



Ortega, Alba Cristina	
59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons	246
Ortigosa, Margarita	
513 Enseñanza activa y biusqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val)	314
Ortiz Jareño, Sagrario	
252 Supervivencia patógenos alimentarios sobre superficies de acero inoxidable: evaluación de la eficacia de un recubrimiento superficial antibacteriano	424
Ortiz Millán, Gabriela	
399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae	403
Ortiz Miravalles, Laura	
167 Influencia del entorno genético en el estudio de las dinámicas evolutivas de cassettes de integrón	264
Ortiz Pérez, Yelina	
119 Identification and characterization of conjugative plasmid-dependent bacteriophages	256
Ortiz, Pilar	
158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal humana y su potencial enzimático	498
160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rna amplicon-metagenómica	124
539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición	336
Ortiz-De-Solórzano, Carlos	
151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling	83
Ortíz Reboloso, Marta	
384 Evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana de la combinación ácido 4-fenilbutírico y un compuesto dendrítico frente a staphylococcus aureus	399
Ortiz-Miravalles, Laura	
195 La membrana de streptococcus pneumoniae como diana para el reposicionamiento de fármacos	268
Ortúzar, Maite	
223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular	105
Ortúzar, Maite	
248 Aislamiento del bacterioma cultivable de lupinus angustifolius	181
Osset Trénor, Paloma Pilar	
376 Ensayos de inhibición in situ de beta-lactamasas recombinantes.	292
Otero Casal, Ana María	
386 La producción de señales quorum sensing y su efecto sobre biofilm y motilidad replantea el conocimiento actual en k. pneumoniae.	400

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Otero, Jennifer

111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms 253

Oves Costales, Daniel

284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales 229

Oves-Costales, Daniel

134 Identification of the kribbellichelins a & b and sandramycin biosynthetic gene clusters in the genome of kribbella Sp. CA-293567 217

Oviedo Moya, María

407 MITES: una nueva conexión virus-procariota 514

P. Roji, Isabel

421 Un gen que codifica una proteína de pared celular con anclaje a gpi, una nueva oportunidad para controlar podosphaera xanthii. 464

P. Gorjón, Sergio

425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo 466

Pacheco Domínguez, Pablo

291 Determinación, en escherichia coli resistente a colistina, del efecto antimicrobiano de compuestos alternativos a los antibióticos en nutrición para ganado. 385

Pacheco Sánchez, Daniel

320 Producción de celulosa por starkeya sp.: caracterización del polímero y análisis de mutantes sobreproductores 282

Pacheco, Pablo

287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos salmonella y campylobacter 383

309 Identificación y análisis molecular de escherichia coli con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico 387

Pagán Albertos, Elisa

428 Caracterización genotípica de cepas de escherichia coli mg1655 y salmonella typhimurium lt2 resistentes a antibióticos 299

Pagán Tomás, Rafael

428 Caracterización genotípica de cepas de escherichia coli mg1655 y salmonella typhimurium lt2 resistentes a antibióticos 299

Pagán, Elisa

429 Aumento de resistencia al calor en poblaciones de listeria monocytogenes tras ensayos de evolución dirigida 175

Pagán, Rafael

429 Aumento de resistencia al calor en poblaciones de listeria monocytogenes tras ensayos de Evolución dirigida 175

Palacio, Antonio S

394 Physiological and transcriptional response of the marine strain synechococcus sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 120

Palacios Gorba, Carla

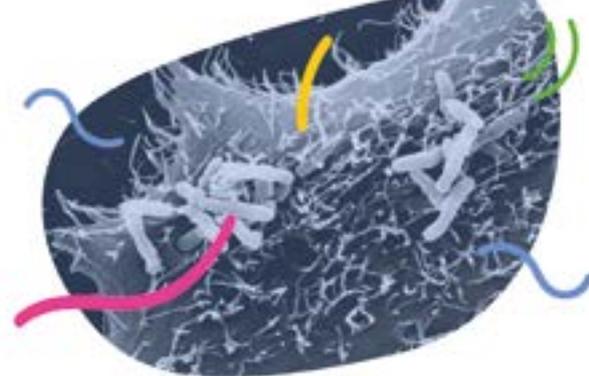
98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in UHT Milk 417



99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs.....	359
Palma, Francisco	
265 Uso de bacterias halotolerantes con actividad pgp y quorum quenching para combatir estrés abiótico y biótico en plantas	452
266 La sinergia de bacterias halotolerantes junto al exopolisacárido maurano mitiga el estrés salino en plantas mediante la acumulación de osmoprotectores	453
Palmans, Anja R.A.	
145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a streptococcus pneumoniae	260
Palomino Cano, Carmen	
159 Effect of iron oxide nanoparticles on the leishmania-macrophage tug-of-war	364
Palop Herreros, M ^a De Los Llanos	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
Parra, Antonio	
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
Párraga, Jesús	
333 Microorganismos aerotransportados en polvo sahariano y depositados en lluvia de barro	484
344 Microorganismos aislados de intrusiones de polvo sahariano en Canarias	512
Pascual Maté, Ana	
174 Harinas de arroz y mijo como fuentes de cultivos iniciadores con potencial para mejorar la panificación sin gluten.	419
Pascual Tomàs, Claudia	
312 Estudio de la microbiota nasofaríngea asociada a salud y a enfermedad en procesos respiratorios vinculados a infección por streptococcus pneumoniae.....	388
Pascual, Eva Cristina	
80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea	167
Pascual-Ahuir Giner, María Desamparados	
376 Ensayos de inhibición in situ de beta-lactamasas recombinantes.	292
Pastor Martín, María	
99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs	359
Pastor, Yadira	
316 Efecto inmunomodulador de akkermansia muciniphila y su potencial aplicación como probiótico	234
Patiño, Belén	
337 Incidencia de hongos productores de micotoxinas en uvas ecológicas	431
Paulino Carvalho, André	
64 The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
Paulson, Joseph	
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife	92
Pearman, Peter B.	
242 Análisis de la variabilidad intragenómica de genes ribosómicos para mejorar la diferenciación de especies de vibrio	180

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Peiró, Sara	
305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method.....	428
Peirotén Herrero, Ángela	
13 Bioactivación de los fitoestrógenos por la microbiota intestinal.....	412
Pellon, Aize	
283 El organismo, una inesperada autopista bacteriana.	382
Pemán García, Javier	
361 Evaluación de la actividad antifúngica (in vitro e in vivo) de extractos de plantas naturales frente a candida auris.	457
329 Mycospialomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas	101
Peña, Jorge	
309 Identificación y análisis molecular de escherichia coli con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico	101
Peñaranda Rolon, Andrea Maria	
7 Hongos formadores de micorrizas arbusculares (hfma) en la absorción nutricional de la caña de azúcar para la producción de panela.	433
Peñaranda, Iván	
315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes.	390
Peñas Pozo, Elena	
321 Microbiota innovadora para elaborar panes saludables con harinas de garbanzo	236
Peñil Celis, Arancha	
332 Sí sí no y si no sí uso de la movilidad plasmídica para implementar la negación lógica en biología sintética	284
393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293
Peral Aranega, Ezequiel	
372 Mejora de la productividad y calidad del grano de trigo duro mediante inoculantes de cepas de bacillus, azospirillum y/o rhizobium	459
523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología	323
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	327
538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia	335
Perea Muñoz, José Manuel	
348 La conexión entre los microorganismos ambientales y la producción de leche: un enfoque en las ganaderías de ovino lechero	XX
Pereira Calvo-Villamañán, Alicia	
103 Using CRISPRi to have an integrative understanding of plasmid-mediated antibiotic resistance	153
Pereira, Tania	
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	380



Perez Alonso, Daniel

310 Desarrollo de nuevo método más ecológico de aislamiento, purificación y concentración de virus en alimentos 172

Perez, Rebeca

394 Physiological and transcriptional response of the marine strain *synechococcus* sp. rs9907 to variations in temperature and salinity after long-term acclimation. 120

Pérez Alonso, Daniel

271 Evolución Anual (Octubre 2020-2021) De SARS-CoV-2 y norovirus en aguas residuales en el municipio de Valladolid 115

373 Análisis microbiológico de aguas residuales urbanas en burgos: caracterización y resistencia de bacterias patógenas causantes de enfermedades infecciosas y alimentarias 486

374 Evaluación de la sensibilidad de medios cromogénicos selectivos diferenciales para la identificación de bacterias patógenas en aguas 487

Pérez Brocal, Vicente

281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses 510

Pérez Cruz, Carla

391 Mecanismos moleculares y celulares de la degradación de carbono polimérico en alteromonas 119

Pérez García, Covadonga

213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la covid19 en la resistencia antibiótica en *streptococcus pneumoniae* 369

218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de *streptococcus pneumoniae* en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva 371

253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa 374

Pérez García, Alba

335 Nuevo recurso para divulgar micromundo, la resistencia a los antibióticos y la microbiología. ... 302

Pérez García, Alejandro

411 The combined strategies of *podosphaera xanthii* to suppress chitin-triggered immunity in cucurbits plants 112

421 Un gen que codifica una proteína de pared celular con anclaje a gpi, una nueva oportunidad para controlar *podosphaera xanthii*. 464

Pérez Luque, Antonio Jesús

38 Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo 91

Pérez Muelas, Eduardo

187 Proteínas implicadas en la reducción y biotransformación del se(vi) en la bacteria *stenotrophomonas bentonitica* bii-r7: estudios multidisciplinares 127

296 Multidisciplinary characterization of the antimicrobial activity of selenium nanoparticles produced by different subcellular fractions of *stenotrophomonas bentonitica* bii-r7. 197

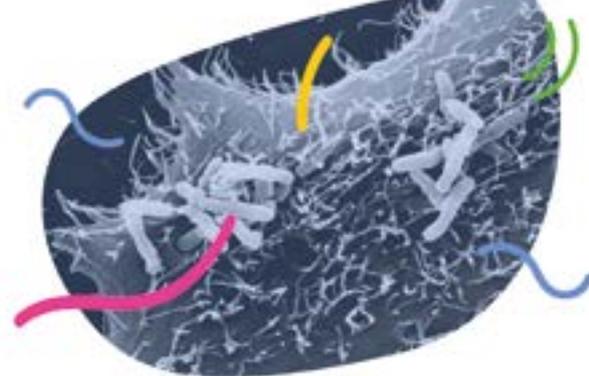
Pérez Nieto, Carmen

404 Caracterización del sistema de regulación *petr/p* en cianobacterias 295

408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias 296

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



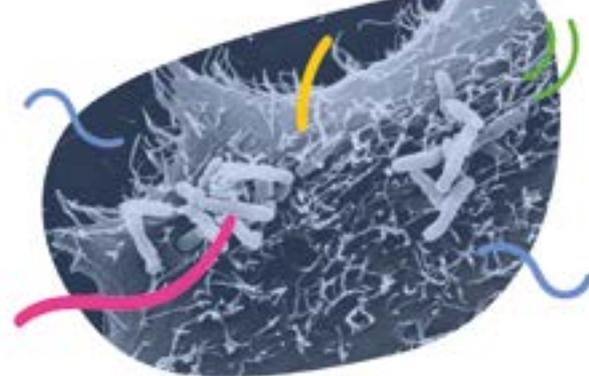
Pérez Peña, Leo	
514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos	315
Pérez Pulido, Rubén	
530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.....	329
Pérez Roig, Arnau	
116 Diseño de un sensor electroquímico para la detección de vibrio vulnificus	470
Pérez Royo, José Manuel	
361 Evaluación de la actividad antifúngica (in vitro e in vivo) de extractos de plantas naturales frente a candida auris.	457
Pérez Serrano, Jorge	
379 Actividad in vitro de compuestos dendríticos catiónicos frente a células planctónicas y formación de biopelículas de cepas de candida albicans.	346
Pérez Solsona, Ana	
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val).....	314
Pérez Varela, María	
399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae	403
544 El proyecto MicroMón@UAB en Catalunya, 5 años de ciencia ciudadana en las aulas de secundaria y bachillerato.	139
Pérez, María José	
327 Microbiota asociada a las balsas de tratamiento de carrocerías de automóviles	199
Pérez, José Manuel	
365 Actividad antifúngica de productos bioactivos basados en bacterias ácido lácticas frente a candida auris	345
Pérez, María José	
370 Ciencia en el cole: viendo lo invisible	303
409 Selección de una cepa silvestre de s. cerevisiae para la producción industrial de una cerveza de abadía.....	239
Pérez-Arnáiz, Patricia	
110 Relevance of the different homologous recombination repair pathways acting under high temperatures in thermus thermophilus	252
Pérez-Brocal, Vicente	
282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome	278
Pérez-García, Covadonga	
351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la COVID19 En España	90
Pérez-Gracia, M^a Teresa	
325 Si las bacterias evolucionan, nosotros también. swiceu: innovación y gamificación en la educación y difusión sobre las resistencias antimicrobianas.	132
331 Búsqueda de nuevos antibióticos mediante reposicionamiento de fármacos y machine learning. ensayo de la concentración mínima inhibitoria en escherichia coli	89
Perez-Guillen, Isabel	
258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de escherichia Coli MDR	376



