

## III Premio de fotografía *Federico Uruburu*

Teresa Aymerich, Margarita Garriga, Begoña Marcos y Josep M<sup>a</sup> Monfort

### *“Entramado”*

Película de PVOH para envasado activo antimicrobiano observada bajo el microscopio electrónico de barrido.  
IRTA-Tecnología de los Alimentos. Finca Camps i Armet. 17121 Monells.

## NUESTROS SOCIOS PUBLICAN

### UN GRUPO DE LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA PARTICIPA EN LA ANOTACIÓN DEL GENOMA DE *Fusarium graminearum*.

El artículo describe el desciframiento y análisis del genoma completo del hongo patógeno de cereales, *Fusarium graminearum*, causante de grandes pérdidas económicas a nivel mundial y además produce micotoxinas que contaminan el grano almacenado por lo que representa una amenaza para la salud humana y animal. La iniciativa para la secuenciación y el análisis del genoma ha sido liderada por el Profesor Corby Kistler de la Universidad de Minnesota, en colaboración con el Broad Institute del Massachusetts Institute of Technology (MIT) y la Universidad de Harvard (EEUU) [Cuomo *et al*, *Science* 317 (5843):1400-1402 (2007)].

En el trabajo han participado 45 investigadores de 8 países, de los cuales **Antonio Di Pietro** y **M. Isabel G. Roncero**, socios de la SEM, pertenecen al Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba. Este grupo lleva trabajando más de 15 años en los mecanismos de patogénesis de *Fusarium* y ha contribuido con su experiencia al análisis e interpretación de las secuencias genómicas de este hongo patógeno. El objetivo final del proyecto es identificar aquellos genes relevantes para el desarrollo de la infección. Este conocimiento es de gran interés al permitir el desarrollo de nuevos métodos para el control sostenible y eficaz de las enfermedades de las plantas.

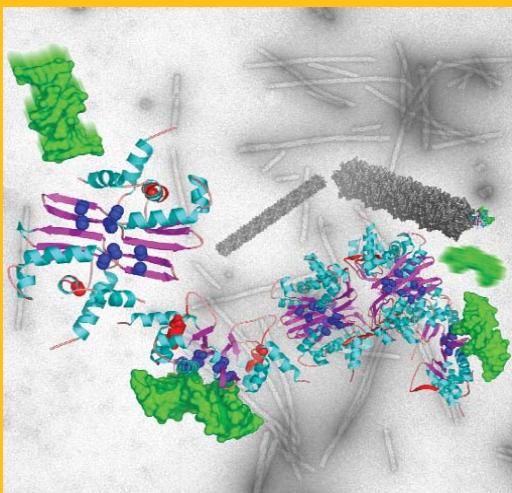


### UN ANÁLOGO BACTERIANO DE LA PROTEÍNA DEL PRION

**Rafael Giraldo** (CIB-CSIC), socio de la SEM, acaba de publicar [*PNAS* 104, 17388-17393 (2007)] que pequeñas moléculas de ADN, dependiendo de su secuencia de nucleótidos, pueden inducir en una proteína modelo (RepA-WH1, del plásmido de *Pseudomonas* pPS10) la formación de polímeros fibrilares de naturaleza amiloide. Hasta la fecha, dicho comportamiento sólo se conocía en la proteína del prion de mamíferos (PrP).

#### IMAGEN:

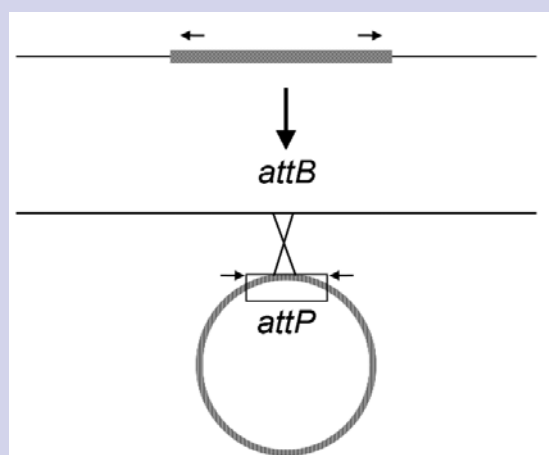
El ADN puede inducir la agregación de proteínas amiloides. La interacción transitoria de cortas secuencias de ADN (en verde) con RepA-WH1 (cintas:  $\alpha$ -hélices en celeste, hebras- $\beta$  en violeta), neutraliza un grupo de residuos básicos (esferas azules) en la proteína, actuando así como "chaperona" en el ensamblaje de las fibras amiloides (fondo de la imagen).




### UN NUEVO MÉTODO PARA CUANTIFICAR ALTERACIONES EN EL MATERIAL GENÉTICO

Esta metodología cuantifica la capacidad de condiciones físicas y de compuestos químicos para inducir alteraciones en el material genético. La técnica se fundamenta en la detección de la respuesta SOS, medida como la liberación de profagos de bacterias lisogénicas mediante RT-PCR. Para ello, el grupo de **Evaristo Suárez**, socio de la SEM, usa como cebadores oligonucleótidos convergentes que flanquean la región *attP* (de integración) del fago (Figura 1). El método se ha puesto a punto con bacterias Gram positivas (*Lactobacillus casei*/fago A2 y Gram negativas (*Escherichia coli*/lambda) para minimizar los problemas de impermeabilidad derivados de la estructura peculiar de cada tipo de pared celular [Soberón *et al*, *Appl. Environ. Microbiol.* 73: 2815-2819 (2007)].

**IMAGEN:** Esquema de la disposición del DNA viral (línea gruesa) respecto al bacteriano. Los sitios *attP* y *attB* son los puntos en los que ocurre la recombinación que conducirá a la integración/escisión del DNA viral. Las flechas horizontales representan a los oligonucleótidos cebadores. Los oligonucleótidos, que tienen orientación divergente en el fago integrado, pasan a ser convergentes en el DNA viral autónomo. El rectángulo colocado entre ambos cebadores representa el segmento que resultará amplificado por PCR.



# Actualidad



Número 44

Diciembre 2007

<b>SEM Digital: una nueva cultura microbiológica</b>	por Ricardo Guerrero	<b>1</b>
<b>Nombres propios</b>		<b>2</b>
<i>María Dolores García López (Loly)</i>		2
<i>Rafael Rotger</i>		3
<i>Arthur Kornberg</i>		4
<i>Antonio Ventosa</i>		5
<i>Victor de Lorenzo</i>		5
<b>Informes de los grupos</b>		<b>6</b>
<b>Socios que deben actualizar datos</b>		<b>9</b>
<b>Reseñas de congresos</b>		<b>10</b>
<i>Retos futuros de las colecciones de cultivo</i>		10
<i>Microbial diversity in the biosphere: trends and new perspectives</i>		11
<b>II Premio UNIA al mejor trabajo científico sobre residuos sólidos urbanos</b>		<b>14</b>
<b>Nuevos socios de la SEM</b>		<b>14</b>
<b>Apuntes y comentarios</b>	por Victoriano Garre	<b>15</b>
<i>¿Dará el T-DNA un nuevo empuje a la genómica funcional de los hongos?</i>		15
<b>Escrito de los miembros de la Comisión Nacional de la Especialidad de Microbiología y Parasitología</b>		<b>16</b>
<b>Temas de Actualidad</b>		<b>18</b>
<b>Tesis Doctorales</b>		<b>30</b>
<i>Aurora Menéndez González, Beatriz Rojo Bezares, Ainel Alemán Pérez, Julio Romero Noguera, Fernando Poyatos Jiménez, Susana Eugenia Velasco Arbides</i>		
<b>Novedades bibliográficas</b>		<b>34</b>
<b>Congresos y reuniones</b>		<b>35</b>
<b>Cursos</b>		<b>36</b>
<i>X Curso de Doctorado y Postgrado sobre "Biodeterioro de materiales"</i>		36
<i>VI Workshop sobre métodos rápidos y automatización en Microbiología Alimentaria</i>		36
<b>Menudos bichos</b>		<b>38</b>

## En este número:

- **Influencia en el aroma de queso del catabolismo de aminoácidos por *Lactococcus lactis*** por Teresa Requena y Carmen Peláez (pág. 18)
- **Diversidad y estructura de una comunidad microbiana** por Silvia G. Acinas (pág. 24)

# Junta Directiva de la SEM

## Presidente:

Ricard Guerrero Moreno  
Dpto. Microbiología. Facultad de Biología. Universidad Central.  
Avda. Diagonal, 645.  
08028 Barcelona.  
guerrero@iec.cat

## Vice-Presidente:

Ernesto García  
Dpto. Microbiología Molecular.  
Centro de Investigaciones Biológicas, C.S.I.C.  
C/Ramiro de Maeztu.  
28040 Madrid.  
e.garcia@cib.csic.es

## Secretario:

Humberto Martín Brieva  
Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense. 28040 Madrid.  
humberto@farm.ucm.es

## Tesorera:

María Jesús Martínez  
Centro de Investigaciones Biológicas, C.S.I.C.  
C/Ramiro de Maeztu.  
28040 Madrid.  
mjmartinez@cib.csic.es

## Editor de INTERNATIONAL MICROBIOLOGY:

Jordi Mas Castellà  
Fundació Catalana per a la Recerca y la innovació.  
Paseo de Lluís Companys, 23.  
08010 Barcelona.  
jordi.mas@fcri.es

## Editor de Actualidad SEM:

Federico Navarro García  
Dpto. Microbiología II. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense. 28040 Madrid.  
fnavarro@farm.ucm.es

## Directora de la Colección Española de Cultivos Tipo:

Esperanza Garay  
Dpto. Microbiología.  
Edificio de Investigación  
C/ Doctor Moliner, 50  
46100 Burjassot (Valencia).  
esperanza.garay@uv.es

## Vocales:

Juan Luis Barja Pérez  
Dpto. Microbiología y Parasitología. Facultad de Biología. 15706 Santiago de Compostela. (A Coruña).  
mpaetjlb@usc.es

Juan José Borrego García  
Dpto. Microbiología. Facultad de Ciencias. Campus Universitario Teatinos 29071 Málaga.  
jjborrego@uma.es

Rafael Giraldo Suárez  
Dpto. Microbiología Molecular CIB, C.S.I.C. C/Velázquez, 144. 28006 Madrid.  
rgiraldo@cib.csic.es

Juan Ignacio Reguera Useros  
Facultad de Ciencias Universidad de Burgos  
Plaza Missael Bañuelos s/n 09001 Burgos. jiru@ubu.es

Ferrán Ribas Soler  
Sociedad General de Aguas de Barcelona. Pº San Juan, 39.  
08017 Barcelona fribas@agbar.es

Antonio Ventosa Uvero  
Dpto. Microbiología. Facultad de Farmacia. Universidad de Sevilla  
C/Prof. García González, s/n 41012 Sevilla. ventosa@us.es

## Presidentes de Grupos:

### Biodeterioro y Biodegradación

Diego A. Moreno  
Dpto. de Ingeniería y Ciencia de los Materiales. ETS Ingenieros Industriales. Universidad Politécnica de Madrid.  
C/José Gutiérrez Abascal, 2. 28006 Madrid  
diego.moreno@upm.es

### Hongos Filamentosos y Levaduras (Micología)

M<sup>a</sup> Isabel-Reyes González Roncero  
Dpto. Genética. Edificio Mendel 1ª P. Campus de Rabanales. Universidad de Córdoba.  
14071 Córdoba. gelgorom@uco.es

### Microbiología Clínica

Ernesto García  
Dpto. Microbiología Molecular. Centro de Investigaciones Biológicas, C.S.I.C. C/Ramiro de Maeztu. 28040 Madrid.  
e.garcia@cib.csic.es

## Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana

Tomás González Villa  
Dpto. Microbiología y Parasitología. Facultad de Biología. 15782 Santiago de Compostela. mpvilla@usc.es

## Microbiología de los Alimentos

Miguel Ángel Asensio Pérez  
Dpto. Higiene de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad de Extremadura. Ctra. de Trujillo, s/n 10071 Cáceres  
masensio@unex.es

## Microbiología Molecular

Juan M<sup>a</sup> García Lobo  
Dpto. Biología Molecular. Facultad de Medicina. Universidad de Cantabria. C/Cardenal Herrera Oria s/n. 39011 Santander.  
jmglobo@unican.es

## Microbiología del Medio Acuático

Albert Bosch  
Dpto. Microbiología. Facultad de Biología. Universidad Central. Avda. Diagonal, 645.  
08028 Barcelona.  
abosch@ub.edu

## Microbiología de Plantas

Jesús Murillo Martínez.  
Dpto. Producción Agraria. ETSI Agrónomos. Universidad Pública de Navarra. 31006 Pamplona.  
jesus.murillo@unavarra.es

## Protistología

Aurelio Serrano Delgado  
Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis  
CSIC-Universidad de Sevilla  
Avda. Américo Vespucio, 49 41092-Sevilla.  
aurelio@ibvf.csic.es

## Taxonomía, Filogenia y Biodiversidad

Jorge Lalucat Jo  
Dpto. Biología. Área de Microbiología. Universidad de les Illes Balears. Crta. Valldemosa, Km. 7,5. 07071- Palma de Mallorca  
jlalucat@uib.es

## SEM digital: una nueva cultura microbiológica

*Los libros no están muertos (lo que pasa es que se están volviendo digitales)*, es el llamativo titular de una reciente portada de la revista Newsweek. ¿Está exhausta la “galaxia de Gutenberg”, cinco siglos y medio después de empezar a revolucionar la cultura humana? No, cambia la tecnología, pero los objetivos y los contenidos deben seguir siendo los que caracterizaron la revolución científica: profundizar en el conocimiento, difundir los descubrimientos y extender el saber a la mayor cantidad de personas posible. En nuestro caso, conocimientos, descubrimientos y saberes de la ciencia microbiológica. Nuevas tecnologías suponen, e imponen, nuevas capacidades, nuevas actitudes. Nuevos métodos, nueva información... contrastada. Internet es el medio, la biblioteca global. Internet nos tiene que servir no sólo para buscar información, sino para trabajar más eficazmente y para aumentar nuestra capacidad de discriminación, ya que debemos aprender a “separar el grano de la paja” —y, a veces, paja mohosa llena de errores. Y nuevos libros, deben sustituir el enciclopedismo por indicaciones de lugares de trabajo y fuente de información, en Internet, lógicamente. Éste es el principal objetivo del libro *Microorganismos*, de Schaechter et al. [véase *Int. Microbiol.* 9:75-77, e *Int. Microbiol.* 10:157-168], que se publicará en el próximo curso académico, con el apoyo de la SEM.

“¿Qué hay en un nombre?” —le hace decir Shakespeare a la enamorada Julieta. “Eso que llamamos rosa, ¿olería tan fragantemente si tuviera otro nombre?” El mundo digital, y los registros bibliométricos están influyendo en nuestras ineteradas costumbres. La falta de normalización de los nombres de los investigadores y de sus centros en las publicaciones científicas y en las bases de datos es un hecho extendido, lo que disminuye la visibilidad de los autores y de sus centros a nivel internacional y dificulta el cálculo de las citas recibidas. Para remediar ese defecto, la FECYT ha publicado un documento —elaborado por los grupos de investigación EC3 de la Universidad de Granada y Análisis Cuantitativos de Ciencia y Tecnología del CINDOC-CSIC—, que contiene un conjunto de orientaciones extremadamente útiles [[www.accesowok.fecyt.es/recomendaciones\\_publicaciones.html](http://www.accesowok.fecyt.es/recomendaciones_publicaciones.html)]

¿Juan de Dios Lucas del Castillo y Jiménez de la Gándara de Castejón de Arriba? Probablemente, ninguno de los lectores se llame así —y si

así lo es, pido excusas por la coincidencia—, pero es sabido que los nombres y apellidos de los españoles y españolas pueden ser muy largos, y que a veces sorprenden fuera de nuestras fronteras. Cuando abrí una cuenta corriente en Davis, California, hace ya muchos años, me sorprendió que me preguntaran —como contraseña— “your mother’s maiden name”. Las mujeres en España, afortunadamente, no cambian de apellido, ni de documentos, al casarse. En Estados Unidos, pocas personas conocen el apellido original de la madre de un amigo. Viene esto a cuento de que cada país tiene sus costumbres y que es bueno que conservemos cada uno las propias. Y hasta aquí, nos limitamos al terreno de lo privado. Pero, ¿qué pasa cuando aparecemos como autores de un artículo científico en una revista internacional? Según el documento de la FECYT citado, en las bases de datos de Thomson-ISI, el porcentaje de investigadores españoles que aparecen bajo dos o más nombres oscila entre un 20% y un 40%. Y una cosa parecida pasa con los nombres de los centros de trabajo. Los propios investigadores son en parte responsables, ya que utilizan distintas formas de apellidos en distintos artículos. Pero, además, las bases de datos bibliográficas cometen con frecuencia errores, sobre todo a causa de sus prácticas de indización adaptadas a la cultura anglosajona (principalmente, por qué negarlo, norteamericana).

