

Microbiología ambiental en Baleares

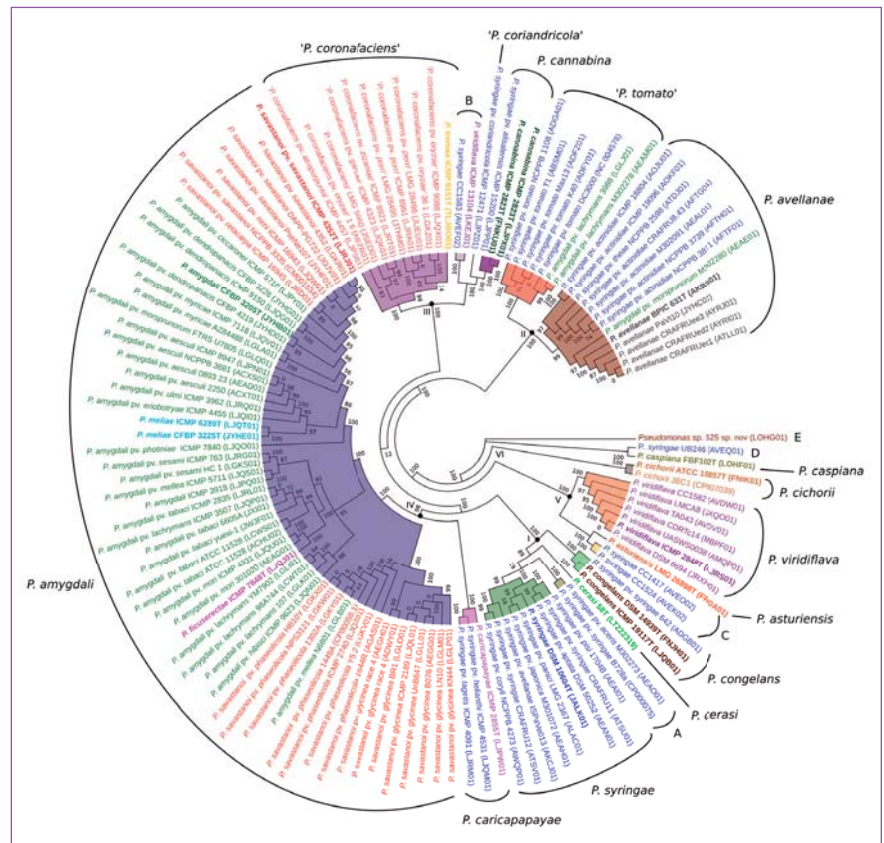
Carlota Alejandre, Josep Amengual, Antonio Busquets, Antonio Bennasar, Rafael Bosch, Sara Díaz, Francisca Font, Joan Francisco Gago, Elena García-Valdés, Margarita Gomila, Jorge Lalucat, Ana Menéndez, María Montaner, Magdalena Mulet, Raúl Muñoz, Balbina Nogales, Cristina Ramón, Ramon Rosselló-Móra, Guillermo Seguí, Mercedes Urdiain y Tomeu Viver



Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Campus UIB, Crtra. Valldemossa km 7.5, 07122 Palma de Mallorca IMEDEA (CSIC-UIB), c. Miquel Marqués 21, 07190 Esporles (Baleares)

El grupo de investigación "Microbiología" es uno de los grupos de excelencia reconocidos por la Dirección General de Innovación e Investigación del Gobierno de la Comunidad Autónoma de las Islas Baleares. Los miembros del grupo están integrados en las tres instituciones principales de Investigación en Baleares: la Universidad (Departamento de Biología), el Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados (IMEDEA, CSIC-UIB) y el Instituto Universitario de Investigación en Ciencias de la Salud (IUNICS). Está constituido en estos momentos por todas las personas relacionadas como autores del artículo. Los miembros del grupo son responsables de la organización y docencia del Máster Universitario Microbiología Avanzada (<http://estudis.uib.es/es/master/MMAV/>) y del programa de Doctorado en Microbiología Ambiental y Biomédica (<http://estudis.uib.es/es/doctorat/TMAB/>) que se imparten en la UIB.