289 Antimicrobial activity of the novel cationic peptide (rw)3F	88
288 Antimicrobial activity of (wr)3f, a novel synthetic cationic peptide	384
Pérez-Ortega, Sergio	
226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural	192
Pérez-Torrado, Roberto	
286 Análisis metabólico de levaduras hibridables con <i>saccharomyces cerevisiae</i> en la producción de cerveza	425
Peris Navarro, David	
123 Generating a large collection of <i>saccharomyces</i> polyploids to study their adaptation to food-related industrial conditions	215
115 Caracterización de linajes de levadura y su potencial fenotípico para su uso en la industria de los alimentos	144
329 Mycospitalomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas	101
Pernas Pleite, Carlos	
148 Acción sinérgica con distintos antibióticos de nanopartículas de plata sintetizadas a partir de una microalga ácido-tolerante.	219
318 Resistencia a antibióticos de microorganismos aislados de muestras de un glaciar antártico ...	483
Petrov, Ravil	
406 A novel natural sideromycin unveils a new strategy to design siderophore conjugates	164
Petukhova, Natalia V.	
183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium	159
Picardeau, Mathieu	
39 Breaking the rules: how would a sod-deficient pathogen adapt to host-related oxidative stress? ...	163
Picart Faiget, Pere	
8 Desarrollo de un método colorimétrico para la inserción simultánea de múltiples copias génicas en <i>bacillus subtilis</i> mediante CRISPR-CAS9.	202
275 Ingeniería metabólica de <i>bacillus subtilis</i> para la producción eficiente y estable de c30-carotenoides	228
153 Diversidad y funcionalidad procarióticas de muestras de biofilm-sedimento y columna de agua en la laguna la muerte, Monegros, España	474
Picos, Marta	
237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades	300
Pina Pérez, María Consuelo	
47 Potencial del plasma frío en la obtención de péptidos bioactivos a partir del procesado de <i>arthrospira platensis</i> (spirulina)	414
Pineda-Lucena, Antonio	
215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes	370
Pintado, Adrian	
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife	92

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Pintado, Cristina	
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
Pinto, Federica	
179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
Pintor-Cora, Alberto	
207 Enterobacter cloacae complex resistentes a colistina en vegetales frescos y su entorno de producción	170
Piqué, Nuria	
305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method	428
Píriz, Jose L.	
287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos salmonella y campylobacter	383
Pla Alonso, Jesús	
259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por candida albicans	377
113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por SARS-CoV-2.	341
147 La adhesina als9 de *candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón	342
Polo Montero, David	
95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos	468
238 Detección y cuantificación de virus entéricos en aguas residuales mediante rt-pcr en tiempo real durante la pandemia de COVID-19	479
Pons, Javier	
80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea	167
219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes.	86
Porta Banderas, Sonia	
155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats	418
181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral	420
Poza, Margarita	
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de colon.	85
Pozo Gualda, Tamara	
203 Hueso como bioadsorbente para la eliminación de bacterias	128



Pozo Rodríguez, Ana

91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica. 143

Prabhakaran, Sambasivan

363 Using inorganic and organic nanotechnology in spray-induced gene silencing (sigs) provides a steady RNAi effect against fungal diseases. 458

Prieto Gómez, Isabel

301 Resistencia a antibióticos en enterococos intestinales aislados de heces de ratones alimentados con diferentes dietas altas en grasa. 427

Prieto González, Verónica

509 Aprendizaje-servicio universitario para la promoción de la salud en colectivos vulnerables en Madrid: colaborando con mujeres del centro Diaconía Madrid. 310

Prieto Nieto, Amalia

168 Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de *Vibrio cholerae*. 265

Prieto Orzanco, Alicia María

83 Técnicas basadas en la fluorescencia para el análisis de consorcios microbianos complejos 211

90 α -L-Arabinofuranosidasas fúngicas para mejorar la producción de xilooligosacáridos y monosacáridos a partir de arabinoxilano 212

240 Estereoespecificidad y eficiencia de lipasas, cutinasas y proteasas en la despolimerización del ácido poliláctico 225

Prieto Prieto, Daniel

259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por *Candida albicans*. 377

Prieto, Alicia

57 Insight on the cellular signaling mechanisms in *Yarrowia lipolytica* strains 206

82 Identificación de las enzimas degradadoras de di-n-butyl ftalato en *Paenarthrobacter* Sp. Shss. 210

91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica. 143

101 Análisis transcriptómico de un consorcio mixto hongo-bacteria para la valorización de un residuo lignocelulósico 214

Prieto, Daniel

113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por SARS-CoV-2. 341

Prieto, Alicia

131 *Comamonas testosteroni* como chasis sintético para el reciclado enzimático del PET 146

Prieto, Daniel

147 La adhesina Als9 de *Candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón 342

Prior Blanco, Alicia

185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva. 421

Proctor, Chris R.

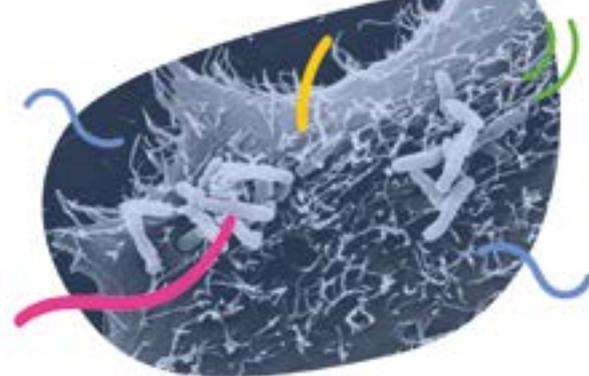
166 The artificial sweetener acesulfame-K inhibits growth of multidrug resistant *Acinetobacter baumannii* and potentiates carbapenem activity 84

Pucciarelli, María Graciela

98 Proteomic characterization of *Listeria monocytogenes* grown in UHT milk 417

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Puchades-Carrasco, Leonor

215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes 370

Puentes Motos, Javier

212 Visualización y detección de las partículas de sars-cov-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19 368

Puente-Sánchez, Fernando

142 Diversidad procariota (in)dependiente de cultivo en suelos hipersalinos de las marismas del odiel 178

Puerta Rodriguez, Marina

400 Diseminación de bacterias resistentes a antibióticos en aguas residuales de castellón: análisis y preservación de muestras 490

Puglla Suqui, Yuri

371 L-Captopril como inhibidor de metalo-beta-lactamasas: estrategia de restauracion de la actividad de carbapenemicos y de reposicionamiento de farmacos 397

Puig, Sergi

115 Caracterización de linajes de levadura y su potencial fenotípico para su uso en la industria de los alimentos 144

Pujalte, María Jesús

254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de blanés..... 507

Pujalte, María Jesús

273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanés 509

Pujol Carrión, Nuria

324 Aft1 Nuclear localization and transcriptional response to iron starvation rely upon torc2/ypk1 signaling and sphingolipid biosynthesis 100

Pulido, Verónica

110 Relevance of the different homologous recombination repair pathways acting under high temperatures in thermus thermophilus 252

Qi, Li

129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane 104

Qiao, Lulu

363 Using inorganic and organic nanotechnology in spray-induced gene silencing (sigs) provides a steady rnai effect against fungal diseases. 458

Quereda Torres, Juan José

98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk 417

99 Dairy ruminants as carriers of pathogenic listeria spp. in feces and organs 359

Querido-Ferreira, Ania Pino

250 Caracterización molecular (WGS) de aislados de listeria monocytogenes del ambiente de procesado de una planta de vegetales congelados 171

Querol, Amparo

115 Caracterización de linajes de levadura y su potencial fenotípico para su uso en la industria de los alimentos 144



Quesada Molina, Alberto

291 Determinación, en *Escherichia coli* resistente a colistina, del efecto antimicrobiano de compuestos alternativos a los antibióticos en nutrición para ganado. 385

314 Resistencia frente a los antibióticos en aislados de *Escherichia coli* procedentes de perros 389

287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos *Salmonella* y *Campylobacter* 383

309 Identificación y análisis molecular de *Escherichia coli* con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico..... 387

Quetglas-Llobera, Sergi

267 Acelerando la degradación de plásticos 49

Quijano, M. Ángeles

176 El arsenoma de *Aromatoleum* sp. cib y sus aplicaciones biotecnológicas 126

Quintana Berlanga, Álvaro Rafael

348 La conexión entre los microorganismos ambientales y la producción de leche: un enfoque en las ganaderías de ovino lechero XX

Quintano Erraiz, Endika

45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos 413

Quiñonero Coronel, María Del Mar

328 Explorando la diversidad de sistemas de secreción tipo VI en plásmidos: generación de un catálogo genómico 283

Quirant, Anna

215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes 370

219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes. 86

R. Arahál, David

254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de Blanes 507

268 Sesgo de género en los nombres de procariontes que honran a personas..... 508

R. Osorio, Carlos

387 Est80, enzima hidrolítica de Tween-80 en el patógeno marino *Photobacterium damsela* subsp. *damsela*: propuesta de una nueva familia de esterases 488

R. Osorio, Carlos

388 Impacto del lipopolisacárido en la virulencia y la resistencia a péptidos antimicrobianos en el patógeno marino *Photobacterium damsela* subsp. *damsela* 489

Raaijmakers, Jos

419 Learning from nature: halophyte microbiomes to cope with salt stress in plants 463

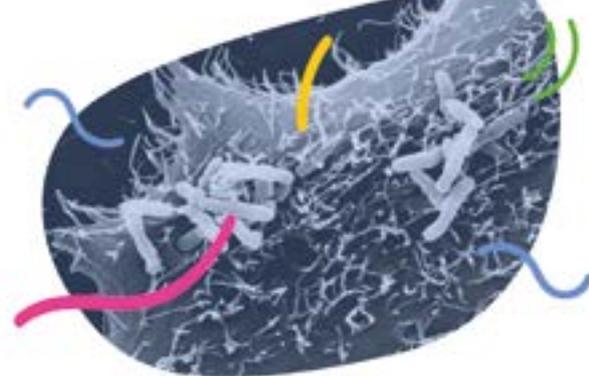
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using MicroLife 92

Rabanal, Francesc

205 Actividad sinérgica de nuevos péptidos cíclicos análogos de polimixina y su mecanismo de acción sobre membranas 367

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



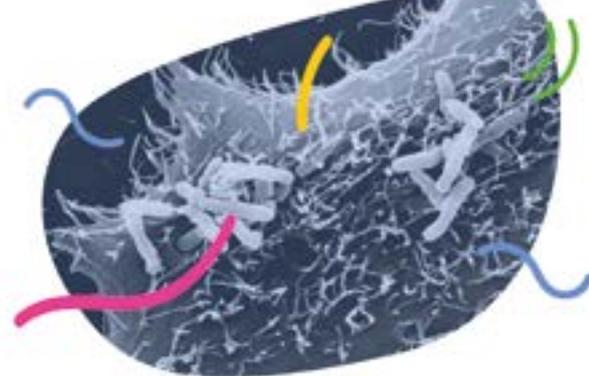
Rad, Carlos	
225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos	423
Raho, Nicolás	
231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas	451
Ramírez, Luciano	
7 Hongos formadores de micorrizas arbusculares (hfma) en la absorción nutricional de la caña de azúcar para la producción de panela.	433
Ramírez Gomez, María Margarita	
7 Hongos formadores de micorrizas arbusculares (hfma) en la absorción nutricional de la caña de azúcar para la producción de panela.	433
Ramírez Galleymore, Paula	
513 Enseñanza activa y biusqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val)	314
Ramírez Hernández, Manuel	
188 Caracterización de levaduras no-saccharomyces para la elaboración de cerveza artesana.....	169
Ramírez Sáenz, Diana	
221 Sistemas conjugados nanoparticulas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria	148
Ramírez, Manuel	
224 Uso de manoproteínas para mejorar la supervivencia de bacterias lácticas en fermentaciones de aceituna de mesa	422
Ramiro Martínez, Paula	
292 Interacciones positivas entre plásmidos de resistencia: otro arma para las superbacterias	386
542 Microorganismos influenciados: divulgando en redes sociales	137
Ramos Barbero, Maria Dolores	
350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico	485
Ramos Gorbeña, Juan Carlos	
298 Actividad antibacteriana de saponinas aisladas de los tejidos de patallus mollis selenka, 1868 (cucumariidae) pepino de mar - estudio preliminar	481
353 Efecto antagónico de trichoderma sp. aislado de rizosfera de pitahaya frente a alternaria sp. , sclerotinia sp. y botrytis sp.	456
Ramos Morales, Francisco	
190 Ubicuitilación por salmonella: manipulando a las células hospedadoras 2	67
199 Srfj es un efector de salmonella con actividad glucosilceramidasa que altera el lipidoma y el transcriptoma de las células hospedadoras	270
Ramos Rojas, Gianella	
298 Actividad antibacteriana de saponinas aisladas de los tejidos de patallus mollis selenka, 1868 (cucumariidae) "pepino de mar" - estudio preliminar	481
Ramos, Juan Luis	
48 Enzimas extremófilas para el sector agroindustrial	204



Ramos, Laura	
174 Harinas de arroz y mijo como fuentes de cultivos iniciadores con potencial para mejorar la panificación sin gluten.	419
Ramos, Cayo	
420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microLife	92
Rancaño, Amador	
191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua	476
Randazzo, Cinzia	
224 Uso de manoproteínas para mejorar la supervivencia de bacterias lácticas en fermentaciones de aceituna de mesa	422
Rapún-Araiz, Beatriz	
151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling	83
143 Expression of the haemophilus influenzae adhesin hmw1a is regulated by a multifaceted mechanism	259
Rechenberger, Julia	
315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes.	390
Recio Muñoz, María Isabel	
48 Enzimas extremófilas para el sector agroindustrial	204
Redondo Nieto, Miguel	
359 Analysis of the pseudomonas ogarae f113 secretome reveals two new type vi secretion systems effectors	109
Redondo Salvo, Santiago	
307 Transferencia de genes de resistencia a antibióticos mediante plásmidos conjugativos marinos	482
393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293
222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal	449
427 Especificidades del plasmidoma de la familia erwiniaceae	298
Redrejo, Modesto	
74 A biotechnology tool to detect integron gene cassettes	248
Reguant Miranda, Cristina	
96 Fermentación maloláctica de lactiplantibacillus plantarum en mosto tinto: consumo de ácido l-málico y compatibilidad con la fermentación alcohólica	416
Reithofer, Viktoria	
107 Characterization of adhesin-like wall proteins in candida glabrata clinical isolates: a sticky business	340
Rendueles Garcia, Olaya	
14 Competition between lysogenic and sensitive bacteria is determined by the fitness costs of the different emerging phage-resistance strategies	77