La digitalización conlleva normalización. El océano de Internet necesita singladuras claras. Gutenberg sigue imponiendo su impronta (no, lector, es una O, no una E), y que lo haga por muchos años todavía. Si no ya en papel, en el rigor que él y sus herederos, los editores e impresores, aplicaban a la corrección de lo que imprimían, y del que se carece cuando se deja un documento en Internet. Sería de desear que la actual revolución de la enseñanza universitaria (“la reforma de Bolonia”) supusiera un cambio real de conocimientos, habilidades y actitudes, y no una mera continuación de las “tareas de casa” de siempre, aunque ahora con un nombre altisonante. Y los profesores están dispuestos, pero es la hora de los “administradores” que deben aportar los medios docentes, técnicos y económicos necesarios.

**Ricardo Guerrero**

Presidente de la  
Sociedad Española de Microbiología

## ***Nombres propios***



### **La CECT rinde homenaje a M<sup>a</sup> Dolores García López (Loly)**

Debido a su jubilación, Loly ha terminado su larga y fructífera trayectoria profesional en la Colección Española de Cultivos Tipo (CECT) y en el Departament de Microbiologia i Ecologia de la Universitat de València. Ahora dispondrá de más tiempo para dedicarse a otras actividades y aficiones, y todos le deseamos muchas satisfacciones en esta nueva etapa.

En nombre de la CECT y como miembro del Departament de Microbiologia i Ecologia de la Universitat de València, quiero expresarle mi más sincero reconocimiento por los muchos años que ha estado con todos nosotros, siempre con una sonrisa y siempre dispuesta a ayudar en lo que hiciera falta. A pesar de las dificultades que tuvo que superar tras el repentino fallecimiento de Federico Uruburu, siguió adelante con sus obligaciones docentes y su trabajo en la CECT. Todos nos quedamos sorprendidos por su capacidad de reaccionar ante la adversidad y demostró una fortaleza interior digna de admiración.

Se va la persona que ha estado siempre ligada y dedicada a la CECT desde sus comienzos en la década de los 60 en el Instituto Jaime Ferrán de Microbiología del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Gracias a su tesón y entusiasmo junto a Federico Uruburu, la CECT adquirió un lugar entre las mejores colecciones europeas y se consiguió su reconocimiento

como servicio de la Universitat de València. Superaron épocas muy duras sin ningún tipo de ayuda institucional y prácticamente sin personal, pero poco a poco fueron reuniendo a un equipo de personas al que supieron transmitirle su entusiasmo por la colección. De ellos, algunos siguen en la colección y otros ocupan diversos puestos de trabajo en la Universidad, en el CSIC o en empresas, pero todos ellos guardan un recuerdo muy grato de su época en la CECT. También han sido muchísimos los estudiantes a los que ella ha contribuido a formar a lo largo de su dilatada carrera docente, y que la recuerdan con gran cariño desde sus actuales trabajos.

Su excelente trato y su ayuda desinteresada a cualquiera que se lo pidiera han hecho que todo el personal de la CECT y del Departament de Microbiologia i Ecologia la aprecie y valore su esfuerzo callado de tantos años. Aparte de las cualidades científicas, hay cualidades humanas que son cruciales para una convivencia armónica y un buen ambiente de trabajo. Loly ha sido un ejemplo de ellas a lo largo de tantos años. Buena prueba de ello fue la masiva asistencia a la comida de despedida y a la foto tomada en el Campus, que adjuntamos.

Loly, sabes dónde nos tienes siempre para lo que quieras,

**Esperanza Garay**  
Directora de la CECT

## Rafael Rotger Anglada

Rafael Rotger, ("Rafa" para todos sus amigos y compañeros de la SEM), ha estado vinculado durante años a numerosas tareas de gestión, organización, y representación de nuestra Sociedad. Ha desempeñado el cargo de vicepresidente entre 1990 y 1998, cumpliendo los dos periodos consecutivos que permite nuestro Reglamento y desde 1999 hasta finalizar 2006 ha dirigido con entusiasmo y éxito la revista *Actualidad SEM*. Dedicó mucho empeño a darle un enfoque ágil, actual y participativo, mediante la creación de secciones como *Comentarios*, *El rincón de la lengua* y los artículos de divulgación y revisiones. Ahora deja esta revista ("el boletín") en buenas manos, las de Federico Navarro-García, que ya ha estado colaborando con él en los últimos meses. Y todas las palabras de agradecimiento que le dediquemos parecen escasas para valorar adecuadamente su dedicación a la SEM

Conocí a Rafa cuando me incorporé como vocal a la Junta directiva, siendo él vicepresidente y durante todos los años en los que hemos permanecido juntos en estas labores administrativas, siempre me asombró su enorme capacidad de trabajo, su disposición y amabilidad. Porque ha sido capaz de hacer compatible su dedicación a la SEM con las tareas docentes en el Departamento de Microbiología de la Facultad de Farmacia de la Universidad Complutense de Madrid, la dirección del propio departamento entre 1996 y 2002, el desempeño de actividades como la Secretaría del Grupo de Microbiología Clínica, o la pertenencia a la Comisión Nacional de la Especialidad Farmacéutica en Microbiología y Parasitología del Ministerio de Sanidad y Consumo. Además, entre 2002 y 2006 fue Director adjunto de la Escuela de Especialización Profesional en Análisis Clínicos de la Universidad Complutense de Madrid y miembro de la Comisión Nacional de Bioseguridad del Ministerio del Medio Ambiente, cargo en el que continúa. Y en todos esos foros ha sabido promover la microbiología y la representación de la SEM.

Además, ha sido "*el informático*" de la SEM durante años, la persona a la que acudíamos con el problema. Isabel Perdiguero, nuestra también abnegada secretaria técnica, aún recuerda las

numerosas llamadas de socorro enviadas y las sucesivas raudas respuestas y viajes de Rafa a nuestra sede para resolver el conflicto. El diseño del primer programa de socios, que es la base del actual, fue creado por Rafa desinteresadamente "en sus ratos libres". Y por si todo eso fuera poco, también ha sido el responsable de la *web* desde que iniciamos esta nueva vía de comunicación.

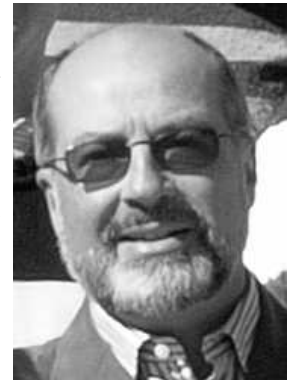
Pero aún con todos estos méritos y ocupaciones, lo que más destaca de Rafael Rotger es su forma de ser y de hacer. No importa cuánto trabajo tenga, cuánto tiempo le quite de sus asuntos o descanso lo que le pidas, él siempre lo acoge serenamente y realiza o resuelve con sencillez y sin dar importancia a su esfuerzo. Tanto para los sucesivos presidentes y otros miembros de la Junta de nuestra Sociedad, como para cualquiera de los socios que lo han necesitado, Rafa siempre ha estado ahí, polifacético y capaz, discretísimo en un segundo plano, y dispuesto a trabajar en lo que sea para el bien de la SEM.

Sabemos que se merece un descanso, pero aunque deja *Actualidad SEM* ha aceptado llevar la supervisión y mantenimiento de la *web*. Es una gran noticia, pues no me imagino nuestra sede ni la Junta SEM sin la presencia callada pero eficaz de Rafa. Le dejaremos más tiempo para dedicarse a sus obligaciones actuales como Vicedecano de Investigación y Especialidades Farmacéuticas, en la Facultad de Farmacia de Madrid, pero es una tranquilidad saber que seguirá cerca y al tanto de nuestras actividades.

En nombre de todos los que te conocen y querían hoy estrecharte la mano, **gracias, Rafa**. Para los mas cercanos, es un placer y un privilegio haber compartido contigo tantos buenos ratos de trabajo para nuestra Sociedad.

**Sara Pérez Prieto**

Centro de Investigaciones Biológicas, CSIC  
Madrid

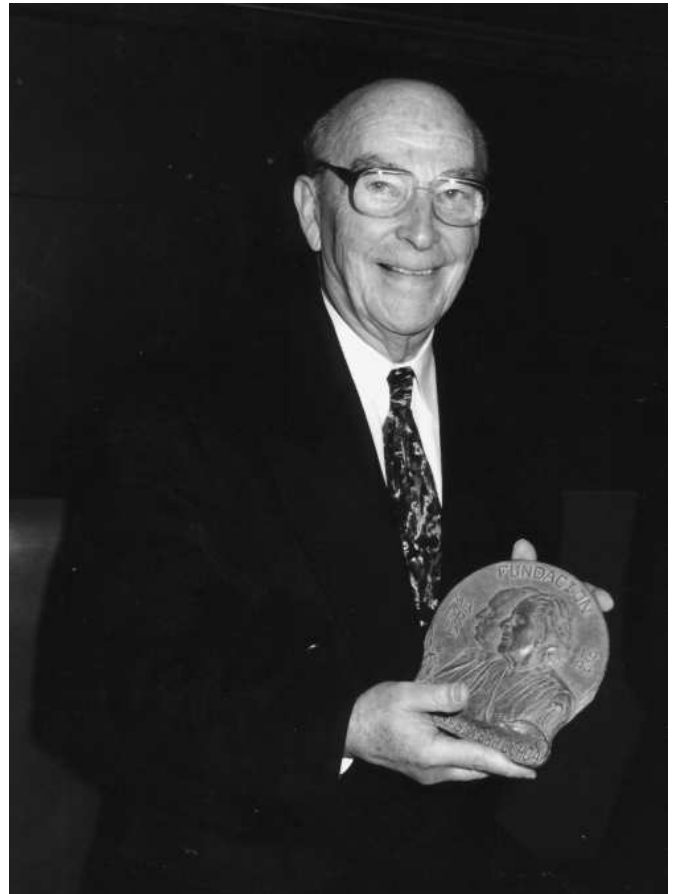


## Arthur Kornberg

### El último de los enzimólogos que operaron la transición a la Biología Molecular

Con la muerte de Arthur Kornberg desaparece el que quizá fue el último de los enzimólogos de transición a la Biología Molecular, una saga brillante en la que su maestro, Severo Ochoa, ocupa un lugar destacado. Su manejo de la síntesis del DNA *in vitro* –en paralelo con el que Severo Ochoa hizo de la síntesis de RNA– abrió el camino para definir los mecanismos que permiten entender el funcionamiento de las células a nivel molecular, de manera integrada, desde el flujo de información que va desde los genes a las proteínas. Kornberg, nacido en 1918, estudió Medicina y se incorporó como médico a los Servicios de Salud Pública de Estados Unidos. Altamente motivado por la investigación, tras la guerra mundial se desplazó, en 1946, a un laboratorio líder mundial en estudios enzimológicos, el que dirigía en Nueva York un Severo Ochoa que apenas superaba los 40 años. Un año de trabajo en Manhattan le familiarizó con el manejo de proteínas enzimáticas; el único camino para disponer de cantidades mínimas con actividad catalítica exigía partir de kilos de células, manejar litros de extractos, realizar precipitaciones fraccionadas y purificaciones en columnas y llegar, con suerte, a cantidades mínimas de un producto capaz de revelar cómo estos catalizadores debían funcionar en las células. A falta del extenso catálogo de sustratos comerciales de hoy, con frecuencia el enzimólogo había de esforzarse en desarrollar habilidades de químico para preparárselos.

Un año bastó para que Kornberg se prendara del trabajo con enzimas, como forma de acercarse a las claves de los fenómenos biológicos. Con motivo del homenaje a Ochoa en su 70 cumpleaños, escribió un capítulo con el expresivo título, “*For the love of enzymes*”, en el que confesaba que su relación monógama más duradera había sido con la DNA polimerasa I. Como en tantas ocasiones, un sistema microbiano, *Escherichia coli*, arrojó claves esenciales. Durante años, Kornberg reveló la existencia de esta enzima en la bacteria, y su capacidad de sintetizar DNA *in vitro* en un proceso dependiente de un molde. El campo daría un vuelco con el apoyo de la genética bacteriana, al demostrarse que, mutantes carentes de esta polimerasa, crecían con normalidad, lo que abrió la



Arthur Kornberg recibiendo la medalla de la Fundación Carmen y Severo Ochoa en 1994

puerta a la caracterización de las otras polimerasas, las que son activas en la replicación del material celular.

Arthur Kornberg compartió con Severo Ochoa el Premio Nobel de Medicina en 1959. La admiración por su maestro español estuvo siempre impregnada de un afecto que, creo, le llevó a conocer muchos aspectos de la cultura española. Indagando en sus raíces, comentaba que su apellido derivaba de sus antepasados, judíos españoles, con el nombre de Cuellar. La extraordinaria cordialidad de su trato realzaba la brillantez intelectual de que estaba dotado, lo que se ponía de manifiesto tanto en la conversación directa como en la exposición de cualquier conferencia o seminario.



En la línea de los investigadores que han dado gran importancia a la prosa con la que presentan sus resultados y sus ideas, fue un verdadero dominador la escritura científica. Con ello, no sólo nos dejó cientos de *papers* en los que los resultados nítidos se interpretaban en su justo alcance, expresión de la “elegancia” de su trabajo, sino numerosas páginas descriptivas de sus vivencias como investigador que son extraordinariamente reveladoras. Una de sus últimas aportaciones sobre recuerdos personales es su artículo “*Remembering our teachers*” publicado en el *Journal of Biological Chemistry* (vol. 276, p. 3-11, 2001) con motivo del centenario de la revista. Con emoción que no le impide ser preciso, reivindica la figura de sus maestros, el matrimonio Carl y Gerty Cori y Severo Ochoa. Lamenta que se hayan olvidado notables aportaciones de los primeros –*La luz de las candilejas del escenario bioquímico se mueve con rapidez, apagando las estrellas de ayer hasta dejarlas en la oscuridad... Este ha sido el caso del ciclo de Cori, del éster de Cori y de los propios Carl y Gerty Cori*– y no tiene empacho en reconocer que, lo que inspiró el interés por abordar la síntesis de un polímero como es el DNA, no fue el modelo de la doble hélice de Watson y Crick, sino los hallazgos de los Cori sobre la glucógeno fosforilasa y el ciclo del glucógeno.

Kornberg recorrió el camino inverso al de Ochoa, se fue con los Cori a la Washington University de Saint Louis en 1947, tras la aludida estancia en Nueva York, mientras que Ochoa había trabajado en Saint Louis antes de su definitivo viaje a Manhattan. Años más tarde, en 1953, Arthur Kornberg habría de acceder de nuevo a la Facultad de Medicina de Washington University,

precisamente como jefe del departamento de Microbiología, con el apoyo entusiasta de Carl Cori quien había de manifestarle un disgusto notable cuando, cuatro años más tarde, aceptó un puesto en la Universidad de Stanford en California. Entre tantos movimientos se construyó una de las trayectorias científicas más sólidas e influyentes en el desarrollo de la ciencia del siglo XX, la del científico recientemente fallecido que hoy recordamos. Su penetración en la replicación del DNA la realizó desde un manejo magistral de sistemas microbianos, incluyendo la bacteria y determinados virus como los de DNA monocatenario. Termino con otros comentarios de Kornberg sobre Severo Ochoa, en el referido artículo del JBC: “*más que desplegar una inteligencia cegadora, Ochoa me enseñó que las cosas irían bien si perseveraba en la ética de la experimentación... el recuerdo de Severo Ochoa como un gran maestro, inspirador de carreras de científicos, perdurará en la memoria de toda una legión de postdoctorales, doctorandos y colaboradores visitantes que se acercaron a él, desde todos los rincones del mundo, para a su retorno alcanzar posiciones de liderazgo, muchos en la nación española*”.