Desde el inicio del grupo a finales de los años 70, coincidente con la constitución de la universidad, el grupo ha focalizado sus investigaciones en el estudio de los microorganismos en su ambiente, lo que ha conducido a la especialización en Microbiología Ambiental, aunque se han hecho incursiones en otros ámbitos. La necesidad de disponer de buenas técnicas de identificación de los microorganismos ha sido una preocupación constante a lo largo de los años, lo que ha conducido en estos 40 años a la incorporación de las tecnologías que se iban desarrollando en cada momento para entender la clasificación y filogenia de los procariontes. Cuando ello no ha sido posible, se han establecido colaboraciones con otros



Impacto de los estudios genómicos en la taxonomía del género *Pseudomonas*. Representación de las relaciones genómicas entre cepas de las 15 especies reconocidas dentro del grupo filogenético representado por *Pseudomonas syringae*. El estudio, basado en el análisis de las secuencias de 219 genes monocopia, demuestra que existen por lo menos 7 especies filogenómicas no descritas como especies en taxonomía y que 4 consideradas actualmente como especies distintas deberían reagruparse en una sola (Gomila et al., 2017).

grupos nacionales e internacionales para mantener el nivel de competitividad exigido en la investigación. En estos momentos, se colabora con grupos de investigación en Suecia y Portugal para utilizar la técnica de "optical mapping" (mapeo óptico) para facilitar el ensamblaje de lecturas largas de DNA

o en la secuenciación de plásmidos (Bogas et al., 2017). También se colabora con USA y Alemania para conseguir que la diversidad microbiana no cultivable disponga de un reconocimiento en la taxonomía de procariontes mediante la clasificación de especies por metagenómica (Konstantinidis et al.,

2017). Los estudios de proteogenómica se realizan en colaboración con la Universidad de Warwick (Gran Bretaña). Consecuencia de las investigaciones realizadas es que los miembros del grupo han descubierto y descrito hasta este momento más de 50 especies bacterianas nuevas.

Las investigaciones realizadas a lo largo de los años acerca de la ecología de los procariontes en ambientes naturales, sobre todo acuáticos, marinos e hipersalinos, han conducido a la especialización del grupo en sistemática bacteriana y al estudio de la microbiota de ambientes contaminados y sus posibles aplicaciones en biorremediación. Para ello, se utilizan tanto técnicas dependientes de cultivo (aislamiento, genómica, espectrometría de masas, marcadores filogenéticos, metabolómica, etc.) como independientes de cultivo (metagenómica, secuenciación masiva de amplicones, microscopía de fluorescencia, etc.). Como en casi todos los laboratorios del mundo, también tenemos nuestros microorganismos predilectos que nos sirven de modelo para estudios autoecológicos: arqueas y bacterias halófilas, los miembros del clado *Roseobacter*, las especies del género *Pseudomonas*, o las de crecimiento rápido dentro del género *Mycobacterium*.

HALÓFILOS/SALINIBACTER

La investigación en este campo se realiza tanto por el aislamiento en cultivo puro y estudios genómicos y metabolómicos de las distintas especies de *Salinibacter* para conocer su biogeografía, microdiversidad y evolución (Antón et al., 2013, Viver et al., 2017). También, los estudios en sistemas hipersalinos se realizan por medio de técnicas independientes del cultivo tanto por secuenciación masiva de amplicones (Mora-Ruiz et al., 2018) como por metagenómica y reclutamiento de "metagenome assembled genomes" (MAGs; Viver et al., 2017).

LINAJE ROSEOBACTER

Los miembros del linaje *Roseobacter* son muy abundantes en aguas costeras, llegando a suponer hasta el 20% del total de las bacterias presentes en ellas. Estas aguas costeras están siendo crónicamente contaminadas por

hidrocarburos debido a la actividad humana. Por este motivo, nuestro grupo se ha centrado en los últimos años en analizar la presencia de *Roseobacters* en zonas portuarias y en caracterizar el potencial degradador de hidrocarburos de los miembros del linaje. Las aproximaciones llevadas a cabo han sido tanto independientes como dependientes de cultivo. En esta última estrategia se centra el trabajo que realizamos actualmente, principalmente por análisis genómico comparativo del potencial catabólico de todos los miembros secuenciados del linaje (Alejandro-Marín et al., 2014), así como por caracterización proteogenómica y fisiológica del potencial degradador de hidrocarburos de nuestro *Roseobacter* modelo: *Citricella aestuarii* 357 (Suárez-Suárez et al., 2012).