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Requena, Elena	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
Revilla Guarinos, Ainhoa	
228 Péptidos antimicrobianos de streptococcus dentisani: dentisinas.	161
Rey Velasco, Xavier	
254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de blanes	507
273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanes	509
Rey, Joaquín	
309 Identificación y análisis molecular de escherichia coli con determinantes movilizables de resistencia a la colistina en jabalí y lince ibérico	387
Reyes Bueno, Jorge Felipe	
322 Actividad antimicrobiana de extractos de hojas de guaviduca (piper carpunya)	430
Reyes, Fernando	
182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas.....	99
233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente al fitopatógeno pectobacterium carotovorum	373
Rey-Stolle, Fernanda	
282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome	278
Rezusta López, Antonio	
410 Análisis de extractos obtenidos de plantas aromáticas contra los patógenos multirresistentes streptococcus suis y neisseria gonorrhoeae &NBSP;	404
Rico Martín, Desiree	
213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la covid19 en la resistencia antibiótica en streptococcus pneumoniae	369
Rico, Hortensia	
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val)	314
516 Innovación docente en microbiología en la Universitat de València	317
Rico-Jiménez, Miriam	
183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium	159
Ricós Muñoz, Neus	
47 Potencial del plasma frío en la obtención de péptidos bioactivos a partir del procesado de arthrospira platensis (spirulina)	414
Riesco, Raúl	
223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular	105
248 Aislamiento del bacterioma cultivable de lupinus angustifolius	181
Rincón Padilla, Sergio	
529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación	328



Rincón-Sanz, Rodrigo

303 Oxidoreductase-dependent approaches to produce the renewable plastic precursor furandicarboxylic acid 232

Rioboo Blanco, Carmen

362 La presencia de acil-homoserina lactonas reduce la citotoxicidad ejercida por dos antimicrobianos sobre una microalga 118

522 Metodología abp aplicada a una materia optativa de microbiología 322

Ripa López- Barrantes, Adriana

347 Detección y seroprevalencia de leptospira spp. en colonias felinas de la comunidas de madrid 393

Risso, Valeria A

175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases 266

Rivadulla Cora, Matías

95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos 468

Rivas González, Raúl

164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas 445

372 Mejora de la productividad y calidad del grano de trigo duro mediante inoculantes de cepas de bacillus, azospirillum y/o rhizobium 459

129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane 104

523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología 323

Rivilla, Rafael

359 Analysis of the pseudomonas ogarae f113 secretome reveals two new type vi secretion systems effectors 109

Rizvi, Vaseef

366 Modeling cellular lifecycle of +rna viruses suggests strategies for inhibiting productive cellular infection 396

Robledo Garrido, Marta

427 Especificidades del plasmidoma de la familia erwiniaceae 298

Robledo Mahón, Tatiana

173 Cribado de hongos aislados en un proceso de compostaje para la degradación de plásticos ... 191

510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria..... 311

521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia 321

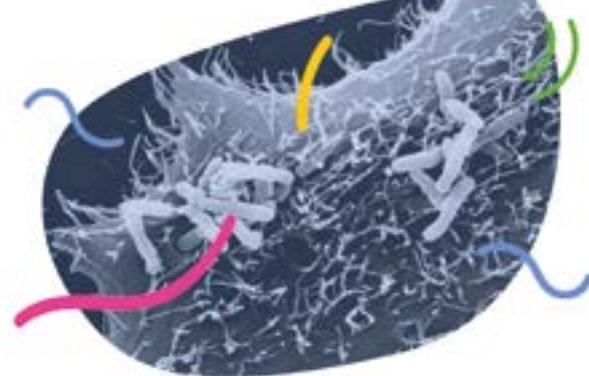
338 Aplicación de dos sistemas de compostaje con bioaumentación de lodos de depuradora para la remoción de contaminantes emergentes 200

Robledo, Marta

222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal 449

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Robles Bellart, Carla

399 Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of enterobacter cloacae 403

Roca Couso, Rocío

164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas 445

523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología 323

Roca Hernández, Amalia

249 Bacillus toyonensis aa1ec1, una cepa halotolerante con uso potencial en agricultura como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol 106

Rodríguez Gonzalez, Miguel

419 Learning from nature: halophyte microbiomes to cope with salt stress in plants 463

Rodríguez Lázaro, David

310 Desarrollo de nuevo método más ecológico de aislamiento, purificación y concentración de virus en alimentos 172

Rodríguez Ramos, Ester

17 Pseudomonas putida productora de carbapenemasa de tipo vim y transmisión nosocomial. 350

Rodríguez, Hector

283 El organismo, una inesperada autopista bacteriana. 382

Rodríguez Alonso, Álvaro

409 Selección de una cepa silvestre de s. cerevisiae para la producción industrial de una cerveza de abadía 239

Rodríguez Álvarez, Javier

63 Epicoccum sp. como agente causal de manchas marrón-rojizas en la superficie de un queso duro de leche cruda de oveja 415

Rodríguez Beltrán, Jerónimo

16 Unravelling the molecular drivers of plasmid fitness costs using crispr screenings 242

21 Beta-lactamase expression triggers collateral sensitivity to azithromycin and colistin 149

292 Interacciones positivas entre plásmidos de resistencia: otro arma para las superbacterias 386

542 Microorganismos influencers: divulgando en redes sociales 137

Rodríguez Fernández, Carmina

335 Nuevo recurso para divulgar micromundo, la resistencia a los antibióticos y la microbiología. ... 302

Rodríguez García, Uxía

238 Detección y cuantificación de virus entéricos en aguas residuales mediante rt-pcr en tiempo real durante la pandemia de COVID-19 479

Rodríguez González, Nuria

75 Caracterización de la cepa citrobacter sp. t1.2d-1 aislada del subsuelo profundo de la faja pirítica ibérica 249

Rodríguez Herva, José Juan

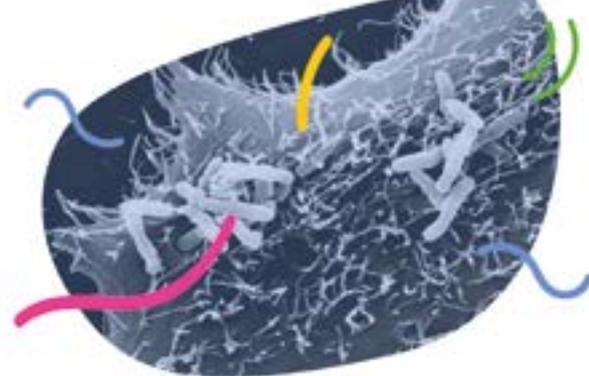
231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas 451



Rodríguez Lázaro, David	
271 Evolución anual (octubre 2020-2021) de sars-cov-2 y norovirus en aguas residuales en el municipio de Valladolid	115
Rodríguez López, Javier	
12 Actividad antimicrobiana de derivados de salicilaldehído en combinación con conservantes alimentarios frente a microorganismos patógenos en alimentos.	411
37 Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por qpcr	203
Rodríguez López, Luis Alfonso	
409 Selección de una cepa silvestre de s. cerevisiae para la producción industrial de una cerveza de abadía	239
Rodríguez López, Javier	
530 Evaluación del programa micromundo como actividad curricular en asignaturas regladas.	329
Rodríguez Lozano, Adrián	
196 Pseudomonas putida kt2440 como plataforma para la bioextracción y bioproducción de nanopartículas de lantánidos	147
Rodríguez Martín-Doimeadios, Rosa Del Carmen	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
Rodríguez Navarro, Alejandro	
203 Hueso como bioadsorbente para la eliminación de bacterias	128
Rodríguez Olivera, Elías	
35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos	186
36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos	187
126 Innovación sostenible: diseño de bioingeniería para la degradación eficiente de tereftalato de polietileno mediante enzimas petasas y mhetasas sintéticas	145
172 Caracterización de los genes involucrados en la degradación de ácido 4-aminobutírico y 5-aminovalérico en pseudomonas putida u.	125
Rodríguez Pérez, María	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar	469
Rodríguez Pinilla, Joaquín	
306 Principales agentes causantes de la mastitis caprina: análisis en leche de tanque y animales individuales	429
Rodríguez Retamar, Ana I.	
181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral	420
Rodríguez Rubio, Lorena	
350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico	485
Rodríguez Solana, Patricia	
509 Aprendizaje-servicio universitario para la promoción de la salud en colectivos vulnerables en Madrid: colaborando con mujeres del centro Diaconía Madrid.	310
514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos	315

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



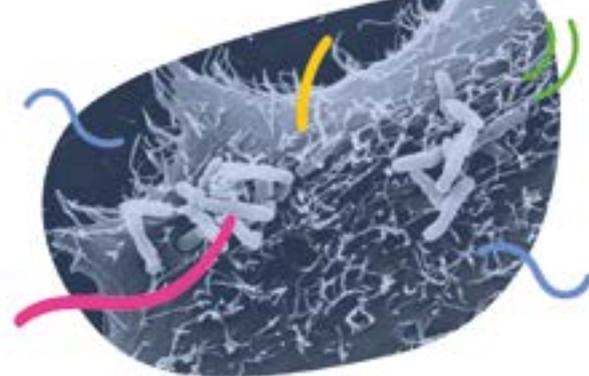
Rodríguez Vázquez de Aldana, Carlos	
529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación	328
Rodríguez Yeste, Teresa Loreto	
509 Aprendizaje-servicio universitario para la promoción de la salud en colectivos vulnerables en madrid: colaborando con mujeres del centro diaconía madrid.....	310
Rodríguez, Nuria	
112 Oxidación anaerobia de hierro en el subsuelo de la faja pirítica ibérica	254
Rodríguez, Jaime	
201 Transportadores de sideróforos y respuesta a temperatura como base para la optimización de las vacunas frente a vibrio anguillarum	478
Rodríguez, Álvaro	
327 Microbiota asociada a las balsas de tratamiento de carrocerías de automóviles	199
Rodríguez, Jesús	
516 Innovación docente en microbiología en la Universitat de València	317
Rodríguez, María	
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado.....	332
Rodríguez, Juana	
537 ¿Hacer un podcast para aprender microbiología?	334
Rodríguez-Avial Infante, Iciar	
371 L-Captopril como inhibidor de metalo-beta-lactamasas: estrategia de restauracion de la actividad de carbapenemicos y de reposicionamiento de farmacos	397
Rodríguez-Calleja, Jose M.	
207 Enterobacter cloacae complex resistentes a colistina en vegetales frescos y su entorno de producción	170
Rodríguez-Herva, José Juan	
398 La percepción de nitrato en bacterias fitopatógenas favorece la colonización e infección de las plantas	110
Rodríguez-Pérez, Esther	
226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural	192
Rojals Sansano, Alexandra	
155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats	418
Róis, Ana Sofia	
94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de limonium algarvense en suelos salinos.	442
Roldán-López, David	
286 Análisis metabólico de levaduras hibridables con saccharomyces cerevisiae en la producción de cerveza	425
Román Camacho, Juan Jesús	
146 Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa	218



Román Camacho, Juan J.	
541 Tiktok como aliado para motivar la divulgación de la microbiología por estudiantes universitarios	136
Román González, Elvira	
259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por candida albicans	377
Román, Hurtado, Fernando	
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
Román, Elvira	
113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por SARS-CoV-2.	341
147 La adhesina als9 de *candida albicans* es un inmunógeno en el intestino de ratón	342
Román Camacho, Juan J.	
165 Estudio proteómico preliminar de una cepa de saccharomyces cerevisiae durante la producción de vino de maracuyá amarilla	220
Romaní, Anna M.	
152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes	473
Romero Bernardez, Manuel	
386 La producción de señales quorum sensing y su efecto sobre biofilm y motilidad replantea el conocimiento actual en k. pneumoniae.	400
Romero Rivera, Mario	
122 Identificación de bacterias depredadoras en muestras clínicas	82
380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a staphylococcus aureus resistente a meticilina de punta de cateter	398
Roncel Gil, Mercedes	
404 Caracterización del sistema de regulación petr/p en cianobacterias	295
408 Nuevas herramientas genéticas en cianobacterias	296
Ropero Moreno, Cristina	
37 Empleo de nanopartículas magnéticas biomiméticas para concentrar bacterias magnéticamente y detectarlas por qpcr	203
Rosa Masegosa, Aurora	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria.....	311
521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia	321
Rosas, Pablo	
316 Efecto inmunomodulador de akkermansia muciniphila y su potencial aplicación como probiótico	234
Rosdríguez Beltrán, Jerónimo	
550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido poxa-48	93