Descanse en paz, el gran científico que un año antes de su muerte pudo ver cómo su hijo Roger Kornberg era reconocido también con el máximo galardón científico, el Nobel de Química que le fue concedido en solitario.

**César Nombela**

Catedrático de Microbiología  
Departamento de Microbiología II  
Facultad de Farmacia,  
Universidad Complutense de Madrid

## **Antonio Ventosa Ucero nuevo Editor de IJSEM**

El profesor Antonio Ventosa, Presidente del Comité Organizador del reciente XXI Congreso Nacional de Microbiología de la SEM, ha sido nombrado Editor Asociado del *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, revista publicada por la *Society for General Microbiology* y órgano oficial del Comité Internacional de Sistemática de Procariotas (ICSP). Su dilatado currículum en el estudio de la biodiversidad de los microorganismos extremófilos le ha hecho merecedor de tal honor.

## **Víctor de Lorenzo premio GlaxoSmithKline**

El 10 de Octubre de 2007 el profesor Víctor de Lorenzo fue galardonado con el premio GlaxoSmithKline 2008. Este premio se concede a microbiólogos que demuestran un liderazgo destacado en la investigación, la docencia, la comunicación y desarrollo de la microbiología.

GlaxoSmithKline reconoce de esta manera a un miembro internacional de la Sociedad Americana de Microbiología (ASM). El premio será entregado en el próximo Congreso de la ASM que se celebrará en Boston en junio de 2008.

# Informe de los Grupos

## **Biodeterioro y Biodegradación**

Presidente: **Diego A. Moreno**

El Grupo de Biodeterioro y Biodegradación desea agradecer a Cesáreo Saiz-Jiménez la organización de la Mesa Redonda que sobre "Biodeterioro y Biotecnología en el Patrimonio Histórico" se celebró con notable éxito de participación durante el XXI Congreso de la SEM en Sevilla, el pasado 17 de Septiembre de 2007. Los cuatro trabajos presentados por los ponentes se publicarán próximamente en la revista electrónica *Coalition*, que edita la Red Temática del Patrimonio Histórico y Cultural del CSIC ([www.rtphc.csic.es/](http://www.rtphc.csic.es/)).

El Premio THOR Especialidades, S.A., al mejor Póster de los 16 presentados en el área de Biodeterioro y Biodegradación recayó en M. Isabel Sarró por el trabajo "La cueva de Las Monedas (Cantabria, España): procesos de biodeterioro en espacios cársticos con pinturas paleolíticas". Marta Urizal de THOR Especialidades fue la encargada de entregar el Diploma acreditativo y los 300 Euros del Premio durante la Conferencia de Clausura.

Se recuerda a los miembros del Grupo de Biodeterioro y Biodegradación que pueden cursar de forma gratuita el X Curso que sobre Biodeterioro de Materiales se celebrará en Madrid, del 21 de Febrero al 9 de Mayo de 2008, los viernes por la tarde. Para más información véase el apartado de Cursos de este Boletín o póngase en contacto con el coordinador del mismo ([diego.moreno@upm.es](mailto:diego.moreno@upm.es)).

## **Hongos Filamentosos y Levaduras (Micología)**

Presidenta: **M<sup>a</sup> Isabel-Reyes González Roncero**

### **Convocatoria del II Premio Fleming**

El 2º Premio Fleming ha sido otorgado al trabajo titulado "*Generation, annotation and analysis of ESTs from Trichoderma harzianum CECT 2413*" presentado por Juan A. Vizcaíno, Francisco J. González, M. Belén Suárez, José Redondo, Julián Heinrich, Jesús Delgado-Jarana, Rosa Hermosa, Santiago Gutiérrez, Enrique Monte, Antonio Llobell y Manuel Rey. La entrega del mismo tuvo lugar durante el acto de clausura del

XXI Congreso de la SEM en Sevilla. Se invitará al ganador del premio a presentar el contenido del trabajo en el IX Congreso de Micología en Córdoba.

### **Congreso SEM 2007**

El premio del grupo especializado a la mejor comunicación en el XXI Congreso de la SEM en Sevilla se ha concedido al trabajo presentado por la Dra. Meritzell Riquelme titulado "Localización de quitina sintasas en el Spitzkörper de las hifas de *Neurospora crassa*".

### **IX Congreso Nacional de Micología 2008**

El IX Congreso de Micología se celebrará en Córdoba del 17 al 19 de septiembre de 2008, conjuntamente con la Asociación Española de Micología.

## **Microbiología de los alimentos**

Presidente: **Miguel Ángel Asensio**

### **XVI Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos**

Durante los días 14 al 17 de septiembre de 2008 se celebrará en el Palacio de la Merced de Córdoba el XVI congreso del Grupo de Alimentos, organizado por el Profesor José Fernández Salguero Carretero, de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba.

Las mesas redondas abordarán aspectos de actualidad, estando previsto dedicar una a microorganismos patógenos, concretamente a la microbiología predictiva y a la evaluación de riesgos, otra a los microorganismos alterantes y una tercera orientada a la microbiología enológica. Pronto se distribuirá el tríptico informativo a los socios de la SEM.

### **Spanish Association for Food Protection**

En la Asamblea del Grupo de Alimentos celebrada durante el XXI Congreso de la SEM en Sevilla se acordó encargar al Dr. David Rodríguez Lázaro las gestiones para preparar la afiliación del Grupo de Alimentos de la SEM como asociado en España de la International Association for Food Protection. Los interesados pueden solicitar más

información a David Rodríguez Lázaro, del Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León, a través de la dirección: ita-rodlaзда@itacyl.es.

## **Microbiología del Medio Acuático**

Presidente: **Albert Bosch**

Dentro de nuestro reciente XXI Congreso Nacional de Sevilla, se celebró con gran brillantez el simposio del Grupo "*Microbial source tracking*": *Determinación del origen de la contaminación fecal en el agua*, cuya organización fue a cargo del Dr. Francisco Lucena Gutiérrez. Este simposio contó con la participación del Dr. Charles Hagedorn, de la Virginia Polytechnic Institute and State University de Blacksburg, el Dr. Anicet R. Blanch de la Universidad de Barcelona, el Dr. Andrew Gawler de la Environmental Agency del Reino Unido y el Dr. Lluís Belanche de la Universidad Politécnica de Cataluña. En el mismo Congreso Nacional se concedió el premio al mejor póster de nuestro Grupo al trabajo presentado por Mohsen Najimi, becario predoctoral de Irán en el grupo dirigido por el Dr. Manuel Lemos Ramos, con el título "Identificación de un cluster de genes involucrados en la biosíntesis de sideróforos en *Aeromonas salmonicida* subsp. *Salmonicida*".

Se han renovado los cargos de vicepresidente, secretario y dos vocales de la Junta Directiva del Grupo de Microbiología del Medio Acuático que han recaído en la Dra. Alicia Estévez Toranzo, vicepresidenta, la Dra. Sara Isabel Pérez Prieto, secretaria y los Dres. Vicente Catalán Cuenca y María Dolores Castro López, vocales. Es el momento de expresar públicamente nuestro reconocimiento a la enorme labor realizada dentro del Grupo, y especialmente dentro de nuestra Junta Directiva por el Profesor Juan José Borrego, el cual ha ocupado desde el origen del Grupo el cargo de vicepresidente del mismo.

Finalmente se dispone ya de fechas para la celebración de nuestra próxima VII Reunión de nuestro Grupo que tendrá lugar en Bilbao en los días 25-27 de septiembre de 2008, organizada por los profesores Juan Iriberry e Isabel Barcina.

## **Microbiología Molecular**

Presidente: **Juan María García Lobo**

En el congreso de Sevilla se celebró con gran éxito el simposium oficial del grupo especializado

organizado por Iñigo Lasa bajo el título de "Comunicación Intercelular". La representación de los miembros del grupo en el Congreso fue notable incluyendo además del citado simposium la organización de otro symposium "Tendencias actuales en Biología molecular de procariotas" organizado por Antonio Juárez y una notable participación en los simposia "Genómica evolutiva en procariotas" y "Muerte celular programada". La sesión de posters contó con 103 comunicaciones. R. Balbontín recibió el primer premio SEM a las comunicaciones presentadas al congreso y J.A. Christie-Oleza recibió el premio del grupo. El grupo especializado celebró en Sevilla una reunión ordinaria en la que se acordó que la próxima reunión científica del grupo se celebrará en Cádiz los días 18,19 y 20 del mes de septiembre de 2008. La reunión estará organizada por Josep Casadesús quien contará con la colaboración de J. Cantoral y otros colaboradores de Cádiz y Sevilla.

## **Microbiología de plantas**

Presidente: **Jesús Murillo**

El grupo especializado "Microbiología de Plantas" (MiP) celebró el simposio "El control biológico, un caso complejo de ecología microbiana" durante el XXI Congreso de la Sociedad Española de Microbiología en Sevilla. El simposio fue organizado y moderado por el Dr. Antonio de Vicente, de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Málaga, y contó con los siguientes ponentes y charlas: Dr. Emilio Montesinos, Universidad de Gerona, "Plaguicidas microbianos: entre la ecología y la biotecnología"; Dra. Milagros López, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias, "Métodos potenciales y actuales de control biológico de bacterias fitopatógenas"; Dr. Francisco Cazorla, Universidad de Málaga, "¿Cómo seleccionar bacterias candidatas a agentes de biocontrol?", y el Dr. Enrique Monte, Universidad de Salamanca, "¿Puede *Trichoderma* incrementar el poder insecticida de una planta?". Las charlas, de muy alta calidad científica, atrajeron a un buen número de congresistas y dieron lugar a interesantes debates sobre el tema. El MiP celebró asimismo su reunión ordinaria, la primera con la renovada Junta Directiva elegida en el último congreso del MiP en Benalmádena, en la que se discutieron diversas medidas para aumentar la visibilidad del grupo y se acordó el invitar al Presidente de la SEM a las sucesivas reuniones bienales del grupo. Igualmente, se informó que se recibió una nueva propuesta para la celebración

de la siguiente reunión del MiP, en 2009, en Granada. La Junta Directiva nombró un comité, compuesto por la Dra. Nuria Gajú Ricart, Dra. Ester Marco Noales y Dr. Alejandro Pérez García, para la concesión del premio MiP a la mejor comunicación, que recayó en la presentada por Luis Rodríguez-Moreno, A. J. Jiménez y Cayo Ramos titulada "Análisis estructural de tumores de olivo inducidos por la infección de *Pseudomonas savastanoi*". El premio consistió en un cheque de 300 €, destinado a cubrir los gastos de inscripción del primer firmante de la comunicación.

## Protistología

Presidente: **Aurelio Serrano**

### First GEP-GPLF Meeting / Primer Congreso Hispano-Francés de Protistología.

El primer Congreso Hispano-Francés de Protistología tendrá lugar en la Facultad de Biología de la Universidad de Sevilla, del 4 al 7 de Junio de 2008, coincidiendo con la VII Reunión del Grupo Especializado de Protistología de la SEM (GEP-SEM).

El Comité Organizador está formado por Eduardo Villalobo Polo (Presidente. Departamento de Microbiología, Universidad de Sevilla) y Aurelio Serrano Delgado (Vicepresidente II, Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis, CSIC) por parte del GEP, e Isabelle Desportes (Vicepresidente I, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, Francia) por parte de "Groupment de Protistologues de Langue Française" (GPLF) (es actualmente Presidenta de dicho Grupo). Se ha constituido un Comité Científico formado por 10 investigadores tanto franceses como españoles especialistas en distintas áreas de la Protistología. Se estima que habrá unos 120 participantes inscritos, más un número sin determinar de acompañantes. El idioma oficial del Congreso será el inglés.

El Grupo Especializado de Protistología (GEP) de la Sociedad Española de Microbiología se constituyó en 1996 con el propósito de promover la investigación en Protistología, y para ello decidió organizar de forma bienal una Reunión Científica que se ha venido celebrando de forma ininterrumpida desde entonces, hasta la VI Reunión celebrada en Madrid en Noviembre de 2006. Uno de los objetivos del Grupo ha sido promover la transferencia de conocimiento entre los distintos grupos de investigación en Protistología, lo que se ha traducido en numerosas colaboraciones científicas

nacionales y transnacionales que de otra forma hubieran sido poco probables. Por su parte, el GPLF es una Sociedad Científica fundada en 1962, habiéndose celebrado este año 2007 su 45ª Reunión. El espíritu de sus Reuniones, que celebran anualmente, es muy parecido al del GEP. Además, tradicionalmente han celebrado Reuniones fuera de las fronteras francesas. Una de las preocupaciones recientes del GEP ha sido la apertura, típicamente a investigadores que trabajan con protistas pero no conocen el GEP y, por supuesto, a otras Sociedades de Protistología dentro del ámbito Europeo. Otro objetivo ha sido permitir a los jóvenes científicos que asisten a las Reuniones establecer lazos de unión con laboratorios nacionales y extranjeros, donde en un futuro pudieran continuar sus estudios. Estas razones llevaron a plantear la posibilidad de realizar una Reunión conjunta con el GPLF, aprovechando la estrecha relación de algunos miembros del GEP con el GPLF. De esta forma, la organización de una Reunión científica conjunta se decidió en las reuniones GEP de 2004 y GPLF de 2007. Finalmente, la Sociedad Española de Microbiología (SEM) en Asamblea celebrada en 2005 apoyó la iniciativa del GEP y la recientemente constituida *Federation of European Protistological Societies* (FEPS, [www.feps.eu/](http://www.feps.eu/)), a través de su Secretario General, Prof. Klaus Hausmann (FU, Berlin), ha manifestado también su decidido apoyo a la Reunión.

Se ha constituido una página Web Oficial del Congreso en [www.congreso.us.es/hfprotis](http://www.congreso.us.es/hfprotis). La Reunión está abierta no sólo a los científicos que trabajan en España y Francia, sino a todos los que trabajan en Europa. Está confirmada ya la participación de investigadores que trabajan en aspectos medioambientales, biomédicos y biotecnológicos relacionados con la Protistología de la Universidad Complutense de Madrid, el Grupo Bioindicación Sevilla y del CSIC (Institutos de Parasitología y Biomedicina López-Neyra de Granada y Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis de Sevilla), así como de diversos centros de investigación franceses (Instituto Pasteur de Paris, Universidad Paris Sur, etc.).

La difusión de la Reunión se realizará esencialmente por vía electrónica. Asimismo, se comunicará la celebración de la Reunión a la SEM, así como a diversas Sociedades Internacionales como *Federation of European Microbiology Societies* (FEMS), *International Society of Protozoologists* o *International Society for Evolutionary Protistology*. Además del libro de Actas, es costumbre en las Reuniones organizadas por el GPLF ofrecer la posibilidad de publicar los resúmenes de algunas

comunicaciones en las revistas de protistología, tales como el *Journal of Eukaryotic Microbiology* o *European Journal of Protistology*. Se ofrecerá esta posibilidad incluyendo en esta ocasión a la revista oficial de la SEM, *International Microbiology*.

Desde este boletín queremos animarnos a la participación a todos los que trabajáis con protistas, sean o no miembros del GEP, para que este tipo de iniciativas conjuntas puedan continuar produciéndose en el futuro.

Programa Científico

El calendario previsto es el siguiente:

**Miércoles, 4 de Junio.**

- 14-17 h. Llegada y entrega de documentación.
- 17-18.15 h. Charla de bienvenida. Conferencia Inaugural por el Dr. Andrés Aguilera (CABIMER, CSIC-JA-UPO-USE).
- 20-22 h. Cóctel de bienvenida.