MYCOBACTERIUM

Las especies de crecimiento rápido del género *Mycobacterium*, como *M. abscessus*, *M. chelonae*, *M. immunogenium* o *M. llutzerense*, son de origen ambiental y se comportan como patógenos oportunistas. Constituyen un buen modelo para buscar evidencias genómicas que expliquen la capacidad de estas especies para desencadenar una infección en determinadas situaciones. Se ha caracterizado por vías genómica y experimental un sistema toxina-antitoxina potencialmente relacionado con funciones de patogenicidad, como son la persistencia celular en un estado de latencia cuando las condiciones son adversas y luego volver a un estado de normalidad cuando desaparece la presión negativa y reproducir una infección (Jaén-Luchoro et al., 2017)

PSEUDOMONAS

Los estudios filogenómicos aplicados a este género está permitiendo la diferenciación precisa entre especies, lo que conllevará un incremento importante en el número de especies descritas (Gomila et al., 2015). Además, demuestra que los linajes y grupos filogenéticos definidos dentro del género están claramente diferenciados. Los estudios filogenómicos están ayudando a la diferenciación entre cepas ambientales y otras de las mismas especies que pueden ser patógenas para humanos, animales y plantas (Mulet et

al., 2017; Gomila et al., 2017). El estudio taxonómico de *Pseudomonas* patógenas de plantas representa una línea de futuro que se ha iniciado gracias a colaboraciones internacionales.

XYLELLA

La introducción reciente de este patógeno vegetal en Europa (Italia 2013, Baleares 2016, Alicante 2017, y recientemente en Madrid) ha promovido la creación de grupos de trabajo para su estudio. Las administraciones europeas, nacionales y regionales inician la financiación de proyectos de investigación para encontrar soluciones. Nuestro grupo participa en un proyecto nacional (INIA), un proyecto europeo (EFSA) y dos locales financiados por la Caixa y la consejería de Innovación, Investigación y Turismo del Gobierno Balear. Todos ellos se han puesto en marcha, o se iniciarán a lo largo de 2018.

BASES DE DATOS

El disponer de bases de datos fiables es actualmente un punto crítico en taxonomía bacteriana. No solo han de contener datos contrastados, sino que además hay que intentar mantenerlas actualizadas con la mayor frecuencia posible. Miembros del grupo participan en JSpeciesWS o "The All-Species Living Tree Project" (LTP; www.arb-silva.de/projects/living-tree/) muy útil en la diferenciación de especies bacterianas. Recientemente se ha propuesto el inicio de una base de datos que incluya la descripción de las nuevas especies bacterianas que se clasifiquen bajo el nombre de "Digital Protologue" (<http://imedea.uib-csic.es/dprotologue/>) (Rosselló-Móra et al., 2017) que está teniendo muy buena aceptación.

ENLACES DE INTERÉS

- Información del grupo: [http://www.uib.es/es/recherche/estructures/grups/grup/MICROBIO/](http://www.uib.es/es/recherche/structures/grups/grup/MICROBIO/)
- Microbiología del medio ambiente dentro del Departamento de Biodiversidad animal y microbiana: http://imedea.uib-csic.es/research_ru.php?l=8

AGRADECIMIENTOS

Los proyectos de investigación actualmente vigentes están financiados por el Plan Nacional de investigación (MINECO), el Instituto de Salud Carlos III, el INIA, la EFSA, la Dirección General de Investigación del Gobierno Balear y la Obra Social de la Fundación Bancaria "La Caixa".