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



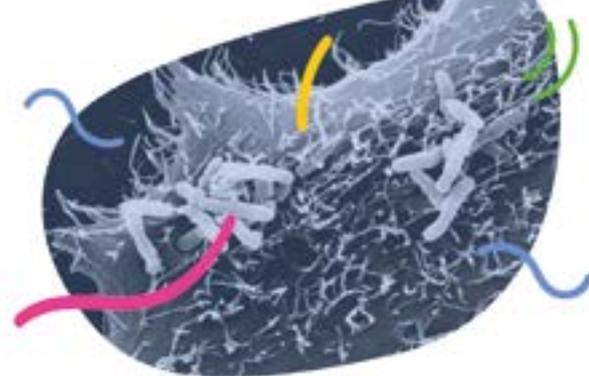
Roselli, Riccardo	
407 MITES: una nueva conexión virus-procariota	514
Rovira Carballido, Jordi	
322 Actividad antimicrobiana de extractos de hojas de guaviduca (piper carpunya)	430
389 Distribution of the motility phenotype in campylobacter jejuni along the phylogeny	401
392 Swarming motility of campylobacter jejuni with different origins	402
118 Molecular mechanisms of campylobacter jejuni against harsh environmental conditions	255
Roy, Rahul	
366 Modeling cellular lifecycle of +rna viruses suggests strategies for inhibiting productive cellular infection	396
Rozès, Nicolas	
96 Fermentación maloláctica de lactiplantibacillus plantarum en mosto tinto: consumo de ácido l-málico y compatibilidad con la fermentación alcohólica	416
Rubio Coque, Juan José	
20 aislamiento y caracterización de bacterias solubilizadoras de fosfato como mejora del desarrollo de cultivo de cebada	434
Rubio Pérez, Andrea	
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	380
Rubio, Belén	
540 Presentaciones interactivas y minivideos en redes sociales para motivar	407
Rudolph, Christian J.	
166 The artificial sweetener acesulfame-k inhibits growth of multidrug resistant acinetobacter baumannii and potentiates carbapenem activity	84
Ruiz Albert, Javier	
156 Estudio de la expresión de genes de salmonella enterica y su efecto en la interacción con plantas.....	363
Ruiz Camas, Adrián	
375 Investigando el papel de tagk, una proteína del t6ss de salmonella de función desconocida.....	291
Ruiz De La Bastida, Ana	
13 Bioactivación de los fitoestrógenos por la microbiota intestinal	412
Ruiz De La Haba, Rafael	
139 Metagenómica y diversidad procariota de las salinas de isla cristina (Huelva)	497
244 Dos nuevos géneros procedentes de las marismas del odiel	506
Ruiz Fresneda, Miguel Angel	
187 Proteínas implicadas en la reducción y biotransformación del se(vi) en la bacteria stenotrophomonas bentonitica bii-r7: estudios multidisciplinares	127
262 Desarrollo de biohidrogeles con stenotrophomonas. bentonitica, método novedoso para la recuperación de se(iv) en el marco de la economía circular.	195
296 Multidisciplinary characterization of the antimicrobial activity of selenium nanoparticles produced by different subcellular fractions of stenotrophomonas bentonitica bii-r7.	197
Ruiz Gaitán, Alba	
220 "Fauna, cambio climático y candida auris"	343



361 Evaluación de la actividad antifúngica (in vitro e in vivo) de extractos de plantas naturales frente a candida auris.	457
367 Respuesta humoral y celular contra el sars-cov-2 en pacientes inmunocomprometidos de alto riesgo.	290
Ruiz García, Pilar	
98 Proteomic characterization of listeria monocytogenes grown in uht milk	417
Ruiz Moreno, Ángel	
276 Una nueva herramienta para estudiar la resistencia que confiere la microbiota intestinal frente a patógenos multirresistentes	379
Ruiz Muñoz, Paula	
335 Nuevo recurso para divulgar micromundo, la resistencia a los antibióticos y la microbiología. ...	302
Ruiz Muñoz, Blanca	
405 Bases moleculares de la colonización de la raíz de aguacate utilizando la cepa modelo de biocontrol pseudomonas chlororaphis PCL1606	462
Ruiz Ripa, Alicia	
10 Infecciones por achromobacter denitrificans/xylooxidans. ¿ estamos ante un patógeno emergente ?	349
17 Pseudomonas putida productora de carbapenemasa de tipo vim y transmisión nosocomial.	350
200 Dinámica de la microbiota intestinal influenciada por taxones tolerantes al bisfenol a en la obesidad infantil mediante culturómica y amplicon-sequencing	501
158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal humana y su potencial enzimático	498
160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rrna amplicon-metagenómica	124
539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición	336
Ruiz Ruiz, Susana	
281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses	510
Ruiz, Javier	
57 Insight on the cellular signaling mechanisms in yarrowia lipolytica strains	206
Ruiz, Adrián	
109 The importance of recycling the sheath of the type vi secretion system (t6ss), a bacterial killing machine and biocontrol weapon	154
Ruiz, Javier	
130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems	156
185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva.	421
Ruiz, Maite	
329 Mycospitalomics: caracterización del micobioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas	101
Ruiz, Alba	
365 Actividad antifúngica de productos bioactivos basados en bacterias ácido lácticas frente a candida auris	345

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



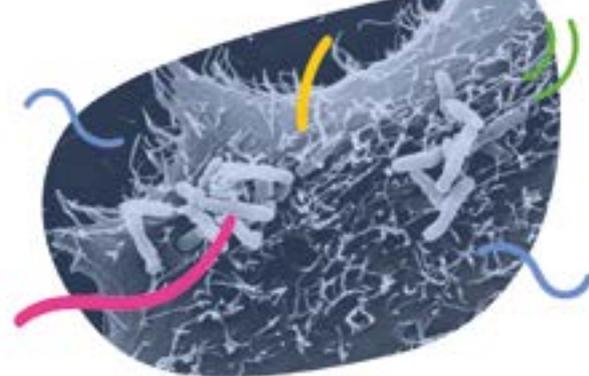
Ruiz, Pamela	
517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología	318
Ruiz-Dueñas, Francisco Javier	
303 Oxidoreductase-dependent approaches to produce the renewable plastic precursor furandicarboxylic acid	232
Ruiz-Gaitán, Alba C.	
329 Mycospitalomics: caracterización del microbioma de ambientes hospitalarios para prevenir las infecciones fúngicas invasivas	101
Ruiz-Moreno, Ángel	
215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes	370
ruiz-Pérez, Sonia	
80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea	167
Ruiz-Ruiz, Susana	
282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome	278
Rumbo, Carlos	
426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos	241
S. L. Vicente, Claudia	
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
Saati Santamaría, Zaki	
129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane	104
326 Deciphering the mechanisms of naproxen biodegradation by microbial consortia	198
423 Potencial de la cepa bacteriana pseudomonas sp. cdvbn10 como bioinoculante agrícola de amplio espectro	465
524 Creación de contenido interactivo para facilitar el aprendizaje de conceptos y técnicas complejas	324
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	327
538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia	335
217 Diversidad microbiana de desierto: un potencial a explorar	179
425 Selección de bacterias promotoras de resistencia a estreses bióticos y abióticos como potenciales inoculantes de cultivos de olivo	466
Sabsabi Soriano, Samara	
257 Aislamiento y caracterización de bacteriófagos para el tratamiento de infecciones por staphylococcus aureus multirresistentes	275
Sachse, Martin	
402 El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de cryptococcus neoformans reduciendo los radicales libres endógenos	348



Sacristán Bajo, Sandra	
27 Association of seed microbiota composition with flowering time opens a new strategy to improve drought tolerance in blue lupin.....	436
Sacristán, Gonzalo	
225 Proyecto EU - H2020 - NOVATERRA: Optimización y aplicación de biofertilizantes y bioestimulantes en la fertilización de cultivos mediterráneos	423
Sacristán Pérez Minayo, Gonzalo	
503 Proyecto científico "up: microbios al vuelo" ii: estudio y caracterización de physisarum polycephalum antes y después de su viaje estratosférico	307
Sáenz De Miera Carnicer, Luis Enrique	
42 Study of microbiota derived from gluten metabolism in the human gut: a community-based global approach	491
Saez Moreno, David	
501 PhageCast: Podcasting on balancing life and science in the world of bacteriophage research ...	305
67 Endolysin display activity of recombinant yeast against listeria monocytogenes peptidoglycan. ...	355
Sáez-Cornejo, Alfonso	
349 Explorando el género lentzea como potencial probiótico de plantas: mecanismos de resiliencia y producción de metabolitos con acción antimicrobiana.	108
Sala Comorera, Laura	
350 Evaluación de crassphage para la monitorización de genes de resistencia a antimicrobianos de origen antropogénico	485
357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero.	117
Salas, Isabel	
534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional	333
Salcedo, I.	
517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología	318
Salgot, Miquel	
357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero.	117
Salido Ruíz, Sofía	
11 Estudio de la actividad sinérgica de derivados de salicilaldehído y biocidas para el control de microorganismos patógenos alimentarios.	410
12 Actividad antimicrobiana de derivados de salicilaldehído en combinación con conservantes alimentarios frente a microorganismos patógenos en alimentos.	411
Salido Velázquez, Marina	
45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos.....	413
Salvachúa, Davinia	
269 Desarrollo de herramientas para el reciclaje de la biomasa lignocelulósica en levaduras	227

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Salvador, Carme

260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de candida auris en la comunidad valenciana 276

Salvador, Manuel

300 Integración de datos multiómicos para el análisis de la adaptación metabólica de la bacteria extremófila chromohalobacter salexigens 231

Sampedro Quesada, Inmaculada

197 Los medios ambientes extremos como fuente de microorganismos con actividad promotora de crecimiento vegetal y antimicrobiana 448

249 Bacillus toyonensis aa1ec1, una cepa halotolerante con uso potencial en agricultura como fitoestimulante del crecimiento vegetal y agente de biocontrol 106

Sampedro, Inmaculada

227 Biocontrol de bacterias patógenas mediante quorum quenching 450

265 Uso de bacterias halotolerantes con actividad pgp y quorum quenching para combatir estrés abiótico y biótico en plantas 452

266 La sinergia de bacterias halotolerantes junto al exopolisacárido maurano mitiga el estrés salino en plantas mediante la acumulación de osmoprotectores 453

San Martín Bernal, Álvaro

413 Deciphering the map of transcriptional overlap between neighbouring genes: the excludon finder 405

16 Unravelling the molecular drivers of plasmid fitness costs using CRISPRi screenings 242

21 Beta-lactamase expression triggers collateral sensitivity to azithromycin and colistin 149

29 Genomic validation of a crispr-cas9 system for the selective curing of antibiotic resistance plasmids 351

103 Using CRISPRi to have an integrative understanding of plasmid-mediated antibiotic resistance 153

272 Determination of the role of a lysr regulator in bla_{oxa}-48 expression in the clinically relevant plasmid POXA-48 277

59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons 246

162 Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano 263

550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido poxa-48 93

Sanatamaría Sánchez, Ramón I.

529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación 328

Sanchez Castellanos, Nilda Del Carmen

346 Tracking gene expression, metabolic profiles, and biochemical analysis in the halotolerant basidiomycetous yeast rhodotorula mucilaginosa during benzo[a]pyrene and phenanthrene biodegradation 201

Sanchez León, Enrique

135 Producción y caracterización de un exopolisacárido por bacillus amyloliquefaciens: aplicaciones biotecnológicas. 188

Sanchez, Alvaro

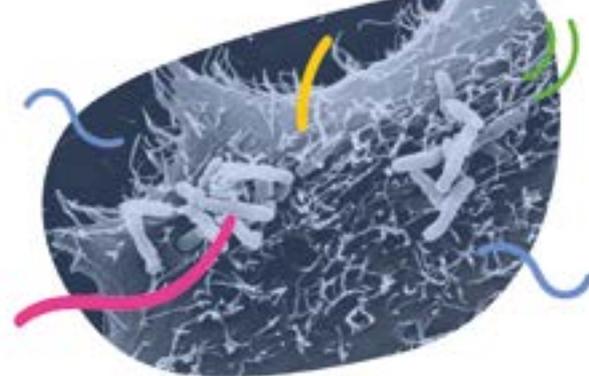
130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems 156



Sánchez Angulo, Manuel	
270 Científicas del celuloide: microbiólogas, bioquímicas e inmunólogas en las artes cinematográficas.	131
Sánchez Díaz, Estefanía	
529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación	328
Sánchez Espadas, Ana	
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
Sánchez Jiménez, Ana	
255 Identification of the pseudomonas aeruginosa σ hasi and σ hxui regulons	375
Sánchez Juanes, Fernando	
377 Heterogeneidad de los taxones bacterianos durante el proceso de curación del jamón ibérico en distintas localizaciones de castilla y león	174
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	327
Sánchez León, Enrique	
138 Aplicaciones potenciales de un exopolisacárido producido por bacillus xiamenensis rt6 aislado de un medio ácido	190
Sánchez Muñoz, Pilar	
233 Productos naturales derivados de hongos asociados a líquenes xerofíticos con actividad frente Al fitopatógeno pectobacterium carotovorum	373
Sánchez Osuna, Miquel	
111 Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms	253
Sánchez Porro, Cristina	
500 ¿Quién vive en mi yogur? Echemos un microvistazo	304
502 Acercando la microbiología a los más pequeños	306
532 Micromundo@sevilla2023	331
Sánchez, Pilar	
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
Sánchez, Patricia	
227 Biocontrol de bacterias patógenas mediante quorum quenching	450
Sánchez, Olga	
254 Taxogenómica de pseudomonadota aisladas de agua de mar de la bahía de blanes	507
Sánchez, Patricia	
265 Uso de bacterias halotolerantes con actividad pgp y quorum quenching para combatir estrés abiótico y biótico en plantas	452
266 La sinergia de bacterias halotolerantes junto al exopolisacárido maurano mitiga el estrés salino en plantas mediante la acumulación de osmoprotectores	453
Sánchez, Olga	
273 Nuevos taxones marinos en bacteroidota: caracterización fenotípica y filogenómica de cepas de agua de mar de la bahía de blanes	509
Sánchez, Pilar	
284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales	229