**Jueves, 5 de Junio.**

SESIÓN DE MAÑANA (Biología de protistas de vida libre I. Biología molecular, celular y fisiología).

- 9.00 h. Café.
- 9.30-12.30 h. Presentaciones orales y discusión (charla de 45 minutos + 4 charlas de 20 minutos).
- 12.30-13 h. Discusión de los carteles.
- 13-15 h. Almuerzo y café.

SESIÓN DE TARDE (Biología de protistas parásitos I. Biología molecular, celular y fisiología).

- 15-18 h. Presentaciones orales y discusión (charla de 45 min. + 4 charlas de 20 min.).
- 18-18.30 h. Discusión de los carteles.

**Viernes, 6 de Junio.**

SESIÓN DE MAÑANA (Biología de protistas parásitos II. Biomedicina y biotecnología).

- 9.00 h. Café.
- 9.30-12.30 h. Presentaciones orales y discusión (charla de 45 min. + 4 charlas de 20 min.).
- 12.30-13 h. Discusión de los carteles.
- 13-15 h. Almuerzo y café.

SESIÓN DE TARDE (Biología de protistas de vida libre II. Ecología y biotecnología).

- 15-18 h. Presentaciones orales y discusión (charla de 45 min. + 4 charlas de 20 min.).
- 18-18.30 h. Discusión de los carteles.

-18.30-20.00 h. Reuniones de trabajo GEP y GPLF.

**Sábado, 7 de Junio.**

SESIÓN DE MAÑANA (Evolución de protistas)

- 9.30-10.30 h. Conferencia de clausura por el Dr. David Moreira (Universidad Paris Sur).
- 10.30-12.30 h. Presentaciones orales y discusión (4 charlas de 20 min.).

***European Journal of Protistology*, GPLF y FEPS.**

La revista *European Journal of Protistology* (EJP), publicada por Elsevier, tiene una especial relación con el GPLF ya que fue fundada en 1964 por Pierre de Puytorac y otros miembros de este Grupo. La FEPS ha establecido recientemente un acuerdo de cooperación con EJP que ofrece a todos los miembros de sociedades o grupos afiliados a FEPS una suscripción individual a un precio especial, 137.00 Euros, IVA incluido ([http://www.univbpclermont.fr/ASSOC/gplf/EJO\\_P\\_subscription%20offer\\_FEPS.pdf](http://www.univbpclermont.fr/ASSOC/gplf/EJO_P_subscription%20offer_FEPS.pdf)). Esta revista cubre temáticas diversas tales como estructura y sistemática de protistas, su desarrollo y ecología, biología molecular y fisiología. Elsevier también publica otra revista centrada en los protistas, *Protist*, que fue fundada en 1902 por Fritz Schaudinn y constituye un foro internacional de difusión de avances y novedades relevantes en cualquier área de investigación sobre estos microorganismos. La revista oficial de la SEM, *International Microbiology*, publica regularmente artículos sobre protistas, destacando un número monográfico sobre los avances en el conocimiento del mundo eucariótico microbiano publicado en septiembre de 2001 con el respaldo del GEP.



[www.feps.eu/](http://www.feps.eu/)

**Socios que deben actualizar datos**

Abad Lozano, José Luis  
Bertolín Serra, Francisco Javier  
Bordes Benítez, Ana  
Fernández Orts, Eva María  
Ferrer Bazaga, Santiago

Lafarga Capuz, Bernardo  
López Ponce, Francisco José  
Martín Gómez, M<sup>a</sup> Teresa  
Medieros Almendros, Jesús  
Miranda Casas, Consuelo

Pomés Noguera, Rosalina  
Rubio Vallejo, Manuel Fco  
Sagardia Redondo, M<sup>a</sup> Begoña  
Sesma Bea, Begoña  
Vázquez Domínguez, Evaristo

**L**os datos correspondientes a cambios de dirección o de la domiciliación bancaria deben enviarse a la Secretaría de la SEM por correo electrónico, normal o fax (ver [www.semicro.es](http://www.semicro.es)).

## Reseñas de congresos

# Retos futuros de las colecciones de cultivo

### Los congresos ICC11 y ECCO XVI ponen de relieve los retos a los que se enfrentan las colecciones de cultivos

Esperanza Garay (directora de la CECT), acompañada por José Miguel López y David Ruiz Arahal (responsables de bioinformática e investigación, respectivamente), han asistido del 7 al 12 de octubre en Goslar (Alemania) a los congresos ICC11 (The 11<sup>th</sup> International Conference on Culture Collections) y ECCO XVI (26<sup>th</sup> Annual Meeting of the European Culture Collections' Organization). El tema de la primera ha sido: "Connections between collections", y el de la segunda: "Reconciling Scientific and Regulatory Demands".

A la primera han asistido 257 participantes de un total de 47 países. La representación más numerosa fue la de Alemania, seguida de la de China y Japón. A la segunda un total de 64 participantes de 25 países, incluidos E.E.U.U., Brasil, Este de Europa, Japón y China.

En ambas reuniones se han puesto de manifiesto los nuevos retos a los que se enfrentan las colecciones de cultivos:

- 1) ofrecer más y mejores servicios a los usuarios teniendo en cuenta las demandas del mercado,
- 2) alcanzar y mantener los estándares de calidad reconocidos internacionalmente,
- 3) mejorar las herramientas informáticas para el almacenamiento e intercambio de información sobre las cepas,
- 4) combinar los servicios con la investigación,
- 5) potenciar el papel de las colecciones en el campo de la sistemática, implicando a las mismas en proyectos de investigación,
- 6) adoptar políticas de funcionamiento similares como el MTA consensuado ("Acuerdo de Transferencia de Materiales", Material Transfer Agreement) mínimo y común, compatible con los objetivos de la CBD (Convenio para la Diversidad Biológica),
- 7) transformar las clásicas colecciones de cultivos en Centros de Recursos Biológicos con "Buenas Prácticas", siguiendo las directrices recientemente publicadas por la OCDE (OECD Best Practice Guidelines for Biological Resource

Centres, OECD 2007). Dichas directrices han sido elaboradas conjuntamente por un grupo de colecciones europeas y de otros países (entre las que se encontraba la CECT), expertos en sistemas de gestión de la calidad y representantes de la OCDE.

Se tiende, por tanto, a sustituir el término "Colección de Cultivos" por el de "Centro de Recursos Biológicos" (1). Estos se consideran uno de los elementos clave para el sostenimiento de la infraestructura científica internacional, especialmente para potenciar la biotecnología en cualquiera de sus facetas y conseguir un crecimiento sostenible y un reparto equitativo de los beneficios (2). Su existencia está necesariamente ligada al compromiso a nivel nacional de los gobiernos de los países, y a la existencia de fuentes de financiación suficientes.

Como resulta fácil de apreciar, la consecución de dichos objetivos supone un enfoque multidisciplinar a diferentes niveles, e implica no sólo a las colecciones individuales, sino a expertos en taxonomía, biotecnología, bioinformática, calidad, legislación, etc. En las mencionadas reuniones se han podido constatar los buenos resultados derivados de este enfoque multidisciplinar, que ya se está produciendo, así como la creciente presencia e importancia de las colecciones del continente asiático. Pero aun queda mucho camino por recorrer, y ello requiere disponer de medios materiales y humanos suficientes. La CECT no es una de las colecciones grandes, debido a las limitaciones que ha sufrido a lo largo de su historia, pero gracias a un gran esfuerzo ha alcanzado el nivel científico y de calidad de las grandes colecciones europeas y quiere seguir creciendo en todos los aspectos para conseguir los mencionados objetivos en un futuro no muy lejano. Ello requiere también el apoyo y la colaboración de los microbiólogos españoles.

(Más información en [www.iccc11.de](http://www.iccc11.de) y en [www.eccosite.org/](http://www.eccosite.org/))

1. "Biological Resource Centres: Underpinning the future of Life Sciences and Biotechnology", ISBN 92-64-18690-5, 2001, OECD, Paris.
2. OECD (2004) "Biotechnology for Sustainable Growth and Development"; communiqué of meeting of CSTP at ministerial level 29-30 January 2004.

# ***“Microbial diversity in the biosphere: trends and new perspectives”***

## ***Environment workshops de la Universidad Internacional de Andalucía***

Entre los días 4 y 6 de Octubre de 2007 se celebró en Baeza una Reunión Internacional sobre diversidad microbiana en el marco de los *Workshops/Talleres* que de forma continuada promueve la UNIA. En este caso, el taller se celebró en las instalaciones de que dispone la sede Antonio Machado, y que forman parte de la propia UNIA en Baeza. Esta sede está ubicada en el interior del Palacio de Jabalquinto, edificio del siglo XV y estilo renacentista, y es uno de los edificios singulares por los cuáles Baeza ha obtenido el Premio Ciudades Patrimonio de la Humanidad en 2005.

El taller estuvo formado por 18 conferenciantes europeos y americanos, científicos cuyas investigaciones abarcaban los más modernos aspectos de la actual investigación en microbiología ambiental. El aforo se completaba con unos 26 participantes procedentes de diversos países de Europa, África y América. El número reducido de asistentes permitió una fácil interacción entre los conferenciantes y los científicos participantes en el Workshop. Los conferenciantes trataron temas que van desde los aspectos metodológicos más técnicos hasta las aplicaciones y fundamentos más teóricos en ecología microbiana. La programación de las jornadas permitía que los conferenciantes pudieran transmitir su información de una forma completa y además relajada. Además de las conferencias de los investigadores invitados, la mayoría de participantes contribuyó con la presentación de pósteres mostrando los resultados más recientes de sus investigaciones. Las sesiones de pósteres, acompañadas de una taza de café en el patio del Palacio de Jabalquinto, facilitaron el intercambio relajado de conocimientos y experiencias científicas.

La serie de charlas se inició brillantemente con una especulación polémica de **Slava Epstein** (Northeastern University, USA) sobre la estimación de la diversidad global, para la cual, y mediante análisis estadísticos, propuso un valor mucho menor al esperado, que oscilaría entre 40000 y 100000 especies de procariotas en la biosfera. Esta visión de una biosfera procariota poco diversa contrastó con las observaciones también teóricas de **Carlos Pedrós-Alió** (Instituto de Ciencias Marinas, CSIC, Barcelona), que nos ofreció un horizonte formado por una enorme

diversidad de microorganismos, la mayor parte de ellos no detectables con las técnicas habituales por constituir un grupo de tamaño muy inferior a la población de las pocas especies más abundantes. Sus conclusiones sobre el número de especies procariotas superaba en varios órdenes de magnitud los valores propuestos por **Slava Epstein**. Éste aspecto teórico sobre cuán diversa es verdaderamente la comunidad microbiana global fue un tema de recurrente discusión en el foro, y finalmente fue el objeto principal de especulación en la sesión de conclusión del workshop.

Al margen de las especulaciones teóricas, se presentaron temas metodológicos importantes en el campo de la ecología microbiana molecular. **Wolfgang Ludwig** (Technical University of Munich, Alemania) nos presentó las dificultades y los beneficios de la reconstrucción filogenética, así como la introducción al software libre ARB diseñado por él para poder manipular este tipo de bases de datos. **Cecilia Alonso** (Institute of Plant Biology, Suiza) describió el método novedoso de identificación de modos de metabolismos en organismos no cultivados mediante la combinación de microautoradiografía y microscopía óptica de fluorescencia (MAR-FISH). **Reiner Meckenstock** (National Research Center for Environment and Health, GSF, Munich, Alemania) nos presentó los últimos refinamientos en el uso de técnicas de análisis de isótopos estables para la detección de actividades metabólicas de degradación de hidrocarburos en acuíferos contaminados. Y finalmente, **Richard Pancost** (University of Bristol, Reino Unido) nos introdujo en el uso de lípidos como biomarcadores para el seguimiento in situ de procesos microbianos. El aspecto más aplicado de la ecología microbiana lo aportó **Manuel Ferrer** (Instituto de Catálisis y Petroleoquímica, CSIC, Madrid) con sus estudios moleculares encaminados a la búsqueda de nuevas funciones enzimáticas mediante el uso de microarrays de metabolitos, a partir de metagenomas.

Siguiendo las tendencias científicas actuales, no faltaron estudios de genómica y metagenómica. Cabe destacar los intentos con relativo buen éxito en la amplificación y secuenciación de genomas completos a partir de células únicas descrito por **Karsten Zengler** (Marbis Corporation, USA) quien

nos mostró su aproximación al trabajo con células únicas para obtener su genoma. **Rudolf Amann** (Max Planck Institute for Marine Microbiology, Alemania) utilizó como ejemplo del potencial de todas estas tecnologías cómo dos células únicas tentativamente asignadas a *Beggiatoa spp.* pueden coexistir y ser completamente distintas desde el punto de vista genómico. En genómica comparada, este aspecto de organismos de una misma especie coexistentes y con diferencias genómicas marcadas quedó ejemplificado por los resultados de **Josefa Antón** (Universidad de Alicante) con las secuencias de dos *Salinibacter ruber* aislados simultáneamente de una misma población microbiana. Además, esta investigadora mostró cómo se puede acceder al conocimiento del viroma natural de un ambiente mediante metagenómica. De forma paralela **Matthew Sullivan** (Massachusetts Institute of Technology, USA) expuso sus últimos estudios de metagenómica sobre el viroma global de cianobacterias, mostrando cómo los cianovirus pueden codificar genes del aparato fotosintético y actuar posiblemente como transportadores de información genética. Este investigador introdujo también un segundo concepto teórico que dominó el workshop: ‘*everything is everywhere, but, the environment selects*’. **Héctor García-Martín** (Joint Genome Institute, USA) nos presentó estudios comparativos de organismos no cultivados de todos los activos de depuradora procedentes de diversos lugares en la tierra, y se centró en aspectos metagenómicos del candidatus “*Accumulibacter phosphatis*”. **Ramon Rosselló-Móra** (Institut Mediterrani d’Estudis Avançats, CSIC, Esporles) trató otros aspectos de biogeografía, y mostró, aplicando técnicas de metabolómica, cómo organismos de distintos orígenes pueden exhibir características metabólicas distintas y asociadas al origen de aislamiento, probablemente debido a procesos de regulación transcripcional o posttranscripcional.

En el marco del *workshop* también se presentaron sistemas microbianos presentes en ambientes muy singulares. Por ejemplo, **Lise Øvreås** (University of Bergen, Noruega) nos introdujo a la microbiota presente en las grietas de las rocas basálticas de los fondos árticos de las dorsales oceánicas, comunidades de muy baja densidad y difícil acceso. **Valeria Souza** (Univ. Nacional de México, México) describió un ecosistema singular y aislado en el interior de México, donde se pueden observar organismos que evolucionan de una

forma clonal, a diferencia de otros asociados a la microbiota de animales que se caracterizarían por un intercambio genético importante. Finalmente, **Ian Head** (University of Newcastle, Reino Unido) nos explicó sus estudios en la biosfera profunda asociada a los yacimientos petrolíferos y capaz de llevar a cabo metanogénesis a partir de la mezcla de compuestos del petróleo. En relación con este último aspecto, cabe destacar que la biodegradación y la reacción de la microbiota frente a las actividades antropogénicas contaminantes también fue tema de discusión. **Hendrik Schäfer** (University of Warwick, Reino Unido) nos explicó la diversidad de microorganismos degradadores de dimetilsulfóxido y las implicaciones globales en aspectos atmosféricos. Asimismo, **Bernardo González** (Universidad Católica Pontificia de Chile, Chile) nos introdujo en cómo los desechos de la minería del cobre en Chile influyen sobre la microbiota autóctona costera.