BIBLIOGRAFÍA

- Alejandro-Marín C.M., Bosch R., Nogales B. (2014). Comparative genomics of the protocatechuate branch of the beta-ketoadipate pathway in the *Roseobacter* lineage. *Marine Genomics*. 17: 25-33.
- Antón, J., Lucio, M., Peña, A., Cifuentes, A., Brito-Echeverría, J., Moritz, F., Tziotis, D., López, C., Urdiain, M., Schmitt-Kopplin, P., Rosselló-Móra, R. (2013). High metabolomic microdiversity within co-occurring isolates of the extremely halophilic bacterium *Salinibacter ruber*. *PLoS ONE* 8(5): e64701
- Bogas D., Nyberg L., Pacheco R., Azevedo N.F., Beech J.P., Gomila M., Lalucat J., Manaia C.M., Nunes O.C., Tegenfeldt J.O., Westerlund F. (2017). Applications of optical DNA mapping in microbiology. *Biotechniques*. Jun 1;62(6):255-267. doi: 10.2144/000114555.
- Gomila M., Peña A., Mulet M., Lalucat J. García-Valdés E. (2015) Phylogenomics and systematics in *Pseudomonas*. *Front. Microbiol.* doi: 10.3389/fmicb.2015.00214
- Gomila M., Busquets A., Mulet M., García-Valdés E., Lalucat J. Clarification of the taxonomic status within the *Pseudomonas syringae* species group based on a phylogenomic analysis. *Front. Microbiol.* (2017) doi: 10.3389/fmicb.2017.02422
- Jaén-Luchoro D., Aliaga-Lozano F., Gomila R.M., Gomila M., Salvá-Serra F., Lalucat J., Bennasar-Figueras A. (2017). First insights into a type II toxin-antitoxin system from the clinical isolate *Mycobacterium* sp. MHS3, similar to epsilon/zeta systems. *PLoS One*.12(12): e0189459. doi: 10.1371/journal.pone.0189459
- Konstantinidis, K.T., Rossello-Mora, R., Amann, R.I. (2017) Uncultivated microbes in need of their own taxonomy. *ISME J*. 11: 2399-2406. doi: 10.1038/ismej.2017.113.
- Mora-Ruiz, M. del R., Cifuentes, A., Font-Verdera, F., Pérez-Fernández, C., Fariás M.E., González B., Orfila A., Rossello-Mora, R. (2018). Biogeographical patterns of bacterial and archaeal communities from distant hypersaline environments. *Syst Appl Microbiol*. 41, 139-150
- Mulet, M., Gomila, M., Ramírez, A., Cardew S., Moore E.R.B., Lalucat J., García-Valdés E. (2017). Uncommonly isolated clinical *Pseudomonas*: identification and phylogenetic assignment. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 36:351. doi:10.1007/s10096-016-2808-4.
- Rosselló-Móra R., Trujillo M., Sutcliffe I.C. (2017). Introducing a digital protologue: a timely move towards a database-driven systematics of archaea and bacteria *Antonie Van Leeuwenhoek*. 110(4):455-456. doi: 10.1007/s10482-017-0841-7.
- Suarez-Suarez L.Y., Brunet-Galmes I., Piña-Villalonga J.M., Christie-Oleza J.A., Peña A., Ben-nasar A., Armengaud J., Nogales B., Bosch R. (2012). Draft genome sequence of *Citricella aestuarii* strain 357, a member of the *Roseobacter* clade isolated without xenobiotic pressure from a petroleum-polluted beach. *J Bacteriol*. 194: 5464-5465.
- Viver, T., Orellana, L.H., Hatt, J.K., Urdiain, M., Díaz, M., Richter, M., Antón, J., Avian, M., Amann, R., Konstantinidis, K.T., Rosselló-Móra, R. (2017). The low diverse gastric microbiome of the jellyfish *Cotylorhiza tuberculata* is dominated by four novel taxa. *Environ. Microbiol*. 19: 3039-3058.
- Viver, T., Orellana, L.H., González-Torres, P., Díaz, M., Urdiain, M., Fariás M.E., Benes V., Kämpfer, P., Shahinpei A., Amoozegar M.A., Amann, R., Antón, J., Konstantinidis, K.T., Rosselló-Móra, R. (2018). Genomic comparison between members of the *Salinibacteraceae* family, and description of a new species of *Salinibacter* (*Salinibacter altiplanensis* sp. Nov.) isolated from high altitude hypersaline environments of the Argentinian altiplano. *Syst. Appl. Microbiol*. 41, 198-212.

 SEM XII Reunión del Grupo Microbiología Molecular


La XII Reunión Científica del Grupo especializado de Microbiología Molecular de la SEM tendrá lugar en Zaragoza, los días 5 al 7 de Septiembre. La Reunión está organizada por la Universidad de Zaragoza y el consorcio Campus Íberus.

Como en ocasiones anteriores, las sesiones científicas se centrarán en Biotecnología Microbiana, Patogenicidad, Antimicrobianos, Fisiología y Metabolismo, Regulación Génica, etc.

¡Esperamos vuestra participación!

Comité Organizador: Jesús A. Gonzalo, Carlos Martín, María Fillat, Rosa Bolea y José A. Aínsa

Página web: <https://micromolecular2018.wordpress.com>