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Sánchez, Carlos	
292 Interacciones positivas entre plásmidos de resistencia: otro arma para las superbacterias	386
Sánchez Vidal, Anna	
170 Estudio del potencial de los microplásticos como portadores de e. coli en agua de mar	113
Sánchez De La Nieta Moreno, Ricardo	
230 Diseño de una plataforma para la determinación de las señales de activación de las histidina quininas (hkasp) en streptomyces coelicolor	223
Sánchez- Romero, María Antonia	
140 La encapsulación de células individuales revela heterogenidad asociada a la resistencia a fluoroquinolonas en salmonella enterica	157
Sánchez-Angulo, Manuel	
195 La membrana de streptococcus pneumoniae como diana para el reposicionamiento de fármacos	268
Sánchez-Busó, Leonor	
317 Factores epigenéticos implicados en la resistencia a antimicrobianos en el gonococo	391
Sánchez-Gorostiaga, Alicia	
185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva.	421
Sánchez-Hidalgo, Marina	
134 Identification of the kribbellichelins a & b and sandramycin biosynthetic gene clusters in the genome of kribbella Sp. CA-293567	217
Sánchez-Martí, Sandra	
286 Análisis metabólico de levaduras hibridables con saccharomyces cerevisiae en la producción de cerveza	425
Sánchez-Porro Álvarez, Cristina	
139 Metagenómica y diversidad procariota de las salinas de isla cristina (HUELVA) 497	
142 Diversidad procariota (in)dependiente de cultivo en suelos hipersalinos de las marismas del Odiel	178
180 Una nueva arquea halófila extrema del género haloarcula aislada de suelos hipersalinos	500
44 Dos nuevos géneros procedentes de las marismas del odiel	80
Sanchez-Ruiz, Jose M	
175 Combining ancestral sequence reconstruction with directed evolution to enhance poly(ethylene terephthalate) hydrolases	266
Sánchez-Ruiz, María Isabel	
303 Oxidoreductase-dependent approaches to produce the renewable plastic precursor furandicarboxylic acid	232
Sanchís López, Claudia	
231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas	451
Sanjuan, Eva	
516 Innovación docente en microbiología en la Universitat de València.....	317
Santamaría Hernando, Saray	
231 Percepción y transducción de señal a través del sistema de quimiopercepción en bacterias fitopatógenas	451



Santamaría Palacios, Jorge

- 271 Evolución anual (octubre 2020-2021) de sars-cov-2 y norovirus en aguas residuales en el municipio de valladolid 115
- 310 Desarrollo de nuevo método más ecológico de aislamiento, purificación y concentración de virus en alimentos 172
- 373 Análisis microbiológico de aguas residuales urbanas en burgos: caracterización y resistencia de bacterias patógenas causantes de enfermedades infecciosas y alimentarias 486
- 374 Evaluación de la sensibilidad de medios cromogénicos selectivos diferenciales para la identificación de bacterias patógenas en aguas 487

Santamaría Sánchez, Ramón I.

- 61 Estudio del potencial antifúngico de actinomicetos procedentes de diversas fuentes contra hongos fitopatógenos 208
- 62 Búsqueda de las histidina quinastas que activan el regulador huérfano aor1 de streptomyces coelicolor 209
- 230 Diseño de una plataforma para la determinación de las señales de activación de las histidina quinastas (hkasp) en streptomyces coelicolor 223

Santamaría-Hernando, Saray

- 398 La percepción de nitrato en bacterias fitopatógenas favorece la colonización e infección de las plantas 110

Santos De La Sen, Antonio

- 33 Técnica de genotipado para lachancea thermotolerans, una herramienta para el control biológico de la acidez en vinos 337

Santos Dueñas, Inés María

- 146 Biodiversidad microbiana en la elaboración del vinagre de vino verdejo mediante metaproteómica cualitativa 218
- 511 Trabajando con infografías científicas para desarrollar competencias en los estudiantes universitarios 312

Santos López, Alfonso

- 550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido poxa-48 93

Santos Romero, Beatriz

- 529 MicroMundo USAL: nuevos horizontes de divulgación 328

Santos, Erika

- 94 Explorando el uso combinado de tecnologías microbianas y de suelos para optimizar el crecimiento de limonium algarvense en suelos salinos. 442

Santos, Antonio

- 130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems 156
- 185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva. 421

Santos, Jesús A.

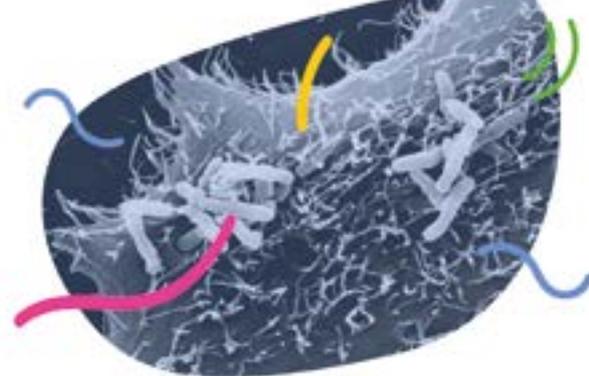
- 207 Enterobacter cloacae complex resistentes a colistina en vegetales frescos y su entorno de producción 170

Santos, Fernando

- 368 Cianobacterias no fotosintéticas en el ciclo del agua: del subsuelo al intestino 183

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Santos-Dueñas, Inés M.	
165 Estudio proteómico preliminar de una cepa de <i>saccharomyces cerevisiae</i> durante la producción de vino de maracuyá amarilla	220
Santos-Merino, María	
342 La respuesta transcriptómica de la cianobacteria <i>synechococcus elongatus</i> pcc7942 revela mecanismos convergentes de adaptación a ambientes de luz intensa	286
Sanz Asensio, Laura	
247 Genetic traps to sabotage bacterial virulence in <i>mycobacterium</i>	162
Sanz Morales, Jesús Miguel	
145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a <i>streptococcus pneumoniae</i>	260
195 La membrana de <i>streptococcus pneumoniae</i> como diana para el reposicionamiento de fármacos	268
Sanz Puente, Irene	
222 Identificación de bacterias del microbioma core de trigo con capacidad de transmisión vertical a través de la línea germinal	449
427 Especificidades del plasmidoma de la familia <i>erwiniaceae</i>	298
Sanz Riomoros, Isabel	
335 Nuevo recurso para divulgar micromundo<, la resistencia a los antibióticos y la microbiología.	302
Sanz Riomoros, Isabel	
335 Nuevo recurso para divulgar micromundotm, la resistencia a los antibióticos y la microbiología.	302
Sanz Rodriguez, Alejandro	
259 Caracterización de la respuesta inmune humoral en mucosas frente a la colonización intestinal por <i>candida albicans</i>	377
113 Obtención de levaduras que induzcan una respuesta inmunitaria protectora frente a la infección por SARS-CoV-2.	341
509 Aprendizaje-servicio universitario para la promoción de la salud en colectivos vulnerables en Madrid: colaborando con mujeres del centro Diaconía Madrid.	310
Sanz, David	
82 Identificación de las enzimas degradadoras de di-n-butil ftalato en <i>paenarthrobacter</i> sp. shss	210
Sanz, Susana	
93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas	358
Sanz, Alejandro	
147 La adhesina als9 de <i>*candida albicans*</i> es un inmunógeno en el intestino de ratón	98
Sanz, Juan Carlos	
218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de <i>streptococcus pneumoniae</i> en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva	371
Sanz, José Luis	
518 Cuestionario de autoevaluación presencial	319



Sapena, Fernando

205 Actividad sinérgica de nuevos péptidos cíclicos análogos de polimixina y su mecanismo de acción sobre membranas 367

Saralegui Remón, Luis

417 La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis 297

Sarmiento García, Ainhoa

538 Diseño de contenido inclusivos y remodelación de una asignatura para una docencia 335

Sastre Domínguez, Jorge

103 Using CRISPRi to have an integrative understanding of plasmid-mediated antibiotic resistance 153

Schillaci, Domenico

534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional 333

Schoenmakers, Sandra M.C.

145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a streptococcus pneumoniae 260

Segata, Nicola

179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas. 168

354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos 173

Seguí, Guillem

216 Dinámica estacional de la comunidad endófito cultivable del almendro en el contexto de la infección por xylella fastidiosa 503

234 Estudio del numero de polimorfismos de nucleotido unico (snps) en aislados de x. fastidiosa de las Islas Baleares 505

390 Comparación del panproteoma experimental entre distintas subespecies de xylella fastidiosa 513

Segura García, Jaume

106 Aplicación de la estadística espacial (kriging) en el análisis de suelos para la detección de bacterias productores de antibióticos 361

516 Innovación docente en microbiología en la Universitat de València 317

Segura Mejías, Alicia

414 Description of toxin-antitoxin systems in anabaena sp. pcc 7120 analyzing their role as addiction modules 165

Selberherr, Evelyne

543 Educational needs in the food systems microbiome 138

Sempere García, Julio

218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva 371

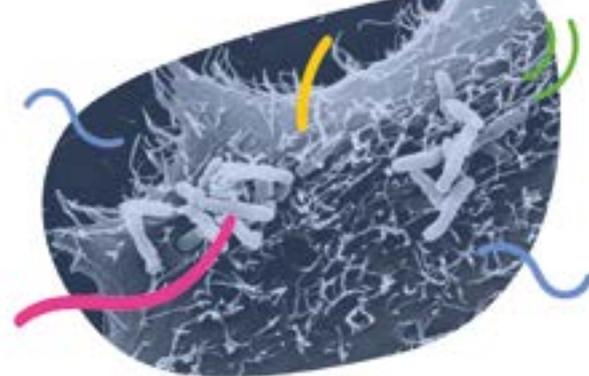
351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la covid19 en España 90

213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la covid19 en la resistencia antibiótica en streptococcus pneumoniae 369

253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en España..... 374

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



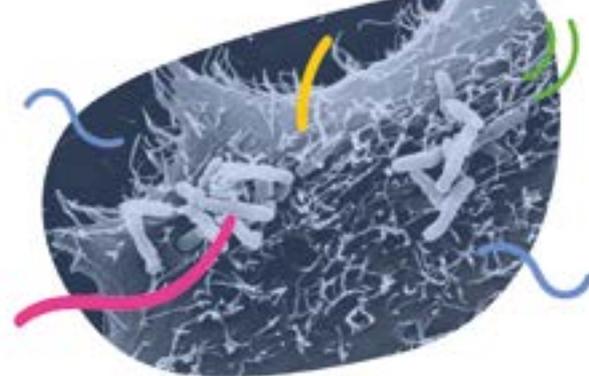
263 Efecto sinérgico de acetilcisteína y cefditoren en biofilms de streptococcus pneumoniae multirresistente	378
<i>Sendra, Marta</i>	
426 Desarrollo de una metodología para evaluar el impacto toxicológico de nuevos nanomateriales sobre biofilms bacterianos	241
<i>Seoane Parra, Sergio</i>	
45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos.....	413
<i>Sepúlveda Ruiz, Paola</i>	
357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero.	117
<i>Sequeira Lopes, Maria</i>	
501 Phagecast: podcasting on balancing life and science in the world of bacteriophage research ...	305
<i>Serralde Ordoñez, Diana Paola</i>	
7 Hongos formadores de micorrizas arbusculares (hfma) en la absorción nutricional de la caña de azúcar para la producción de panela.	433
<i>Serrano, Rachel</i>	
132 Un nuevo linaje de hongos de la hojarasca de sudáfrica, fuente de metabolitos bioactivos frente hongos fitopatógenos	216
137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos.	471
182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas	99
<i>Serrano, Miriam</i>	
229 Detección de amiloides patogénicos en la microbiota intestinal	372
<i>Serrano, Ana</i>	
303 Oxidoreductase-dependent approaches to produce the renewable plastic precursor furandicarboxylic acid	232
<i>Serrano, Antonio</i>	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
521 El escape room como actividad en la evaluación de la asignatura de microbiología i del grado de farmacia	321
<i>Serrano-Pelejero, Cristina</i>	
196 Pseudomonas putida kt2440 como plataforma para la bioextracción y bioproducción de nanopartículas de lantánidos	147
<i>Seseña Prieto, Susana</i>	
108 Bacterias resistentes a antibióticos en aguas de la cuenca del río tajo de la red natura 2000: un estudio preliminar.....	469
533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado	332
<i>Sessitsch, Angela</i>	
543 Educational needs in the food systems microbiome	138
<i>Sheng, Yang</i>	
129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane	104