El último día del *workshop* se presentaron oralmente cinco pósteres seleccionados que, de alguna manera, representaban el conjunto de investigaciones aportadas por los participantes. Los tres días del *workshop* fueron intensos, y la información transmitida fue en todo momento de muy elevado contenido científico y muy vanguardista. Sin embargo, a pesar del intenso programa científico, las sesiones se desarrollaron de forma amena y muy distendida. La reunión finalizó con una mesa redonda en la cual se discutieron los temas más candentes en el campo. Se especuló sobre el significado de la identidad de los organismos con respecto a su función en el ecosistema, sobre cómo se puede abordar el conocimiento de la verdadera actividad de los organismos en su propio ecosistema, y sobre la magnitud de la diversidad de procariontes presentes en la biosfera. Este último aspecto fue finalmente sometido espontáneamente a un referéndum simbólico entre los participantes, finalizando así una reunión que se había caracterizado por un ambiente muy cordial y un alto nivel científico, que resultó muy satisfactorio para el conjunto de los participantes.

**Silvia Marqués<sup>1</sup>, Rudolf Amann<sup>2</sup>  
y Ramon Rosselló-Móra<sup>3</sup>,**  
organizadores del taller

<sup>1</sup>Estación Experimental del Zaidín-CSIC, Granada, España, <sup>2</sup>Max Planck Gesellschaft, Bremen, Alemania y <sup>3</sup>Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados-CSIC, Palma de Mallorca, España



# Experiencias de nuestros socios

## Becas FEMS

### Estudio metagenómico de microorganismos del mar Mediterráneo profundo

De la noche a la mañana, pasé de estudiar procesos enzimáticos de degradación en la pared celular fúngica de la levadura *Schizosaccharomyces pombe* a intentar entender como son las comunidades microbianas del Mar Mediterráneo profundo. Durante mi tesis en el laboratorio de los doctores Dr. Carlos Rodríguez Vázquez de Aldana y Dr. Francisco del Rey Iglesias en el Instituto de Microbiología Bioquímica de Salamanca, recibí, entre muchas otras buenas cosas, un curso de doctorado de bioinformática con el que descubrí la existencia de gran número de programas que podían ayudarme a entender las proteínas de la familia de beta-glucanasas con las que estaba trabajando. Ahora hago algo similar, pero con una miriada de secuencias simultáneamente.

A pesar de mi inexperiencia, el Dr. Francisco Rodríguez Valera me aceptó como posdoctoral en su grupo de Genómica Evolutiva en la Universidad Miguel Hernández (Alicante) (<http://egg.umh.es>). Con paciencia aprendí que sabía poco de la diversidad que "hay ahí afuera" y que, si bien los organismos que cultivamos en el laboratorio nos pueden dan muchas pistas, tan sólo representan un 1% de las especies que se estima pueden existir. El estudio de la biodiversidad microbiana ha entrado en una nueva era a partir de la metagenómica. Trabajos pioneros como el iniciado por Craig Venter (Rusch et al., 2007; Venter et al., 2004) (<http://camera.calit2.net/>), clonando y secuenciando ADN de microbios procedentes de agua del Mar de los Sargazos y otros puntos geográficos, ponen de manifiesto que la diversidad génica de los microorganismos presentes en muestras naturales es mucho mayor de lo esperado; por ejemplo: el descubrimiento de más de un millón de nuevos genes con la secuenciación del equivalente a un tercio del genoma humano.

Entre otras líneas de investigación, el grupo del Dr. F. R. Valera inició hace varios años la exploración sistemática del reservorio genético representado en los microorganismos procarióticos del océano profundo. El mar Mediterráneo posee una dimensión cultural y económica enorme en el contexto europeo y, en cierta forma, es un modelo a escala del océano global. A partir de la biomasa



obtenida tras el procesamiento de más de 1000 litros de agua recogida a 3000 metros de profundidad en el mar Jónico, se realizó una librería metagenómica de fósmidos (~40 Kbp) cuya secuenciación y análisis comparativo con otros estudios oceánicos se está llevando a cabo (DeLong et al., 2006;

Martin-Cuadrado et al., 2007). Con ayuda de la "Gordon & Betty Moore Foundation", se secuenciaron fósmidos completos correspondientes a grupos taxonómicos con escasa representación en las bases de datos actuales, como es el caso de las archaeas marinas.

Al realizar mi posdoctorado en España, la FEMS me brindó la oportunidad de realizar una estancia en un centro de investigación de prestigio. La razón principal por la que solicité la beca con el grupo de Purificación López-García y David Moreira (Unité d'Ecologie, Systématique & Evolution, CNRS-Université Paris-Sud, Francia) fue su gran experiencia en estudios de diversidad, filogenia molecular y evolución, así como sus conocimientos en el análisis de fragmentos genómicos (Lopez-Garcia et al., 2004; Moreira et al., 2004). Otra razón, por qué no, fue disfrutar trabajando en un campus situado dentro de un jardín botánico, centrado en un valle donde los edificios se reparten entre robles centenarios, con su *chateau* histórico, sus caminos, sus ardillas... y hasta su río con patos; bucólica imagen que casi me hacía olvidar la carga inevitable de mi ordenador portátil. Durante los dos meses de estancia,

Te recordamos que el plazo para la solicitud de las becas FEMS se abre dos veces al año. Están destinadas a jóvenes científicos (menores de 36 años) que sean miembros de sociedades pertenecientes a FEMS, para estancias de hasta 3 meses en países europeos. Las fechas límite de recepción de la documentación en nuestra secretaría son el 15 de Mayo de 2007 o el 1 de Noviembre de 2007. Los impresos y las bases de la convocatoria están disponibles en: <http://www.fems-microbiology.org/website/NL/page54.asp>

aprendí a utilizar programas informáticos y obtuve nociones sobre cómo desarrollar los míos propios que me ayudasen a manejar el gran número de datos generados en este tipo de estudios genómicos. Tal vez fue demasiado corta para cumplir todas mis expectativas, pero sin duda alguna, provechosa en muchos aspectos. La acumulación de datos genómicos se está produciendo a un ritmo muy superior al que somos capaces de entender, por lo que adquirir la capacidad para analizar este masivo repertorio genético es fundamental en la nueva era de la microbiología.

DeLong, E.F., C.M. Preston, T. Mincer, ... and D.M. Karl. 2006. Community genomics among stratified microbial assemblages in the ocean's interior. *Science* 311:496-503.

Lopez-Garcia, P., C. Brochier, D. Moreira, and F. Rodriguez-Valera. 2004. Comparative analysis of a genome fragment of an uncultivated mesopelagic crenarchaeote reveals multiple horizontal gene transfers. *Environ Microbiol* 6:19-34.

Martin-Cuadrado, A.B., P. Lopez-Garcia, J.C. Alba, D. Moreira, L. Monticelli, A. Strittmatter, G.

Gottschalk, and F. Rodriguez-Valera. 2007. Metagenomics of the deep mediterranean, a warm bathypelagic habitat. *PLoS ONE* 2:e914.

Moreira, D., F. Rodriguez-Valera, and P. Lopez-Garcia. 2004. Analysis of a genome fragment of a deep-sea uncultivated Group II euryarchaeote containing 16S rDNA, a spectinomycin-like operon and several energy metabolism genes. *Environ Microbiol* 6:959-69.

Rusch, D.B., A.L. Halpern, G. Sutton, ... and J.C. Venter. 2007. The Sorcerer II Global Ocean Sampling Expedition: Northwest Atlantic through Eastern Tropical Pacific. *PLoS Biol* 5:e77.

Venter, J.C., K. Remington, J.F. Heidelberg, ... and H.O. Smith. 2004. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science* 304:66-74.

### Ana Belén Martín Cuadrado

Investigadora Postdoctoral  
Dpto. Microbiología y Producción Vegetal  
Div. Microbiología  
Universidad Miguel Hernández  
Aptdo. 18, San Juan de Alicante  
03550 Alicante

## II Premio UNIA sobre tratamiento de residuos sólidos urbanos

### II Premio de la Universidad Internacional de Andalucía al mejor trabajo sobre temas relacionados con el tratamiento de residuos sólidos urbanos

La Universidad Internacional de Andalucía, movida por su deseo de contribuir a la transmisión del conocimiento y de incentivar la investigación en el ámbito universitario, convoca la

SEGUNDA edición anual del Premio al MEJOR TRABAJO CIENTÍFICO SOBRE TRATAMIENTOS DE RESIDUOS SÓLIDOS URBANOS para el año 2007 con el patrocinio de RESUR.

La dotación económica de este premio asciende a 12.000 € y el plazo para la presentación de los trabajos finalizará el 21 de diciembre de 2007.

Más información en la siguiente dirección: [www.unia.es/index.php?option=com\\_content&task=view&id=343&Itemid=278](http://www.unia.es/index.php?option=com_content&task=view&id=343&Itemid=278)

## Nuevos socios de la SEM

Altas del 31/05/07 al 20/11/07

Areso Garrues, Mikel  
Arjona Espejo, Davinia  
Barceló Aguiló, Gemma  
Bassegoda Puigdomènech, Arnau  
Blanco Toribio, Ana  
Casquete Palencia, Rocío  
Cruz Contreras, Hilario de la  
Escudero García-Calderón, José Antonio  
Espuny Gómez, María del Rosario

Fernández Calderón, M<sup>a</sup> Coronada  
Godoy Alba, Patricia  
González Prieto, Juan Manuel  
Hurtado Guerrero, Ramón  
Jáuregui Onieva, Paula  
López Jimena, Benjamín  
Martínez Alonso, María Ramos  
Monera Monera, Arturo  
Oncina Deltell, Remedios  
Otero Casal, Ana María

Pérez Gómez, Dolores  
Prado Plana, Susana  
Rodríguez Martínez, Raúl  
Ruibal Villaseñor, Constantino  
Ruiz Roldán, M<sup>a</sup> Carmen  
Ruiz-Moyano Seco de Herrera, Santiago  
Sánchez Hervás, Meritxell  
Tahridui, Ali  
Torrego Solana, Noelia

## Apuntes y comentarios

### ¿Dará el T-DNA un nuevo empuje a la genómica funcional de los hongos?

La finalización de la secuenciación del genoma de *Saccharomyces cerevisiae*, hace una década, ha venido seguida de la secuenciación de cerca de 60 genomas de hongos, a los que se sumarán próximamente otros 20 que se encuentran actualmente en proceso de secuenciación. La secuencia por sí misma nos da una información muy reducida sobre el funcionamiento de este grupo de organismos, por lo que es necesario un análisis a nivel genómico de la función de los genes identificados, es decir, dar el paso de la genómica estructural a la funcional.



A diferencia de lo que ocurre en *S. cerevisiae*, donde la elevada frecuencia de recombinación homóloga permite plantear estrategias globales de inactivación génica mediante la interrupción de genes, en muchos hongos, especialmente los filamentosos, la eficacia de la recombinación homóloga es muy baja. Este problema puede solucionarse en gran medida mediante la generación de estirpes deficientes en los genes *ku70* o *ku80*, que deberían presentar frecuencias de recombinación homóloga muy altas, así como mediante estrategias basadas en la utilización de siRNAs. Sin embargo, estas estrategias, aunque necesarias para inactivar sistemáticamente todos los genes de un hongo concreto, requieren un gran esfuerzo y una gran cantidad de tiempo. En este contexto, en abril se publicó un impresionante trabajo (Jeon *et al*, 2007. *Nat Genet* **39**: 561-565) realizado por el grupo del Dr. Yong-Hwan Lee, que podría acelerar la identificación de genes implicados *a priori* en un determinado proceso en cualquier hongo. La idea no es novedosa, pues consiste en generar mutantes por inserción de un fragmento de DNA, lo realmente destacable es la escala, ya que este grupo ha aislado más de 21000 de estos mutantes de *Magnaporthe oryzae*, un hongo patógeno que cada año destruye arroz suficiente para alimentar

a 60 millones de personas. La envergadura del trabajo se aprecia aún más cuando se analiza un proceso concreto, así, por ejemplo, se han identificado 202 nuevos *loci* implicados en la capacidad del hongo para infectar a la planta, duplicando el número de *loci* previamente identificados en 18 años de estudios de genética molecular en este hongo. La estrategia mutacional, basada en la gran eficacia con la que la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* transfiere el T-DNA a un gran número de hongos, tampoco es novedosa y había sido utilizada previamente, pero sin obtener una colección de mutantes tan extensa y con un análisis tan completo, ya que el artículo original se ha completado con un segundo artículo (Choi *et al*, 2007. *Mol Microbiol* **66**: 371-382), donde se ha analizado la integración del T-DNA en 1246 mutantes. El análisis de estas integraciones, y de las procedentes de otro estudio en el que se ha generado una colección más pequeña de este tipo de mutantes (Li *et al*, 2007. *Curr Genet* **51**: 233-243), demuestra que la integración no es totalmente al azar, observándose una tendencia a la integración en regiones promotoras, lo que parece estar relacionado con un mayor contenido en pares A-T. Más importante aún es el hecho de que el porcentaje de reorganizaciones asociadas a la integración del T-DNA sea relativamente bajo, mientras que el de transformantes con una única integración sea relativamente alto.

La relevancia de este trabajo, para aquellos que no trabajamos con *M. oryzae*, es que idéntica estrategia podría aplicarse a cualquier hongo en el que se produzca una transferencia eficiente del T-DNA, convirtiéndose en una herramienta más de la genómica funcional. Si esto es así se verá con nuevos trabajos similares a los comentados aquí.

**Victoriano Garre Mula**

Corresponsal del Grupo Especializado  
de Hongos filamentosos y levaduras  
Profesor Titular de Universidad  
Departamento de Genética y Microbiología  
Universidad de Murcia

## ***Escrito de los miembros de la Comisión Nacional de la Especialidad de Microbiología y Parasitología***

España ha sido un país pionero en el reconocimiento de la Microbiología y Parasitología como Especialidad en Ciencias Sanitarias. Con la eclosión de los grandes hospitales durante los años 60 y 70 se crearon los Servicios y Unidades de Diagnóstico de Microbiología y comenzó la formación de Especialistas con competencias específicas en este área. La mayoría de los microbiólogos formados fueron absorbidos por el propio sistema sanitario en Servicios de Microbiología creados en los hospitales antiguos y por la apertura de nuevos hospitales y la expansión del actual modelo de salud. En ocasiones, y debido a razones de tamaño, número de camas y actividad específica de los hospitales, los Especialistas en Microbiología y Parasitología con competencias específicas en el área de la infección y la Microbiología Clínica fueron incorporados a unidades pluridisciplinares de diagnóstico de laboratorio, ocupando plazas diferenciadas al ser convocadas bajo el epígrafe de "Especialista en Microbiología". Estos hechos reafirmaban la función beneficiosa específica de nuestros Especialistas para el resto de los profesionales sanitarios y su aportación a la calidad asistencial ofrecida al ciudadano. Este modelo, y el reconocimiento de la Microbiología y Parasitología como especialidad diferenciada en España, ha sido señalado reiteradamente como paradigma en diferentes informes para el resto de los países europeos. En la actualidad es defendido en el seno de la *European Union of Medical Specialists* (UEMS) que trabaja con el Parlamento Europeo, entre otras cuestiones, en la armonización de las especialidades médicas en Europa y en los programas de formación y de formación continuada de los profesionales sanitarios (1).

El modelo de organización del área de diagnóstico que se ha propuesto para los nuevos hospitales de la Comunidad de Madrid, basado en la externalización centralizada de los laboratorios, no atiende al modelo eficaz que existe actualmente. La Comisión Nacional de la Especialidad en Microbiología y Parasitología, con competencias en la formación de nuevos especialistas y acreditación de unidades docentes, ve con enorme

preocupación esta realidad y alerta de los problemas que de este modelo organizativo se pudieran derivar para el ciudadano.

En países como en los Estados Unidos en los que con anterioridad se ensayó un esquema de externalización de los laboratorios de diagnóstico, se comprobó su ineficacia y han vuelto a defender la consolidación del laboratorio de microbiología como mejor herramienta para ofrecer una atención sanitaria de calidad a los ciudadanos en el área de la infección (2,3). Los motivos por los que la externalización no tuvo éxito fueron debidos al alejamiento del Especialista en Microbiología del resto de los profesionales sanitarios, traducida en la incapacidad para detectar microorganismos emergentes, nuevos problemas de resistencias a los antimicrobianos y situaciones de brotes epidémicos, en la ineficacia en la resolución de cuestiones de diagnóstico microbiológico y en la ausencia de capacitación para la interpretación correcta de los resultados y de su transmisión al resto de los profesionales.

Recientemente, la Comisión Nacional de la Especialidad ha recogido en un documento las competencias específicas del Especialista en Microbiología y Parasitología. Entre estas competencias se encuentra la colaboración con equipos pluridisciplinares en el control de la infección hospitalaria y extrahospitalaria y en el diseño de medidas de prevención y profilaxis. El esquema de los nuevos hospitales de la Comunidad de Madrid priva al ciudadano y a los profesionales sanitarios de los beneficios del desarrollo de esta competencia y entra en colisión con líneas de trabajo prioritarias defendidas por la propia Consejería de Sanidad en este terreno. En este sentido, esta Consejería ha impulsado la elaboración de una Guía de Promoción de la Calidad y Buenas Prácticas para la Prevención y Control de la Infección Nosocomial (4), publicado diversas órdenes en esta materia (5,6) y, en la actualidad, trabaja en un sistema de transmisión "on-line" de datos microbiológicos a partir de los registros de los Laboratorios de Microbiología con fines epidemiológicos y alertas para establecer medidas de

mejora. Para llevarlas a la práctica es imprescindible la participación del microbiólogo y la consolidación del Laboratorio de Microbiología. Esta línea de trabajo es defendida por los *Centers for Diseases Control and Prevention* en los Estados Unidos (7) y está dando frutos adecuados en el control de la infección nosocomial en este país (8). También en un reciente informe del *European Center for Diseases Prevention and Control* se ha señalado a las infecciones producidas por bacterias resistentes y multiresistentes como uno de los mayores problemas en Europa para lograr el control de las enfermedades infecciosas (9). El especialista en Microbiología y Parasitología y los Laboratorios de Microbiología son piezas claves en esta labor y deben ser considerados en cualquier institución hospitalaria ya que su ausencia puede suponer una merma tremendamente importante de la calidad asistencial.

**Javier Aznar Martín, Rafael M. Cantón Moreno, M. del Carmen Guerrero Gómez, Luis Martínez Martínez, José Miguel Nogueira Coito, Teresa Alarcón Cavero, Ángela Gómez Alférez, Ignacio Bonilla Hernández, Concepción Gimeno Cardona, Pedro Antequera Rodríguez y Antonio Cuadrado Solano.**

**Referencias**

1. Deneger JE. Is an independent section of Clinical Microbiology Necessary? *European Society for Clinical Microbiology and Infectious Diseases News* 2007; 2: 14-17.
2. Infectious Diseases Society of America. Policy statement on consolidation of clinical microbiology laboratories. *Clin Infect Dis* 2001 15; 32:604.
3. Skeels M. Public Health Labs in a changing health care landscape. *ASM News* 1999; 65:479-483.
4. Andrade R, Arrazola MP, Cantón R, Caso C, Díez J, Figuerola A, García de Codes A, García de San José S, González Solana I, Grande FJ, Jaén F, Jimeno J, de Juanes JR, Martín Martínez A, Martínez Mondejar B, Padilla B, Peláez B, Ramírez Fernández R, Robustillo A, Rodríguez Caravaca G, Ruiz-Garbajosa P, Sainz de los Terreros L, San Juan Garrido R, Sánchez Mozo T, Sanz Gallardo I, de Vicente Pérez A, Vigil Escribano D, Zuza I. Guía de Buenas Prácticas de Prevención y Control de la Infección Nosocomial. Directora General de Calidad, Acreditación, Evaluación e Inspección. Consejería de Sanidad y Consumo. Comunidad de Madrid. 2007. (Depósito legal: M-23.652-2006).
5. Orden 1860/2005, de 12 de diciembre de la Consejería de Sanidad y Consumo de la Comunidad de Madrid. BO Comunidad de Madrid de 28 de diciembre de 2005, número 309, pag 49 por la que se Regula el sistema de vigilancia Microbiológica y crea el Registro Regional de Hallazgos Microbiológicos de la Comunidad de Madrid.
6. Orden 1087/2006, de 25 de mayo de la Consejería de Sanidad y Consumo de la Comunidad de Madrid. BO Comunidad de Madrid de 6 de junio 2006, número 133, pag 23 por la que se crea el Sistema de Prevención y Vigilancia en materia de Infecciones Hospitalarias de la Comunidad de Madrid.
7. Siegel JD, Rhinehart E, Jackson M, Chiarello L, and the Healthcare Infection Control Practices Advisory Committee. Guideline for Isolation Precautions: Preventing Transmission of Infectious Agents in Healthcare Settings. Junio de 2007. (<http://www.cdc.gov/ncidod/dhqp/pdf/guidelines/Isolation2007.pdf>)
8. Edwards JR, Peterson KD, Andrus ML, Tolson JS, Goulding JS, Dudeck MA, Mincey RB, Pollock DA, Horan TC, and the NHSN Facilities National Healthcare Safety Network (NHSN) Report, data summary for 2006, issued June 2007 *Am J Infect Control* 2007; 35:290-301.
9. Amato-Gauci A, Ammon A. The First European Communicable Disease Epidemiological Report. European Center for Disease Prevention and Control. June 2007. (<http://www.ecdc.europa.eu/Epi-report-2007.pdf>).

<ul style="list-style-type: none"> <li>- Estudio y conocimiento de los microorganismos patógenos y/o con potencial patogenicidad para el hombre</li> <li>- Diagnóstico microbiológico por medios directos o indirectos de las enfermedades infecciosas</li> <li>- Interpretación de los datos microbiológicos que permita formar una opinión clínica adecuada</li> <li>- Estudio de la actividad de los antimicrobianos y propuestas de políticas de uso racional de los antimicrobianos</li> <li>- Conocimientos de bioseguridad y bioterrorismo</li> <li>- Colaboración con equipos pluridisciplinarios en el control de la infección hospitalaria y extrahospitalaria y en el diseño de medidas de prevención y profilaxis</li> <li>- Metodología científica, elaboración y desarrollo de proyectos de investigación en microbiología</li> </ul>
---

**Tabla 1.** Competencias específicas del Especialista en Microbiología y Parasitología.

## Temas de actualidad

### Influencia en el aroma de queso del catabolismo de aminoácidos por *Lactococcus lactis*

**Teresa Requena y Carmen Peláez**

Departamento de Ciencia y Tecnología de Productos lácteos, Instituto del Frío (CSIC)  
C/José Antonio Nováis, 20. 28040 Madrid.  
trequena@if.csic.es, cpelaez@if.csic.es

En los países industrializados se utilizan cultivos iniciadores de forma generalizada para la elaboración de productos fermentados. Concretamente para la elaboración de quesos y leches fermentadas, la industria láctea utiliza cultivos de composición fija o variable que aseguran una homogeneidad aceptable en la calidad de los productos y mejoran considerablemente su seguridad. Para quesos, se utilizan generalmente cultivos simples o mixtos que están constituidos mayoritariamente por subespecies de *Lactococcus lactis*, aunque también pueden incluir otros géneros bacterianos como *Leuconostoc* o *Lactobacillus*. Durante las dos últimas décadas, se ha generado gran cantidad de información científica referente a la aceleración en el desarrollo de las características organolépticas de los quesos. Los estudios más recientes describen principalmente el empleo de herramientas genéticas para enriquecer el sistema proteolítico de *L. lactis* como la inclusión de peptidasas de *Lactobacillus*, de manera que al emplearse en la elaboración de quesos se obtienen

productos de características sensoriales uniformes y en un periodo corto de tiempo. No obstante, en la actualidad el consumidor no se conforma con productos seguros y de calidad aceptable, sino que demanda una oferta diversificada de productos que cumplan los más altos estándares de calidad organoléptica. Para conseguir estos objetivos, es necesario el diseño de tecnologías que permitan explotar al máximo el potencial de las bacterias lácticas en la formación de compuestos volátiles y que se obtenga en proporciones que establezcan un correcto balance para el desarrollo del aroma en queso. En este contexto, la actividad enzimática de bacterias lácticas implicada en el catabolismo de aminoácidos hasta la formación de potentes compuestos volátiles, juega un papel fundamental.

A diferencia del sistema proteolítico de las bacterias lácticas, objeto de numerosos estudios en la década de los 90 y tema de investigación de consorcios europeos en el Programa Marco Europeo, la degradación microbiana de aminoácidos hasta la formación de compuestos volátiles ha sido un tema desconocido durante mucho tiempo y de interés relativamente reciente (a partir de finales de los 90). Esto se ha debido en buena parte a la creencia generalizada de que muchos de los compuestos volátiles del queso se forman por vía química (Marilley y Casey, 2004). El catabolismo de aminoácidos por bacterias presentes en el queso, se ha revisado recientemente por Smit *et al.* (2005), Yvon (2006) y Fernández y Zúñiga (2006). Las rutas metabólicas más estudiadas son las de las bacterias lácticas, fundamentalmente *Lactococcus*. En bacterias lácticas las reacciones de degradación se basan en dos patrones (Figura 1): (i) reacciones de transaminación de aminoácidos de cadena ramificada, aromáticos, aspártico y metionina que se transforman en  $\alpha$ -cetoácidos con posterior conversión a hidroxiaácidos, ácidos carboxílicos, aldehídos, alcoholes y ésteres y (ii) reacciones de demetilación de metionina que conducen a la formación de metanotiol y derivados. El

**Carmen Peláez** y **Teresa Requena** han establecido el Grupo de Bacterias Lácticas del Departamento de Ciencia y Tecnología de Productos Lácteos del Instituto del Frío del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) en Madrid. Poseen una dilatada experiencia en biotecnología de bacterias lácticas y diseño de cultivos iniciadores para la industria de productos lácteos fermentados. Han dirigido varias tesis doctorales y son autoras de numerosas publicaciones, así como de varias patentes y resultados de interés tecnológico en el campo de la microbiología láctea. **C. Peláez** es Doctora en Ciencias Biológicas, Profesora de Investigación del CSIC y actualmente ocupa el cargo de Coordinadora del Área de Ciencia y Tecnología de Alimentos del CSIC. Investigadora invitada en el NIZO Food Research Institute (Holanda) durante el año 1986 y en la Royal Veterinary Agricultural University (Dinamarca) durante 1992. **T. Requena** es Doctora en Veterinaria e Investigador Científico del CSIC. Investigadora postdoctoral en la Universidad de Minnesota (EEUU) los años 1992 y 1993 y en la Universidad de Otago (Nueva Zelanda) en 2000.

balance adecuado del aroma que se genera en el queso deriva de la combinación adecuada de estos compuestos volátiles y sus precursores, los aminoácidos.

**Transaminación de aminoácidos**

*Actividad Aminotransferasa*

La transaminación de aminoácidos en bacterias lácticas es una etapa clave en su conversión hasta compuestos volátiles. En la reacción de transaminación, el aminoácido se transforma en  $\alpha$ -cetoácido y el aceptor del grupo amino, el  $\alpha$ -cetoglutarato, en glutámico. La reacción se cataliza reversiblemente por aminotransferasas dependientes de piridoxal-5-fosfato.

La actividad aminotransferasa de aminoácidos de cadena ramificada se realiza fundamentalmente por la enzima BcaT y la de aminoácidos aromáticos por la enzima AraT. AraT es activa frente a aminoácidos aromáticos, principalmente fenilalanina y en mucha menor medida, leucina y metionina. BcaT es activa frente a los tres aminoácidos de cadena ramificada leucina, isoleucina y valina y en menor medida metionina. El sustrato de mayor afinidad es isoleucina y se solapa con AraT en su actividad frente a leucina y metionina. Los

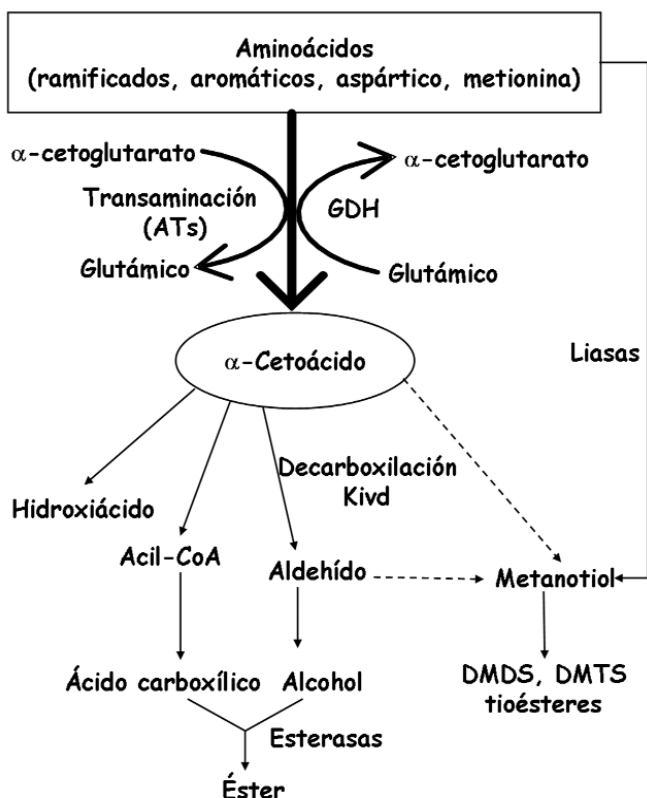
genes que codifican AraT y BcaT en *L. lactis* se encuentran en una única copia en el cromosoma y se transcriben monocistricamente. La transaminación de metionina conduce a la formación de ácido  $\alpha$ -cetometil-tio-butirato (KMBA), del que parte se convierte químicamente en metil-tioacetaldéhid, metanotiol y dimetilsulfuros. Tanto en lactococos como en lactobacilos, la conversión de metionina se inicia fundamentalmente por transaminación, aunque parte puede demetiolarse en una reacción de eliminación que da lugar a metanotiol y que se realiza por enzimas liasas (Figura 1).

*Actividad Glutamato Deshidrogenasa (GDH)*

La reacción de transaminación de aminoácidos en bacterias lácticas requiere obligatoriamente la presencia de un aceptor de grupos amino que es preferentemente  $\alpha$ -cetoglutarato. En *L. lactis*, este compuesto puede producirse por tres rutas metabólicas, vía actividad glutamato deshidrogenasa (GDH) que lo forma a partir de ácido glutámico y por otras dos rutas que requieren citrato permeasa y citrato liasa, las cuales están sujetas, por tanto, a la disponibilidad de citrato. Se ha descrito además que la presencia de actividad GDH condiciona la capacidad de las bacterias para catabolizar aminoácidos. Recientemente, se ha caracterizado el gen que codifica la actividad GDH en una estirpe silvestre de *L. lactis* aislada de guisantes. La actividad se encuentra localizada en un plásmido que contiene 20 elementos IS, los cuales podrían haber intervenido en eventos de transferencia entre *L. lactis* y otros habitantes del mismo biotipo pertenecientes a los géneros *Streptococcus*, *Pediococcus* y *Lactobacillus* (Yvon, 2006).

**Degradación de  $\alpha$ -cetoácidos**

Los  $\alpha$ -cetoácidos producidos por la transaminación de aminoácidos se transforman posteriormente por vía química y/o enzimática en compuestos derivados, algunos de los cuales son potentes compuestos volátiles (Tabla 1). La formación de  $\alpha$ -cetoácidos es, por tanto, un factor limitante en la generación de estos compuestos y juega un papel clave en el control de la formación de aroma. Este hecho ha quedado demostrado en estudios de sobreexpresión de enzimas catabólicas como  $\alpha$ -cetoácido descarboxilasa, que no han conducido al aumento de compuestos volátiles debido a la limitación de la presencia del cetoácido o en estudios de inducción de lisis bacteriana que han indicado el papel clave de la transaminación en las reacciones de catabolismo de aminoácidos.