Sherman-David R.	
22 Estudios de elucidación del mecanismo de acción de las avermectinas frente a mycobacterium tuberculosis	301
Sierra, Josep Maria	
258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de escherichia coli mdr	376
Sierra, Sandra	
265 Uso de bacterias halotolerantes con actividad pgp y quorum quenching para combatir estrés abiótico y biótico en plantas	452
266 La sinergia de bacterias halotolerantes junto al exopolisacárido maurano mitiga el estrés salino en plantas mediante la acumulación de osmoprotectores	453
Sierra, Josep Maria	
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	380
289 Antimicrobial Activity Of The Novel Cationic Peptide (RW)3F	88
295 Uso de nuevas tecnologías en el aprendizaje de microbiología en ciencias de la salud: experiencia en los últimos 5 años	301
519 Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic	320
Silva Bea, Sergio	
386 La producción de señales quorum sensing y su efecto sobre biofilm y motilidad replantea el conocimiento actual en k. pneumoniae.	400
Silva Castro, Andrea	
510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria	311
Silva, Fernando	
382 Sugarcane rhizosphere bacteria: from bioprospecting, characterization of functional profiles and structure of the bacterial community in different crop management	460
Simón, Carmen	
214 Detección y caracterización de cepas escherichia coli enteropatógena (epec) aisladas de la cavidad nasal de cerdos potencialmente sanos	273
Skrede, Inger	
123 Generating a large collection of saccharomyces polyploids to study their adaptation to food-related industrial conditions	215
Slawinska, Magdalena	
223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular	105
Sobejano-De La Merced, Carlos	
151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling	83
Sobieraj, Iwona	
534 Divulgamos sobre las superbacterias mediante una colaboración activa entre niveles educativos a nivel internacional	333
Solano, Cristina	
383 Evaluation of the efficacy of engineered pathogenicity islands carrying crispr in a murine model of mastitis.	91

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Solí, José Vicente

80 Composición del microbioma y bacterioma intestinal en función de la adherencia a la dieta mediterránea 167

Soliveri De Carranza, Juan

384 Evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana de la combinación ácido 4-fenilbutírico y un compuesto dendrítico frente a staphylococcus aureus 399

Soliveri, Juan

537 ¿Hacer un pódcast para aprender microbiología? 334

Somoano García, Aitor

356 Estudio de la rata topera (arvicola scherman) como reservorio de patógenos zoonoósicos en el noroeste peninsular 395

Sorensen, Soren Johannes

280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos 87

Soria-Soria, Elena

368 Cianobacterias no fotosintéticas en el ciclo del agua: del subsuelo al intestino 183

Sorzabal-Bellido, Ioritz

151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling 83

Soto López, Manuel

45 Caracterización microbiológica de macroalgas recogidas en la costa vasca con fines gastronómicos 413

Soto Martínez, José Luis

281 Taxonomic and functional differences in faecal microbiome of lynch syndrome patients are revealed by metagenomic and metatranscriptomic analyses 510

282 Great potential of metabolomics in the identification of non-invasive biomarkers in lynch syndrome 278

Spaink, Herman

420 Genome mining for prediction of plant lifestyle-associated genes using microlife 92

Squartini, Andrea

164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas 445

Stecher, Bärbel

162 Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano 263

Stelkens, Rike

123 Generating a large collection of saccharomyces polyploids to study their adaptation to food-related industrial conditions 215

Stepheson, Monica

155 Development of a clostridium species predictive model for the evaluation of nitrite substitute additive in cooked meats 418

Stolze, Sara Christina

97 Vesículas extracelulares de botrytis cinerea: primera caracterización de su proteoma y su papel en el proceso de infección 95



Straková, Dáša

- 142 Diversidad procariota (in)dependiente de cultivo en suelos hipersalinos de las marismas del Odiel 178
- 180 Una nueva arquea halófila extrema del género haloarcula aislada de suelos hipersalinos 500
- 500 ¿Quién vive en mi yogur? Echemos un microvistazo 304
- 502 Acercando la microbiología a los más pequeños 306

Suarez, Sonia

- 258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de escherichia coli MDR 376

Suárez González, Jaime

- 35 Microorganismos ambientales como degradadores de compuestos epoxídicos 186
- 36 Aislamiento y caracterización de microorganismos ambientales degradadores de polisacáridos 187

Suárez Martínez, Sonia

- 95 Evaluación de la eficacia del tratamiento descentralizado de aguas residuales en la eliminación de virus entéricos 468

Suay-García, Beatriz

- 325 Si las bacterias evolucionan, nosotros también. swiceu: innovación y gamificación en la educación y difusión sobre las resistencias antimicrobianas. 123
- 331 Búsqueda de nuevos antibióticos mediante reposicionamiento de fármacos y machine learning. ensayo de la concentración mínima inhibitoria en escherichia coli 89

Suescun, Jhon Alexander

- 248 Aislamiento del bacterioma cultivable de lupinus angustifolius 181

T. Mhlongo, Jessica

- 288 Antimicrobial activity of (wr)3f, a novel synthetic cationic peptide 384
- 289 Antimicrobial activity of the novel cationic peptide (rw)3f 88

Tabla Sevillano, Rafael

- 306 Principales agentes causantes de la mastitis caprina: análisis en leche de tanque y animales individuales 429

Tagg, Kaitlin A

- 393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi. 293

Tamame González, Mercedes

- 321 Microbiota innovadora para elaborar panes saludables con harinas de garbanzo 236

Tamayo Navarrete, María Isabel

- 510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

Tarhouchi, Alaa Eddin

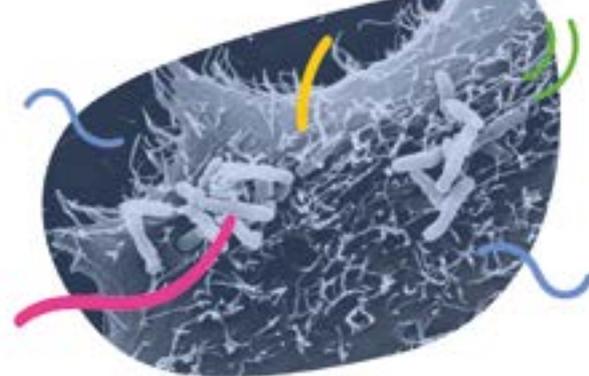
- 124 El transcriptoma de burkholderia cenocepacia revela activación de factores de virulencia y respuestas a estrés en el fagosoma de protistas 155
- 125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia 258

Tarín- Pelló, Antonio

- 331 Búsqueda de nuevos antibióticos mediante reposicionamiento de fármacos y machine learning. ensayo de la concentración mínima inhibitoria en escherichia coli 89

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



325 Si las bacterias evolucionan, nosotros también. swiceu: innovación y gamificación en la educación y difusión sobre las resistencias antimicrobianas.	132
Tartilán Choya, Beatriz	
339 Sistema exportador de zn ²⁺ znta-zntr: papel en la homeostasis de metales y en la virulencia de brucella ovis 3.....	92
526 Videotutoriales interactivos en microbiología: mejora del proceso enseñanza-aprendizaje, adaptación a circunstancias especiales y sobrevenidas y virtualización de la docencia	326
Teigell Pérez, Nuria	
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
Teixeira, Alexandra	
388 Impacto del lipopolisacárido en la virulencia y la resistencia a péptidos antimicrobianos en el patógeno marino photobacterium damsela subsp. damsela	489
Tejedor, Carmen	
339 Sistema exportador de zn ²⁺ znta-zntr: papel en la homeostasis de metales y en la virulencia de brucella ovis	392
524 Creación de contenido interactivo para facilitar el aprendizaje de conceptos y técnicas complejas.....	324
526 Videotutoriales interactivos en microbiología: mejora del proceso enseñanza-aprendizaje, adaptación a circunstancias especiales y sobrevenidas y virtualización de la docencia	326
527 Recursos audiovisuales relacionados con el estudio de microbiomas	327
Téllez Jiménez, Eduardo	
174 Harinas de arroz y mijo como fuentes de cultivos iniciadores con potencial para mejorar la panificación sin gluten.	419
Tello Reyes, Mario	
548 Aislamiento y secuenciación genómica de cepas de pseudomonas sp. degradadoras de furanos desde la microbiota intestinal de salmón del atlántico	407
Terrones Fernandez, Ines	
305 Separate sterilization of agar and other medium components reducing agar concentration to improve the pour plate method	428
Terryn, Pauline	
357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero.	117
Tienda Serrano, Sandra	
405 Bases moleculares de la colonización de la raíz de aguacate utilizando la cepa modelo de biocontrol pseudomonas chlororaphis PCL1606	462
403 Construcción y caracterización de una comunidad sintética de tres pseudomonas chlororaphis para el estudio de interacciones bacteria-planta-patógeno.	111
Tláškal, Vojtech	
129 Revealing new bacterial functions in the plant rhizoplane	104
Todd Hittinger, Chris	
115 Caracterización de linajes de levadura y su potencial fenotípico para su uso en la industria de los alimentos	144



Toledo, Alba

- 513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicación valenciana (Fago@val) 314

Toledo-Arana, Alejandro

- 151 Modelling polyclonal infection dynamics within the human airways by haemophilus influenzae differential fluorescent labelling 83
- 143 Expression of the haemophilus influenzae adhesin hmw1a is regulated by a multifaceted mechanism 259
- 208 Un nueva mini-proteína induce la formación de agregados proteicos que insolubilizan las lipasas extracelulares de staphylococcus aureus 272
- 229 Detección de amiloides patogénicos en la microbiota intestinal 372

Tomás Barberán, Francisco A.

- 91 Síntesis y caracterización de un nuevo xilobiósido de resveratrol obtenido mediante una variante mutagénica de una endoxilanasas fúngica. 143

Tomás, Rafael

- 93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas 358

Tomas, Sandra

- 185 Estudio de los patrones de ensamblaje de comunidades fúngicas en mosto de uva. 421

Tondello, Alessandra

- 164 Estudio de la diversidad bacteriana asociada a mora y predicción de rutas metabólicas vinculadas a actividades beneficiosas para las plantas 445

Tordera-Pascual, Lourdes

- 140 La encapsulación de células individuales revela heterogeneidad asociada a la resistencia a fluoroquinolonas en salmonella enterica 157

Toribio Celestino, Laura

- 29 Genomic validation of a crispr-cas9 system for the selective curing of antibiotic resistance plasmids 351
- 272 Determination of the role of a lysr regulator in bla_{oxa-48} expression in the clinically relevant plasmid POXA-48 277
- 550 Evolución in vivo e intra-paciente de la resistencia a antimicrobianos mediada por el plásmido POXA-48 93
- 59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons 246

Tormo Beltrán, José Rubén

- 284 Detection of bioactive compounds in actinobacteria of the order propionibacteriales 229

Tormo Mas, María Ángeles

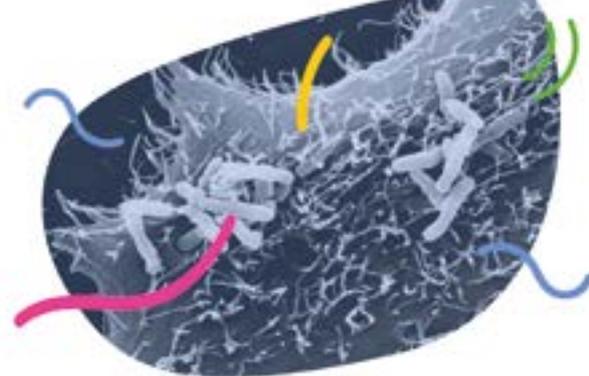
- 256 Análisis de elementos genéticos móviles en cepas clínicas de staphylococcus spp procedentes de infecciones asociadas a dispositivos médicos 274
- 57 Aislamiento y caracterización de bacteriófagos para el tratamiento de infecciones por staphylococcus aureus multirresistentes 206

Tormo, Jose Rubén

- 132 Un nuevo linaje de hongos de la hojarasca de sudáfrica, fuente de metabolitos bioactivos frente hongos fitopatógenos 216
- 137 Búsqueda de bioactividades en cepas de streptomyces asociadas a haliclona simulans frente a patógenos de peces y microorganismos fitopatógenos. 471

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Tormo, Nuria

260 Investigación genómica sobre el surgimiento y dispersión de un brote hospitalario de candida auris en la Comunidad Valenciana 276

Toro, Clara

132 Un nuevo linaje de hongos de la hojarasca de sudáfrica, fuente de metabolitos bioactivos frente hongos fitopatógenos 216

182 Los líquenes xerofíticos como fuente de diversidad fúngica y potenciales agentes biopesticidas 99

Torres Cano, Alba

355 Caracterización de cepas de candida parapsilosis resistente a azoles causante de brotes en hospitales de españa durante la pandemia COVID-19 394

402 El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de cryptococcus neoformans reduciendo los radicales libres endógenos 103

Torres Sánchez, Alfonso

158 Farmacomicrobiómica: determinación del efecto de fármacos sobre la microbiota intestinal humana y su potencial enzimático 498

160 Efecto de xenobióticos en la microbiota intestinal mediante datos combinados de cultivo en estación de anaerobiosis y 16s rna amplicon-metagenómica 124

539 Difusión del conocimiento del microbioma humano en educación superior: elaboración de un manual sobre microbiota intestinal y probióticos en nutrición 336

Torres, Carmen

214 Detección y caracterización de cepas escherichia coli enteropatógena (epec) aisladas de la cavidad nasal de cerdos potencialmente sanos 273

Torres, Enrique

522 Metodología ABP aplicada a una materia optativa de microbiología 322

Torres, Iván

533 Micromundo@UCLM: en busca de nuevos antibióticos con el suelo como aliado 332

Torresano Lominchar, Gonzalo

335 Nuevo recurso para divulgar micromundo, la resistencia a los antibióticos y la microbiología. ... 302

Tremblay-Franco, Marie

315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes. 390

Trevijano Contador, Nuria

355 Caracterización de cepas de candida parapsilosis resistente a azoles causante de brotes en hospitales de españa durante la pandemia COVID-19 394

Tribaldo, Alba

380 Actividad antimicrobiana de extractos naturales frente a staphylococcus aureus resistente a meticilina de punta de cateter 398

Trigo Da Roza, Filipa

168 Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de vibrio cholerae 265

59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibriaceae superintegrons 246

74 A Biotechnology Tool To Detect Integron Gene Cassettes 248

Trivelli, Xavier

406 A novel natural sideromycin unveils a new strategy to design siderophore conjugates 164



Truchado, Pilar

- 191 Eficacia de los tratamientos implementados en edars en la eliminación de bacterias resistentes a antimicrobianos para la regeneración del agua 476
- 250 Caracterización molecular (wgs) de aislados de listeria monocytogenes del ambiente de procesado de una planta de vegetales congelados 171
- 290 Prevalencia de listeria monocytogenes en plantas de procesado de frutas y hortalizas frescas cortadas 426

Trujillo Reyes, Ángeles

- 510 Motivación de las vocaciones científicas en microbiología en alumnos de educación infantil y primaria 311

Trujillo, Martha E

- 223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular 105
- 248 Aislamiento del bacterioma cultivable de lupinus angustifolius 181

Trujillo, Jhon Henry

- 382 Sugarcane rhizosphere bacteria: from bioprospecting, characterization of functional profiles and structure of the bacterial community in different crop management 460

Tudela, Rocío

- 205 Actividad sinérgica de nuevos péptidos cíclicos análogos de polimixina y su mecanismo de acción sobre membranas 367

Tudela, Juan Antonio

- 290 Prevalencia de listeria monocytogenes en plantas de procesado de frutas y hortalizas frescas cortadas 426

Ubeda, Carles

- 219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes. 86
- 276 Una nueva herramienta para estudiar la resistencia que confiere la microbiota intestinal frente a patógenos multirresistentes 379
- 280 La microbiota intestinal facilita la generación de nuevas cepas multirresistentes mediante la transferencia de plásmidos conjugativos 381
- 315 Lactobacillus coopera con clostridiales para restringir la colonización intestinal por enterobacterias multirresistentes. 390

Úbeda Trillo, Aída

- 253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa 374

Úbeda, Carles

- 215 La dieta afecta a la efectividad del trasplante fecal como terapia frente a patógenos multirresistentes 370

Úbeda, Aída

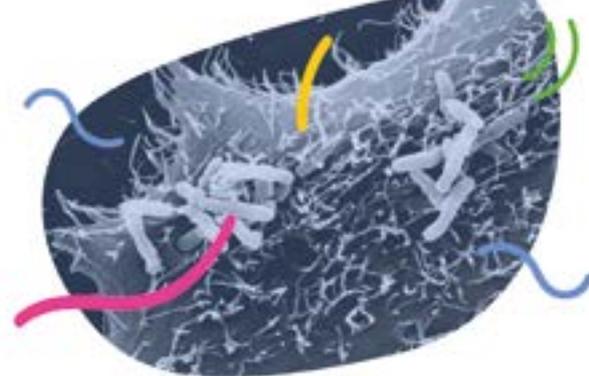
- 218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva 371

Ugarte, María

- 287 Aceites esenciales y glucosa oxidasa en nutrición animal: efecto antimicrobiano in vitro sobre patógenos zoonóticos salmonella y campylobacter 383

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



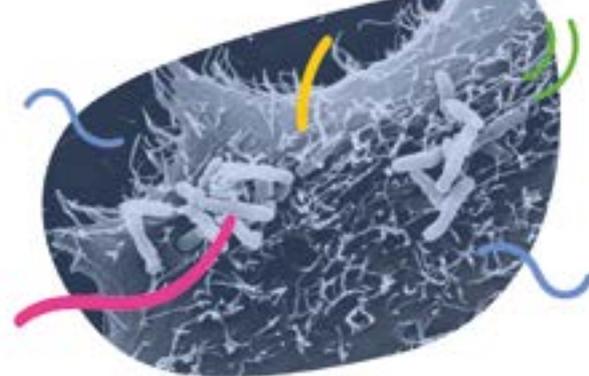
291 Determinación, en escherichia coli resistente a colistina, del efecto antimicrobiano de compuestos alternativos a los antibióticos en nutrición para ganado.	385
Uribe Vélez, Daniel	
24 Rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal mejoran el rendimiento en maíz bajo condiciones de déficit hídrico en el caribe seco colombiano	435
Urizal, Marta	
226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural	192
Urmeneta, Jordi	
152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes	473
Urmeneta, Jordi	
153 Diversidad y funcionalidad procarióticas de muestras de biofilm-sedimento y columna de agua en la laguna la muerte, monegros, España	474
Urrutxurtu, I.	
517 Adaptación de las competencias transversales a las nuevas directrices de la upv/ehu. perspectiva desde la microbiología	318
Uruén García, Cristina	
401 Análisis genéticos de la resistencia frente a lactámicos en aislados invasivos de streptococcus suis	294
417 La disponibilidad de glutamina regula diferentemente la formación de biofilms en streptococcus suis	297
V Lasa, Ana	
31 Papel de la microbiota radicular en el decaimiento de pinus sylvestris en el parque nacional de sierra nevada	437
387 Est80, enzima hidrolítica de tween-80 en el patógeno marino photobacterium damsela subsp. damsela: propuesta de una nueva familia de esterases	488
388 Impacto del lipopolisacárido en la virulencia y la resistencia a péptidos antimicrobianos en el patógeno marino photobacterium damsela subsp. damsela	489
32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo	438
Vaccalluzzo, Amanda	
224 Uso de manoproteínas para mejorar la supervivencia de bacterias lácticas en fermentaciones de aceituna de mesa	422
Valcárcel Sancho, Félix	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
Valderrama Conde, M ^a José	
371 L-Captopril como inhibidor de metalo-beta-lactamasas: estrategia de restauracion de la actividad de carbapenemicos y de reposicionamiento de farmacos	397
Valderrama Conde, M ^a José	
514 Aprender microbiología en conexión con entornos sociales desfavorecidos	315
237 Aprendizaje-servicio en microbiología y salud pública: cine en compañía para prevenir enfermedades	300



Valdivia Mancillas, Andrea Guadalupe	
221 Sistemas conjugados nanopartículas-endolisinas contra bacterias gram negativas y su potencial uso en medicina veterinaria	148
Valenti, Marta	
381 Hacia un modelo de levadura para el estudio del inflammasoma. expresión en saccharomyces cerevisiae de receptores de tipo nod humanos	347
Valentín, Eulogio	
92 Wall incorporation of the β -1,3-glucan crosslinking protein pir1 in candida albicans is facilitated by two or more pir repeat units	339
Valentino, Vincenzo	
179 Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
354 Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
Valenzuela, Juan Manuel	
125 Impacto de la depredación por protistas en la resistencia a estrés y antibióticos en el patógeno oportunista burkholderia cenocepacia	258
Valenzuela, Susana	
412 Evaluación de monooxigenasas líticas de polisacáridos (Ipmos) para la funcionización de la celulosa	240
Valgañón, Elena	
239 Capacidad productora de biosurfactantes y bacteriocinas por parte de bacterias halófilas y halotolerantes	224
Valhondo, Cristina	
357 Evaluación de una barrera reactiva para la mejora de la calidad de agua en un sistema de tratamiento suelo-acuífero.	117
Valladares Hernández, Basilio	
104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
Valle T. Figueras, Ines	
10 Infecciones por achromobacter denitrificans/xylooxidans. ¿ estamos ante un patógeno emergente ?	349
17 Pseudomonas putida productora de carbapenemasa de tipo vim y transmisión nosocomial.	350
Valle Turrillas, Jaione	
208 Un nueva mini-proteína induce la formación de agregados proteicos que insolubilizan las lipasas extracelulares de staphylococcus aureus	272
229 Detección de amiloides patogénicos en la microbiota intestinal	372
Vallejo, Juan A.	
189 Análisis taxonómico y metatranscriptómico de la microbiota del tejido tumoral en cáncer de Colon.	85
Valls, Marc	
102 Insights on the ralstonia solanacearum life cycle: adaptation to the host and to the environment	443
Valverde Corredor, Antonio	
32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo	438

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Valverde Urrea, Miguel Rodrigo	
285 Microbioma pulmonar y medioambiente	344
Valverde, Angel	
55 Agroecosistemas sostenibles para las personas y los microorganismos	493
Van Lithaut, Aurélien	
296 Multidisciplinary characterization of the antimicrobial activity of selenium nanoparticles produced by different subcellular fractions of <i>Stenotrophomonas bentonitica</i> bii-r7.	197
Van Schaik, Willem	
219 Identificación de genes clave para la colonización intestinal por enterococos multirresistentes.	86
Varela Aramburu, Silvia	
145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a <i>Streptococcus pneumoniae</i>	260
Vargas Macías, Carmen	
311 Búsqueda de nuevos sideróforos de interés industrial producidos por bacterias halófilas moderadas combinando screening in silico e in vivo	233
323 Efecto del medio de cultivo y de la salinidad en la producción de biosurfactantes por bacterias halófilas moderadas	237
299 Sistemas de señalización implicados en la detección de estrés oxidativo y hierro en la bacteria halófila <i>Chromohalobacter salexigens</i>	279
300 Integración de datos multiómicos para el análisis de la adaptación metabólica de la bacteria extremófila <i>Chromohalobacter salexigens</i>	231
Varona, Sarai	
283 El organismo, una inesperada autopista bacteriana.	382
Vázquez Arias, David	
359 Analysis of the <i>Pseudomonas ogarae</i> f113 secretome reveals two new type VI secretion systems effectors	109
Vázquez Iglesias, Lucía	
63 <i>Epicoccum</i> sp. como agente causal de manchas marrón-rojizas en la superficie de un queso duro de leche cruda de oveja	415
Vázquez, Rosa	
352 Aislamiento y caracterización de nuevos bacteriófagos líticos para el control biológico de enfermedades causadas por <i>Xanthomonas</i> spp. en diversos huéspedes	455
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicac valenciana (Fago@val).....	314
Vázquez, Covadonga	
337 Incidencia de hongos productores de micotoxinas en uvas ecológicas	431
Velázquez, Encarna	
540 Presentaciones interactivas y minivideos en redes sociales para motivar	135
Vences, Ana	
387 Est80, enzima hidrolítica de tween-80 en el patógeno marino <i>Photobacterium damsela</i> subsp. <i>damsela</i> : propuesta de una nueva familia de esterases	488
388 Impacto del lipopolisacárido en la virulencia y la resistencia a péptidos antimicrobianos en el patógeno marino <i>Photobacterium damsela</i> subsp. <i>damsela</i>	489



Ventosa Uceró, Antonio

139 Metagenómica y diversidad procariota de las salinas de isla cristina (huelva)	497
142 Diversidad procariota (in)dependiente de cultivo en suelos hipersalinos de las marismas del odiel	178
180 Una nueva arquea halófila extrema del género haloarcula aislada de suelos hipersalinos	500
500 ¿Quién vive en mi yogur? Echemos un microvistazo	304
502 Acercando la microbiología a los más pequeños.....	306
532 Micromundo@sevilla2023	331

Vera Gargallo, Blanca

139 Metagenómica y diversidad procariota de las salinas de isla cristina (huelva)	497
502 Acercando la microbiología a los más pequeños	306

Vera Peña, Luisa M^a

104 Evolución de la calidad biológica de las aguas regeneradas en la isla de Tenerife	360
---	-----

Verdú Expósito, Cristina

384 Evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana de la combinación ácido 4-fenilbutírico y un compuesto dendrítico frente a staphylococcus aureus	399
---	-----

Verdú, Fuensanta

336 Isolation of bacillus subtilis spores by tangential flow filtration using the bionet m1 system	238
--	-----

Vergara Gonzalez, Ester

168 Heterogeneidad fenotípica en el superintegrón de vibrio cholerae	265
162 Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263
167 Influencia del entorno genético en el estudio de las dinámicas evolutivas de cassettes de integrón	264
59 Identification of promoter activity in gene-less cassettes from vibronaceae superintegrons	246
64 The expression gradient of integron cassette arrays is shaped by cassette identity	151
74 A Biotechnology tool to detect integron gene cassettes	248

Vicenfrankeira Rodríguez, Rocío

523 Empleo de infografías interactivas difundidas a través de redes sociales y exposiciones físicas para la enseñanza de la microbiología	323
---	-----

Vicente Lasa, Ana

38 Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo	439
--	-----

Vicente Sánchez, Javier

33 Técnica de genotipado para lachancea thermotolerans, una herramienta para el control biológico de la acidez en vinos	337
130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems	156

Vidal Alcantara, Erick Joan

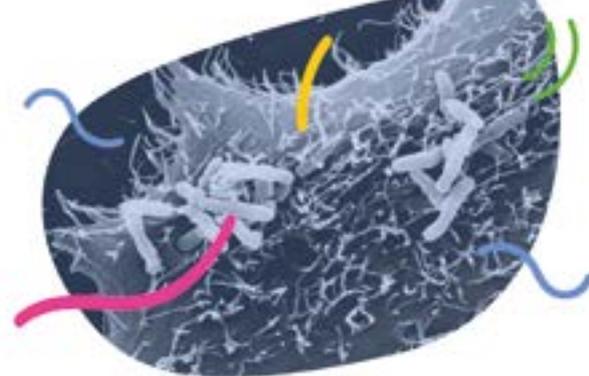
213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas y la covid19 en la resistencia antibiótica en streptococcus pneumoniae	369
---	-----