**Figura 1.** Rutas enzimáticas clave en la conversión de aminoácidos a compuestos aromáticos por *Lactococcus lactis*.

**Tabla 1.** Compuestos del aroma derivados del catabolismo de aminoácidos.

Aminoácido	Metabolito	Descripción del aroma
Leucina	3-Metilbutanal (isovaleraldehído)	Malta, queso, chocolate
	3-Metilbutanol	Malta, alcohol, queso fresco
	Ácido 3-Metilbutanoico (isovalerato)	Sudor, queso fuerte, pútrido, rancio
Isoleucina	2-Metilbutanal	Malta, queso, chocolate
	2-Metilbutanol	Malta, alcohol
	Ácido 2-metilbutanoico	Sudor, queso fuerte, pútrido
Valina	2-Metilpropanal	Malta, queso, plátano, chocolate
	2-Metilpropanol	Malta, alcohol
	Ácido 2-Metilpropanoico (isobutirato)	Sudor, rancio, ácido
Fenilalanina	Fenilacetaldehído	Floral, rosa
	Feniletanol	Floral, rosa, miel
	Ácido fenilacético	Miel
	Benzaldehído	Aceite de almendra amarga, cereza dulce
	Ácido feniletilacético	Floral, pasto
Tirosina	Ácido hidroxifenilacético	
	<i>p</i> -Cresol	Medicinal
	Fenol	Medicinal
Triptófano	Escatol (3-metil indol)	Naftalina, fecal
	Indol	Pútrido, mohoso
Metionina	Metional (3-metilpropional)	Patata cocida, azufre
	Metionol (3-metilpropionol)	Patata
	Ácido metiltiopropiónico	
	Metanotiol	Col cocida, ajo, cebolla, azufre
	Dimetildisulfuro	Col, ajo, queso maduro
	Dimetiltrisulfuro	Ajo, pútrido, col
	Dimetilsulfido	Col, ajo, azufre
Ácido metiltioacético		
Ácido aspártico	Diacetilo (2,3-butanodiona)	Mantequilla, nuez
	Acetoína (3-hidroxi-2-butanona)	Mantequilla, leche ácida
	Ácido acético	Vinagre, agrio, ácido

**Hidroxiácidos.**- La reducción de los  $\alpha$ -cetoácidos producidos por transaminación da lugar a hidroxiácidos (Figura 1). Estos compuestos, sin embargo, no participan en el sabor ni el aroma de queso ni tampoco son precursores de compuestos del aroma. La reacción se cataliza por hidroxilácido deshidrogenasas dependientes de NADH, denominadas genéricamente hidroxilisocaproato deshidrogenasas, ya que el  $\alpha$ -cetoisocaproato es su sustrato preferente. Esta actividad aparece ampliamente distribuida en bacterias lácticas. Recientemente se ha descrito que ninguna de las cinco presuntas hidroxilácido deshidrogenasas deducidas de la secuencia nucleotídica del genoma de *L. lactis* IL1403 tiene dicha actividad, que finalmente ha sido identificada, mediante mutagénesis aleatoria, en el producto codificado por el gen *panE*, que había recibido dicha anotación por su homología con ketopantoato reductasas. Los hidroxilácidos son productos mayoritarios de la degradación de aminoácidos en quesos semiduros

elaborados con *L. lactis*, por lo que la existencia de esta actividad reduce la disponibilidad de  $\alpha$ -cetoácidos como sustratos para la formación de compuestos volátiles.

**Ácidos carboxílicos.**-La descarboxilación oxidativa de  $\alpha$ -cetoácidos resultantes de la transaminación da lugar a ácidos carboxílicos sin formación transitoria de aldehído, y se ha propuesto que esta conversión está catalizada por el llamado complejo cetoácido deshidrogenasa, compuesto por tres componentes:  $\alpha$ -cetoácido deshidrogenasa, dihidrolipoiltransacilasa y lipoamida deshidrogenasa. Este complejo no se ha caracterizado en bacterias lácticas todavía, pero se conoce que actúa fundamentalmente a pH 5,5 y se inhibe por arsénico trivalente. Dicha actividad se ha descrito en *L. lactis* y en propionibacterias. Los ácidos carboxílicos derivados de aminoácidos de cadena ramificada como el isovalérico o de aminoácidos aromáticos como indolacético o hidroxifenilacético (Tabla 1),



son compuestos volátiles potentes que además pueden actuar como precursores de otros compuestos volátiles como ésteres, tioésteres, aldehídos o tioles.

**Aldehídos.**- La descarboxilación no oxidativa de  $\alpha$ -cetoácidos genera aldehídos, de los cuales los de cadena ramificada como 2- y 3-metil butanal han acaparado gran parte de la atención en los últimos años por intervenir de forma importante en el desarrollo del aroma de algunos quesos. Estos aldehídos aportan un aroma asociado a malta o chocolate y tienen bajos umbrales de detección. Debido además a que en concentraciones muy elevadas estos aldehídos pueden conferir sabores anormales, su correcta formación juega un papel fundamental en el balance del aroma final. Los aldehídos formados por la actividad  $\alpha$ -cetoácido descarboxilasa pueden oxidarse por una aldehído deshidrogenasa a los correspondientes ácidos orgánicos. Dado que estos ácidos también pueden formarse directamente por descarboxilación oxidativa de los  $\alpha$ -cetoácidos, es probable que las bacterias utilicen preferentemente esta vía que economiza energía, no habiéndose encontrado actividad  $\alpha$ -cetoácido descarboxilasa en bacterias lácticas de forma generalizada. Nuestro grupo de investigación ha caracterizado molecularmente por primera vez la actividad  $\alpha$ -cetoácido descarboxilasa de *L. lactis*. El gen *kivd* es idéntico en un 80% al anotado como *ipd* en el genoma de *L. lactis* IL1403, que presuntamente codifica una indolpiruvato descarboxilasa, el cual está interrumpido por la inserción de un elemento IS983, responsable de la pérdida de actividad de la enzima. Se trata de una enzima tiamin-difosfato dependiente, que pertenece a la familia de las piruvato descarboxilasas y que presenta una alta especificidad frente a  $\alpha$ -ceto isovalérico, metabolito intermedio de la síntesis de leucina y valina. Esta actividad enzimática también interviene en la descarboxilación de KMBA procedente de la transaminación de metionina dando lugar a metional.

#### **Demetilación de aminoácidos: Actividad metionina liasa**

A diferencia de los aminoácidos aromáticos y ramificados, la última reacción en la ruta de biosíntesis de la metionina no es una transaminación, sino que interviene una liasa que convierte cistationina en homocisteína que es metilada para obtener metionina. La cistationina liasa posee actividad  $\beta$ - y  $\gamma$ -liasa, y además se ha descrito su capacidad de demetilar metionina hasta la formación de metanotiol y volátiles derivados como

di- y tri-metil sulfuro. Sin embargo, su participación en el metabolismo de aminoácidos es fundamentalmente de biosíntesis, siendo su especificidad por la metionina muy inferior a la que presenta frente a cistationina. No se ha identificado en bacterias lácticas una metionina  $\gamma$ -liasa específica de metionina y comparable a la existente en *Brevibacterium* donde juega un papel relevante en la formación de metanotiol.

#### **Intervención de las enzimas del catabolismo de aminoácidos en la formación de aroma en quesos**

**Cepas silvestres.**- Se ha demostrado que estirpes silvestres de *L. lactis* aisladas de nichos naturales mantienen una capacidad de producción de compuestos volátiles muy superior a la de cepas industriales. Esto se ha relacionado con su mayor capacidad de biosíntesis de aminoácidos y por tanto, con una mayor actividad enzimática relacionada con el metabolismo de estos compuestos. En algunos casos, los aromas producidos por estas cepas se definen como achocolatados, afrutados o "de quesería" y se deben a la producción de aldehídos y alcoholes derivados de aminoácidos de cadena ramificada, que generalmente forman parte de la fracción volátil de quesos duros de larga maduración como el Parmesano y contribuyen positivamente a su aroma si se encuentran en un balance adecuado.

**Complementación de rutas metabólicas.**- La complementación de rutas metabólicas presentes en distintas cepas puede resultar una buena aproximación para conseguir un balance final adecuado de compuestos volátiles. Algunos ejemplos son la combinación de lactobacilos GDH positivos y lactococos GDH negativos *in vitro* a pH 5,5 para incrementar la producción de ácidos carboxílicos. Igualmente, la combinación de lactococos con elevada actividad aminotransferasa y actividad  $\alpha$ -cetoácido descarboxilasa incrementa la formación de compuestos volátiles derivados de aminoácidos ramificados en cultivos en leche, obteniéndose para estas combinaciones las puntuaciones más elevadas relativas a atributos de queso madurado y a intensidad de aroma. En relación a los volátiles derivados de la metionina, es posible incrementar su formación utilizando un modelo de complementación entre *Lactococcus* y *Brevibacterium linens*, donde los lactococos son los responsables de la liberación de la metionina y las brevibacterias de la formación de metanotiol. Un modelo similar se ha descrito entre *Geotrichum candidum* y *B. linens*.

### **Potenciación del aroma mediante utilización de agentes líticos.**

La utilización de bacteriocinas como agentes inductores del sistema autolítico bacteriano es una aproximación relativamente reciente para el control de la formación de aroma en queso. La acción lítica de algunas bacteriocinas es un efecto secundario causado por la desregulación del sistema autolítico de bacterias sensibles. La lacticina 3147 producida por *L. lactis* IFPL105 es activa frente a lactococos y lactobacilos, si bien la respuesta a la lisis es cepa dependiente. La lacticina 3147 provoca una permeabilización de la membrana celular que facilita la entrada de aminoácidos al interior. De esta forma, las células aún siendo inviables pueden contribuir a la formación de aroma en queso. La utilización de un cultivo iniciador compuesto por un transconjugante productor de lacticina 3147 y lactococos sensibles a la bacteriocina que mostraban actividad aminotransferasa y cetoácido descarboxilasa, dio lugar a un incremento en la formación de aldehídos procedentes de aminoácidos de cadena ramificada (Peláez y Requena, 2005). Se ha demostrado que la permeabilización celular causada por esta bacteriocina facilita la difusión de aminoácidos al interior celular y la reacción de transaminación, mientras que la descarboxilación de los  $\alpha$ -cetoácidos no se ve influenciada, indicando la posible difusión libre de estos compuestos a través de la membrana celular.

### **Regulación genética del metabolismo de aminoácidos**

El metabolismo de aminoácidos en bacterias está regulado por diferentes mecanismos específicos que incluyen tanto el control bioquímico de las enzimas como de su expresión en respuesta a la disponibilidad de sustratos, así como por sistemas de regulación globales que actúan a nivel transcripcional. La regulación de genes y operones relacionados con la biosíntesis de aminoácidos ha sido demostrada extensamente en *Bacillus subtilis*, en la que participan los reguladores globales del metabolismo de nitrógeno CodY y TnrA, así como CcpA que posee un papel central en la regulación del metabolismo de carbono. En *L. lactis*, CodY es responsable de la represión de genes que codifican la mayoría de enzimas del sistema proteolítico, del transporte de péptidos y aminoácidos, de las aminotransferasas AraT y BcaT y de la actividad cetoácido descarboxilasa. La activación del sistema represor CodY tiene lugar en respuesta al acúmulo en las células de aminoácidos de cadena ramificada, fundamentalmente isoleucina. En un estudio reciente, empleando tecnología de

DNA-microarray, se ha determinado que cerca de 100 genes expresados por *L. lactis* IL1403 están regulados por CodY, de los que el 45% codifican enzimas relacionadas con las rutas de biosíntesis de aminoácidos y prácticamente el resto de genes están relacionados con el suministro de nitrógeno, ejerciendo una función global de regulación (Guédon *et al.*, 2005). Empleando también DNA-microarrays, Sperandio *et al.* (2005) han descrito la influencia en el metabolismo de aminoácidos azufrados de un regulador transcripcional específico, FhuR. Sin embargo, no se han identificado en *L. lactis* IL1403 genes homólogos al operón *bkd*, que en *B. subtilis* codifica el complejo enzimático responsable del catabolismo de aminoácidos ramificados hasta ácidos carboxílicos ramificados y que se encuentra regulado por el activador transcripcional BkdR.

### **Conclusiones**

La elevada regulación genética a la que se ven sometidas las rutas biosintéticas de aminoácidos en *L. lactis* permite predecir un control equivalente en las reacciones catabólicas, siendo posible que su expresión esté sometida a los mismos factores reguladores globales del metabolismo de azúcares y de nitrógeno. No obstante, la identificación de genes asociados al catabolismo de aminoácidos en lactococos se puede enfrentar a problemas debidos a incorrecciones en su anotación en el genoma de *L. lactis* IL1403 (p. ej. *ipd*, *ytjE*, *panE*). En otros casos, estos genes podrían no encontrarse formando parte de operones que faciliten su estudio, o puede ocurrir que su expresión sea poco frecuente como consecuencia de mutaciones sufridas por adaptación a condiciones de crecimiento. Estas mutaciones son más habituales en cepas comerciales y de laboratorio y no tanto en cepas silvestres, por lo que éstas presentan generalmente una capacidad muy superior de generar compuestos volátiles. En otros casos, las dificultades se deben a que algunas reacciones podrían ser catalizadas por una variedad de enzimas con amplias especificidades de sustrato como son las actividades deshidrogenasas. Por todo ello, es imprescindible la demostración experimental de expresión de la actividad enzimática codificada por determinados genes anotados en los genomas, para su correcta identificación y poder posteriormente discernir los mecanismos que intervienen en su regulación y también para poder predecir y comparar el gran potencial de las bacterias lácticas en su capacidad para la formación de aroma en el queso.

### Agradecimientos

Los autores agradecen la financiación recibida para esta investigación por los Proyectos AGL2006-12100 (Ministerio de Educación y Ciencia) y ALIBIRD: S-0505/AGR-0153 (Comunidad Autónoma de Madrid).

### Bibliografía

Fernández M, Zúñiga M (2006) Amino acid catabolic pathways of lactic acid bacteria. *Crit Rev Microbiol* 32:155-183  
 Guédon E, Sperandio BC, Pons M, Ehrlich SD, Renault P (2005) Overall control of nitrogen metabolism in *Lactococcus lactis* by CodY, and possible models for CodY regulation in *Firmicutes*. *Microbiology-SGM* 151:3895-3909

Marilley L, Casey MG (2004) Flavours of cheese products: metabolic pathways, analytical tools and identification of producing strains. *Int J Food Microbiol* 90:139-159

Peláez C, Requena T (2005) Exploiting the potential of bacteria in the cheese ecosystem. *Int Dairy J* 15:831-844

Smit G, Smit BA, Engels WJM (2005) Flavour formation by lactic acid bacteria and biochemical flavour profiling of cheese products. *FEMS Microbiol Rev* 29:591-610

Sperandio B, Polard P, Ehrlich DS, Renault P, Guédon E (2005) Sulfur amino acid metabolism and its control in *Lactococcus lactis* IL1403. *J Bacteriol* 187:3762-3778

Yvon M (2006) Key enzymes for flavour formation by lactic acid bacteria. *Aust J Dairy Technol* 61:88-96

# Sociedad Española de Microbiología

**Fundada en 1946**

Depósito Legal nº 36180-1.986



Miembro de:

FEDERATION OF EUROPEAN MICROBIOLOGY SOCIETIES (FEMS)

INTERNATIONAL UNION OF MICROBIOLOGICAL SOCIETIES (IUMS)

Representada en numerosos Comités Internacionales relacionados con la especialidad.

Agrupada a los interesados en cualquier faceta científica o profesional relacionada con los microorganismos.

### Socios protectores de la SEM:

- Francisco Soria Melguizo, S.A.
- Merck Sharp & Dohme, S.A.
- Pfizer, S.A.