Vidal Alcántara, Erick Joan

253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa	374
---	-----

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



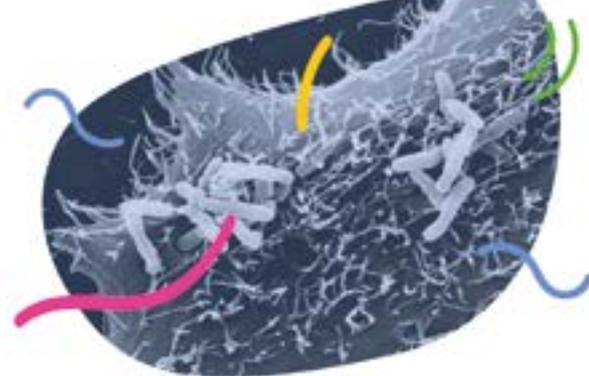
Vidal Diez, Elena	
17 Pseudomonas putida productora de carbapenemasa de tipo vim y transmisión nosocomial.	350
Vidal Roig, M^a Dolors	
44 Patógenos transmitidos por vectores en garrapatas y en sus hospedadores pequeños mamíferos capturados en zonas agrícolas de Castilla Y León	80
416 Análisis de la asignatura de microbiología en los grados de medicina en España	133
Vidal Torres, Erick Joan	
351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la COVID-19 en España	90
Vidal, Ariadna	
152 Efectos de la desecación en las comunidades microbianas del biofilm de dos cuerpos de agua continentales hipersalinos intermitentes	473
Vidal, Erick J.	
218 Diferencias en patogenicidad entre secuencias de tipos del serotipo 3 de Streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva	371
Vidussi, Francesca	
422 Impacto de sucesivas olas de calor en la resiliencia, diversidad y actividad de los microorganismos del mar mediterráneo	122
Vielva, Luis	
393 Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de Salmonella typhi.	293
Vila Fajardo, Pablo	
238 Detección y cuantificación de virus entéricos en aguas residuales mediante RT-PCR en tiempo real durante la pandemia de COVID-19	479
Vila, Jean CC	
130 Studying the phylo-functional diversity and interspecies interactions patterns to define the community-function landscape of wine yeast ecosystems	156
Villadas Latorre, Pablo J	
31 Papel de la microbiota radicular en el decaimiento de Pinus sylvestris en el parque nacional de Sierra Nevada	437
32 Explorando la diversidad microbiana en las semillas del olivo	438
38 Los tres bioindicadores bacterianos de los incendios forestales a largo plazo	439
Villalón, Altea	
327 Microbiota asociada a las balsas de tratamiento de carrocerías de automóviles	199
Villar-Depablo, Mar	
226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural	192
Villar-Moreno, Rafael	
403 Construcción y caracterización de una comunidad sintética de tres Pseudomonas chlororaphis para el estudio de interacciones bacteria-planta-patógeno.	111
Vinuesa, Teresa	
258 Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de Escherichia coli MDR	376
279 Estudio de la microbiota oral en molares temporales sanos en comparación con molares restaurados con coronas de acero inoxidable	380
288 Antimicrobial activity of (WR)3F, a novel synthetic cationic peptide	384



295	Uso de nuevas tecnologías en el aprendizaje de microbiología en ciencias de la salud: experiencia en los últimos 5 años	301
519	Teaching Innovation in Microbiology before, during and after the COVID-19 pandemic	320
Viñas, Miguel		
258	Combinaciones de viejos polipéptidos frente a cepas clínicas de escherichia coli mdr	376
288	Antimicrobial activity of (wr)3f, a novel synthetic cationic peptide	384
289	Antimicrobial Activity Of The Novel Cationic Peptide (RW)3F	88
Viñas, Marc		
330	Utilización de sensores bioelectroquímicos en mesocosmos exteriores de suelo postcosecha de arrozal del delta del ebro	130
Vioque Peña, Agustín		
70	Implicaciones reguladoras de la transcripción antisentido en cianobacterias	247
Vizcaíno Rodríguez, María		
306	Principales agentes causantes de la mastitis caprina: análisis en leche de tanque y animales individuales	429
Vizcaíno, Nieves		
339	Sistema exportador de zn ²⁺ znta-zntr: papel en la homeostasis de metales y en la virulencia de brucella ovis	392
526	Videotutoriales interactivos en microbiología: mejora del proceso enseñanza-aprendizaje, adaptación a circunstancias especiales y sobrevenidas y virtualización de la docencia	326
Vleugels, Marle E. J.		
145	Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a streptococcus pneumoniae	260
Von Stempel, Alexandra		
162	Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263
Wagner, Martin		
179	Análisis de resistoma en metagenomas de materias primas, producto final y ambientes de más de 100 industrias alimentarias europeas.	168
354	Evaluación de la resistencia a antimicrobianos asociada a elementos genéticos móviles en alimentos y entornos de producción de alimentos	173
Wagner, Martin		
543	Educational needs in the food systems microbiome	138
Wang, Qi		
223	Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular	105
Webb, Hattie E		
393	Las redes de pangenomas como herramienta clave para mejorar la resolución en el análisis de brotes de salmonella typhi.	293
Weber, Bettina		
333	Microorganismos aerotransportados en polvo sahariano y depositados en lluvia de barro	484
Weber, Jens		
333	Microorganismos aerotransportados en polvo sahariano y depositados en lluvia de barro	484
Weiss, Anna S.		
162	Impacto de los genes de resistencia de integrones en el fitness bacteriano	263

Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



Wierzchos, Jacek	
226 Nuevas estrategias para evaluar la eficacia de tratamientos con biocidas para la lucha contra el biodeterioro de nuestro patrimonio cultural	192
Wilches Ortiz, Wilmar Alexander	
7 Hongos formadores de micorrizas arbusculares (hfma) en la absorción nutricional de la caña de azúcar para la producción de panela.	433
Wilhelms, Frank	
278 Desvelando respuestas al cambio climático a partir de microorganismos marinos antiguos preservados en hielo marino antártico	116
Yagüe Anguís, Carlos	
78 Caracterización del aerobioma en un ambiente hospitalario y evaluación del efecto de la ventilación natural	176
Yagüe, Paula	
60 The SCO0954 N-Acetyltransferase, sco4439 d-alanyl-d-alanine carboxypeptidase, sco4440 golph3 and sco1758 enga-gtpase proteins participate in wall-deficient cells formation in streptomyces coelicolor	141
Yañez Soria, Sara	
10 Infecciones por achromobacter denitrificans/xylosoxidans. ¿ estamos ante un patógeno emergente ?	349
Yañez, Adela	
368 Cianobacterias no fotosintéticas en el ciclo del agua: del subsuelo al intestino	368
Yañez Boyer, Alberto	
76 Candida albicans pca2 vaccination induces a trained protective response in myeloid cells.	356
77 Direct tlr2 signaling through mtor and tbk1 induces c/ebp β and irf7-dependent macrophage differentiation in hematopoietic stem and progenitor cells	357
Yeramian Hakim, Nadine	
271 Evolución anual (octubre 2020-2021) de sars-cov-2 y norovirus en aguas residuales en el municipio de valladolid	115
310 Desarrollo de nuevo método más ecológico de aislamiento, purificación y concentración de virus en alimentos	172
373 Análisis microbiológico de aguas residuales urbanas en burgos: caracterización y resistencia de bacterias patógenas causantes de enfermedades infecciosas y alimentarias	486
374 Evaluación de la sensibilidad de medios cromogénicos selectivos diferenciales para la identificación de bacterias patógenas en aguas	487
Yubero Funes, Eduardo	
212 Visualización y detección de las partículas de sars-cov-2 en aerosoles de pacientes con COVID-19	368
Yuste Lobo, Jose	
218 Diferencias en patogenicidad entre secuencitipos del serotipo 3 de streptococcus pneumoniae en el contexto de la enfermedad neumocócica invasiva	371
351 Enfermedad neumocócica invasiva e impacto de la covid19 en españa	90
213 Impacto de las vacunas conjugadas antineumocócicas Y La COVID19 en la resistencia Antibiótica en streptococcus pneumoniae	369

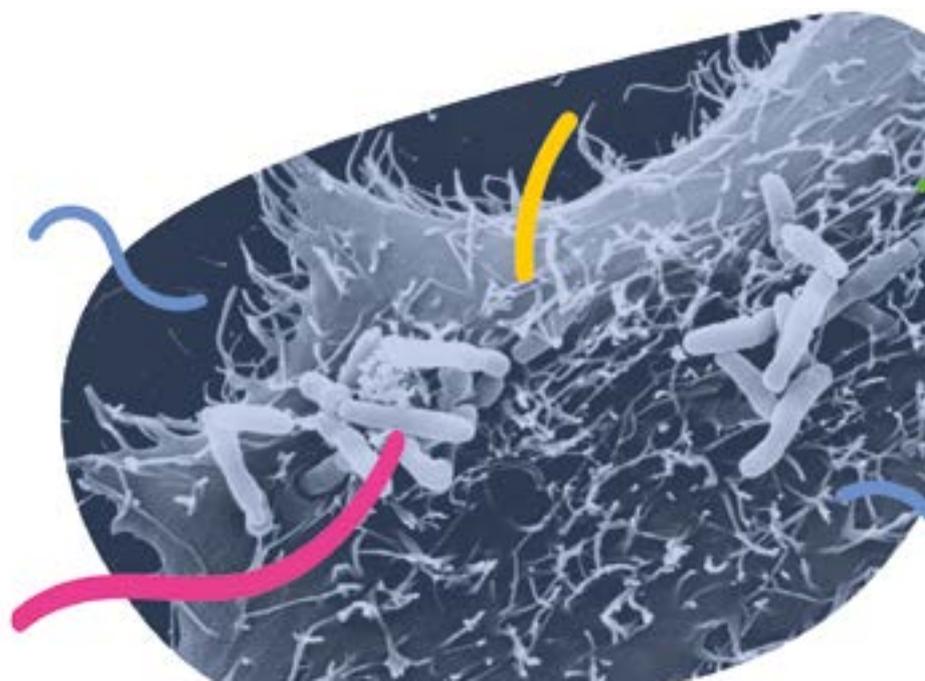


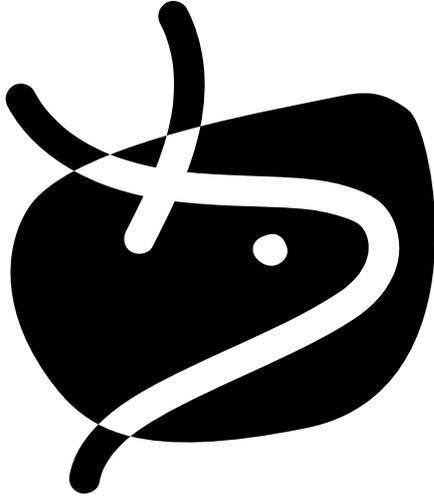
253 Evolución de los serotipos emergentes no vacunales 22f y 33f causantes de enfermedad neumocócica invasiva en españa	374
263 Efecto sinérgico de n-acetil-l-cisteina y cefditoren en biofilms de streptococcus pneumoniae multirresistente	378
Zadjelovic, Vinko	
128 Mechanistic understanding of recalcitrant plastic biodegradation	123
Zamora De Alba, Emiliano	
188 Caracterización de levaduras no-saccharomyces para la elaboración de cerveza artesana	169
Zango Mostazo, Verónica	
181 Estimación del recuento de microorganismos aerobios mesófilos en carne fresca mediante visión hiperespectral	420
Zaragoza Hernández, Óscar	
355 Caracterización de cepas de candida parapsilosis resistente a azoles causante de brotes en hospitales de españa durante la pandemia COVID-19	394
Zaragoza, Oscar	
402 El ácido retinoico inhibe la formación de las células gigantes de cryptococcus neoformans reduciendo los radicales libres endógenos	103
Zarazaga, Myriam	
214 Detección y caracterización de cepas escherichia coli enteropatógena (epec) aisladas de la cavidad nasal de cerdos potencialmente sanos	273
Zarychta Drabik, Weronika Kinga	
145 Nuevos antimicrobianos basados en estructuras supramoleculares: nanofibras multivalentes de benceno-tricarboxamida frente a streptococcus pneumoniae	260
Zhang, Pengfan	
223 Descifrando las interacciones entre lupinus y su microbiota radicular	105
Zhulin, Igor B.	
183 Mechanisms of indole-3-acetic acid biosynthesis and the regulatory effects of auxins on antibiotic production in a biocontrol rhizobacterium	159
Ziemyte, Migle	
49 Self-propelled vancomycin loaded mesoporous nanoparticles for bacterial biofilm eradication ..	353
53 Desarrollo de un modelo in vitro para el estudio de biofilms en tiempo real: potenciales aplicaciones y validación clínica	81
Zueco, Jesús	
177 Actividad antimicrobiana de cepas bacterianas aisladas de suelos de ecosistemas naturales subterráneos de la comunidad valenciana	499
513 Enseñanza activa y búsqueda colaborativa de bacteriófagos frente a las superbacterias en la comunicación valenciana (Fago@val)	314
516 Innovación docente en microbiología en la Universitat de València	317
Zúñiga Galilea, Rubén	
93 Efecto de la radiación ultravioleta b sobre mohos patógenos de setas cultivadas	358
Zurita, Sofía G.	
314 Resistencia frente a los antibióticos en aislados de escherichia coli procedentes de perros con infección del tracto urinario	389
518 Cuestionario de autoevaluación presencial	319



XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA

BURGOS 2023





XXIX Congreso
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA
BURGOS 2023

VIAJES *El Corte Inglés*

CONGRESOS