### Socios colaboradores de los Grupos Especializados de la SEM:

- AGBAR, S.A.
- BIOETANOL GALICIA
- EMASA
- EMASESA
- Iberdrola, S.A.
- Instituto Tecnológico Agroalimentario
- Iproma, S.L.
- Laboratorio Municipal de Vigo
- Millipore Ibérica, S.A.
- Proaguas Costablanca, S. A.
- THOR Especialidades, S.A.
- VWR International Eurolab (grupo Merck)

Para solicitar más información, inscripciones o publicidad, diríjase a la Secretaría de la

### Sociedad Española de Microbiología

Vitruvio, 8 - 28006 Madrid

Tel.: 915 613 381

Fax: 915 613 299

E-mail: [orgra46@orgc.csic.es](mailto:orgra46@orgc.csic.es)

# Diversidad y estructura de una comunidad microbiana

**Silvia G. Acinas**

Departamento de Biología Marina y Oceanografía.  
Instituto de Ciencias del Mar, CMIMA-CSIC, Barcelona  
sacinas@cmima.csic.es

## **El resurgir de la Ecología Microbiana**

Estamos viviendo un momento privilegiado para la Ecología Microbiana, ya que gracias a la integración de múltiples técnicas procedentes de diversas disciplinas científicas (desde la Biología Molecular hasta la Genómica y la Bioinformática), parece resurgir de entre sus cenizas como el *ave fénix*.

Hoy en día, el estudio de la diversidad microbiana se ha convertido en una de las líneas de investigación más relevantes en el área de la Ecología Microbiana, no sólo por su papel en el conocimiento de la función, estructura y evolución de las poblaciones que componen una comunidad microbiana, sino como una fuente importante de investigación médica y biotecnológica. Durante los últimos cinco años, ha sido factible la inclusión de técnicas de metagenómica a gran escala basadas en el análisis de fragmentos de genomas de microorganismos de ambientes naturales, o el uso de metodologías alternativas de secuenciación como la pirosecuenciación (*pyrosequencing*) (tecnología 454 de Roche) para el estudio de la diversidad en comunidades microbianas naturales. Científicos como O. Bejá, E. F. DeLong o J. C. Venter fueron pioneros en el uso de distintas técnicas metagenómicas para el estudio de comunidades microbianas marinas. Fue Craig Venter en el año 2004 mediante la técnica metagenómica *whole-genome shotgun sequencing* (WGS) basada en la secuenciación al azar de los genomas de una comunidad microbiana, quien hizo posible la secuenciación de más de un millón de genes partir de una muestra del bacterioplancton del Mar de los Sargazos detectando más de 1800 especies o filotipos (secuencias distintas del gen 16S rRNA) (Venter *et al*, 2004). Posteriormente, el proyecto *Global Ocean Sampling* liderado también por Venter ha llevado a cabo la secuenciación masiva de 7,7 millones de genes de genomas bacterianos procedente de 41 muestras de diversos ambientes acuáticos a través de 8000 kilómetros de distancia (Rusch *et al*, 2007). Dicha metodología ha permitido la identificación de más de un millón de nuevos ORFs (*Open Reading Frames*), muchos de ellos con la posibilidad de codificar nuevas enzimas.

Recientemente, también se ha utilizando la tecnología de pirosecuenciación para explorar la estructura de una comunidad microbiana marina en profundidad (Sogin *et al*, 2006) y se han podido secuenciar más de 900000 *tags* (pequeños fragmentos de alrededor de 100 bp de los genes 16S rRNA) de dos comunidades microbianas bentónicas cercanas a una fisura volcánica que se encuentra a más de 1500 m de profundidad (Huber *et al*, 2007).

A pesar del gran avance en distintos aspectos de la Ecología Microbiana, todavía quedan multitud de incógnitas por resolver que harán de esta disciplina una de las más fascinantes de la Microbiología. Aprovechando la oportunidad que se me ofrece aquí, detallaré algunos acontecimientos que durante cinco años de estancia postdoctoral en el laboratorio del Dr. Martin F. Polz en *Massachusetts Institute of Technology* (MIT) de Boston (entre 2001 y 2006), fueron vitales para intentar responder algunas incógnitas sobre la diversidad y estructura de comunidades microbianas en ambientes naturales.

## **¿Es real toda la diversidad microbiana que observamos?**

Para poder responder a esta pregunta, primero es necesario recordar cómo se determina la diversidad microbiana en una muestra ambiental. Allá por el año 2001, cuando todavía Craig Venter no surcaba el mar de los Sargazos en busca de un millón de genes y no disponíamos del “*shotgun technology*” para tal fin, ni tampoco teníamos acceso a la revolucionaria tecnología de pirosecuenciación, *¿cómo se determinaba la diversidad microbiana con técnicas moleculares?* En la actualidad, el acceso a dichas tecnologías es restringido y por lo tanto la mayoría de los laboratorios todavía utilizan la misma estrategia para determinar la diversidad microbiana.

Dicha estrategia se basa en la amplificación por PCR de determinados marcadores moleculares como el gen 16S rRNA, a partir del DNA extraído directamente de los microorganismos presentes en una comunidad microbiana. Posteriormente, se genera una genoteca y se secuencian un número

determinado de clones para su análisis. Obviamente, cuantos más clones se secuencian más probabilidades se tiene de recuperar secuencias representativas de los microorganismos existentes (Figura 1). Una de las maneras de analizar el “esfuerzo de muestreo” y por tanto saber si el número de secuencias obtenidas representan una fracción significativa o no de una muestra natural, es por medio de análisis estadísticos como las curvas de rarefacción (el significado original de *rarefaction* en inglés es la reducción de la densidad de una sustancia y ese significado tiene también en español). Los análisis de rarefacción permiten: (i) comparar la diversidad entre diferentes muestras que difieren en tamaño, entendiendo por tamaño el número de clones secuenciados y (ii) extrapolar la diversidad calculando el número hipotético de especies presente en una muestra natural a través de estimadores de riqueza como *Chao-1* (no paramétrico). En estos análisis, el eje de abscisas (X) viene representado por el número de clones analizados, y el eje de ordenadas (Y) por el número de secuencias distintas del gen analizado, en nuestro caso del gen ribosómico 16S rRNA [también se puede expresar como número de filotipos, OTUs (*operational taxonomic units*) o ribotipos pues no existe un consenso de nomenclatura al respecto] proporcionando así una idea de la diversidad existente.

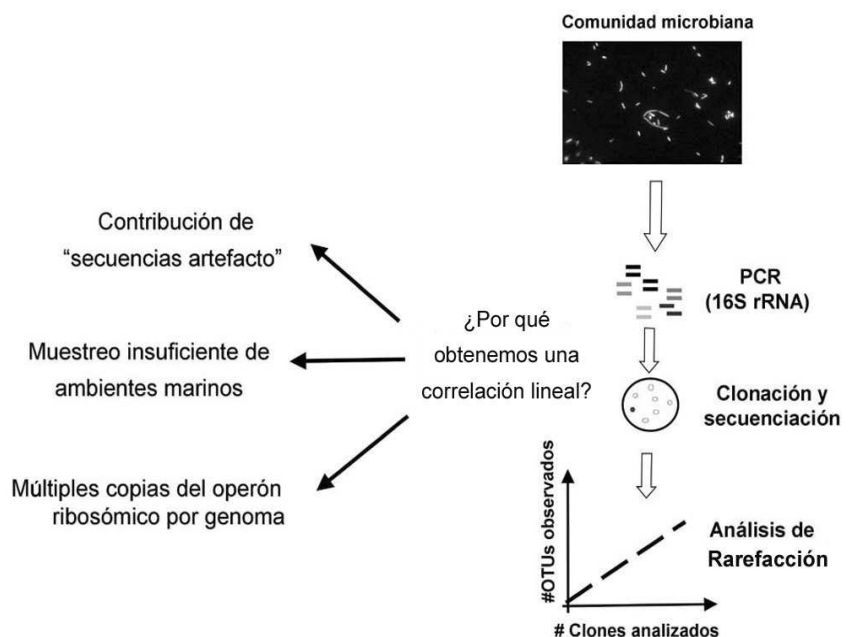
Desafortunadamente, un patrón común que se detecta en muchos de los estudios de diversidad microbiana que utilizan esta estrategia es que el número de clones que se requiere es casi “infinito” pues se observa una correlación lineal entre el número de clones analizados y el número de OTUs

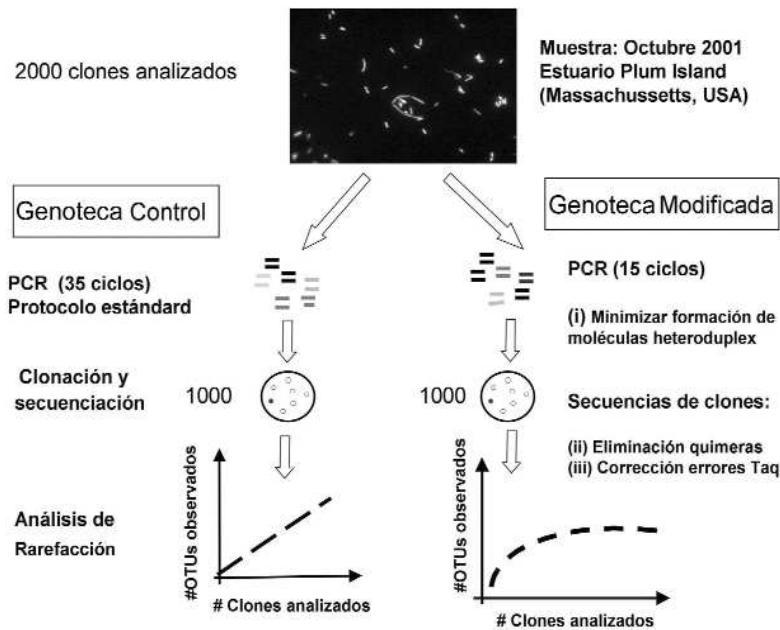


**Silvia G. Acinas** se licenció en Biología por la Universidad de Murcia (UM) en 1994 y es Doctora por la Universidad Miguel-Hernández (UMH) de Alicante desde 1999. Fue Premio Extraordinario de doctorado por su tesis: “*Diversidad procariótica en ambientes marinos e hipersalinos*” en el Departamento de Microbiología bajo la dirección del

Dr. Francisco Rodríguez Valera. Durante 7 años, desde 1999 hasta el 2006, realizó varias estancias postdoctorales en distintos laboratorios de EEUU y Europa. Gracias a una beca postdoctoral del MEC se incorporó al Departamento del Dr. Martin F. Polz en *Massachusetts Institute of Technology (MIT)* en Boston (EEUU) donde investigó durante 5 años distintos aspectos de la estructura, función y evolución de poblaciones bacterianas en comunidades microbianas marinas y desarrollando nuevas técnicas metagenómicas. Después de su experiencia postdoctoral en EEUU, en el 2006 fue contratada en el Departamento de Microbiología del *NIOO-KNAW*, Holanda, dirigido por el Dr. Lucas Stal donde trabajó sobre la diversidad de picocianobacterias y *Pseudanabaena* como modelo para estudiar la microdiversidad genética en un grupo concreto de microorganismos. Posteriormente, tras conseguir un contrato como investigadora mediante el *Programa Ramón y Cajal* por el área de Biología Molecular, Celular y Genética, se incorporó en el 2007 en el Departamento de Biología Marina y Oceanografía en el Instituto de Ciencias del Mar, en el CMIMA-CSIC de Barcelona. Sus principales líneas de investigación se enfocan hacia el uso de técnicas moleculares y genómicas para el estudio de: (i) diversidad, estructura y evolución de comunidades microbianas en ambientes naturales, y (ii) relevancia y mecanismos que generan microdiversidad genética en poblaciones bacterianas.

**Figura 1.** Esquema que representa las distintas etapas necesarias para estimar la diversidad de una comunidad microbiana a través de genotecas ambientales y los problemas asociados a las mismas que influyen en la estimación de la diversidad microbiana.





observados (Figura 1 y 2). ¿Por qué? ¿Es realmente la diversidad microbiana tan elevada que no podemos estimarla con las técnicas actuales? Existen múltiples factores que afectan a la estimación de la diversidad microbiana y que hay que tener en cuenta como: (i) la contribución de secuencias generadas por artefactos de la PCR (ii) el muestreo insuficiente de comunidades microbianas de ambientes naturales y (iii) las múltiples copias del gen ribosómico presentes en los genomas bacterianos. Indagar estas cuestiones era crucial para poder realizar estimaciones realistas sobre la diversidad microbiana y para analizar en detalle la estructura de una comunidad microbiana.

Tuve la suerte durante mi estancia en EEUU en el laboratorio de Dr. Polz de estar en el sitio adecuado en el momento idóneo, con elevados recursos, sí, pero más importante, con muchas ganas de meternos en un buen "berenjenal" que requería muchas ganas, esfuerzo, tiempo y, por supuesto, dinero. La estrategia fue diseñar dos genotecas del 16S rRNA de elevado tamaño (1000 clones cada una) de una misma muestra ambiental (Figura 2) para (i) estimar cuántos genomas bacterianos (especies) coexisten en una misma comunidad microbiana (diversidad) y (ii) analizar en detalle cuál era la organización a nivel filogenético de dichos genomas (estructura). Nuestro proyecto fue pionero en su momento (hablamos de fechas anteriores a 2004) por varios motivos:

(i) Supuso el mayor esfuerzo de muestreo realizado hasta ese momento con la secuenciación de unos 2000 clones de un mismo gen y de una misma muestra ambiental.

**Figura 2.** Diseño de dos genotecas del 16S rRNA (control y modificada) a partir de una misma comunidad microbiana marina utilizando distintos protocolos de amplificación de la PCR. En la genoteca "control" se utilizó un protocolo estándar de amplificación con 35 ciclos, mientras que en la genoteca "modificada" se llevó a cabo con 18 ciclos y otros protocolos específicos para minimizar la formación y contribución de secuencias artefactos generados durante el transcurso de la PCR. El objetivo era poder comparar ambas genotecas para (i) estimar la contribución dichos artefactos en la estimación de la diversidad microbiana y (ii) analizar en detalle la estructura de una comunidad microbiana. De cada genoteca (control y modificada) se secuenciaron y analizaron alrededor de 1000 clones.

(ii) Utilizamos diferentes métodos para minimizar y cuantificar la contribución de los artefactos en las estimaciones de la diversidad microbiana.

(iii) Determinamos la proporción de diversidad que era debida a múltiples copias del gen ribosómico.

Este trabajo permitió por primera vez explorar en detalle la diversidad y estructura de una comunidad microbiana y esa aportación al campo fue reconocida con la publicación de un artículo en la revista *Nature* en julio de 2004 (Acinas et al, 2004b).

### **Efecto de las secuencias artefacto de la PCR en la estimación de la diversidad microbiana.**

Hoy en día existen más de 451545 secuencias del gen 16S rRNA depositadas en la base de datos del *Ribosomal Database Project II* (<http://rdp.cme.msu.edu/>) actualizada a fecha de 8 de noviembre de 2007. A pesar del constante incremento en el número de secuencias depositadas, todavía es una incógnita cuantas de ellas representan secuencias erróneas debido a los diferentes artefactos generados durante la PCR. Existen tres tipos de artefactos que se pueden generar durante el transcurso de la PCR:

(a) la formación de quimeras: representan productos de PCR incompletos que pueden hibridar como oligonucleótidos (*primers*) en secuencias heterólogas,

(b) la formación de moléculas heterodúplex: se suelen producir en los últimos ciclos de la PCR cuando puede llegar a existir una limitación en la concentración de oligonucleótidos en

la reacción de amplificación. En estos casos, se puede producir una hibridación cruzada entre secuencias heterólogas formando moléculas heterodúplex,

(c) errores por la polimerasa Taq: introducción de una base errónea, oscilando la tasa de error entre  $10^{-4}$ - $10^{-5}$  dependiendo de la enzima que se utilice.

En función de estas premisas cabría preguntarse: *¿estamos sobreestimando la diversidad microbiana debido a estos artefactos de la PCR? o ¿Hasta qué nivel estos artefactos perturban la estructura de una comunidad microbiana?*

Aunque existen múltiples estudios de laboratorio que han analizado la contribución de los artefactos de la PCR sobre una población mixta de DNA (4 ó 5 diferentes tipos de DNA), todavía no existía ninguno que intentara trasladar esta problemática a una comunidad microbiana de una muestra natural con la existencia de cientos o miles de tipos diferentes de DNA. Para resolver estas preguntas, diseñamos dos genotecas del 16S rRNA de una misma muestra ambiental utilizando dos estrategias diferentes (Figura 2): la primera genoteca que llamamos “control” se diseñó utilizando un protocolo estándar de amplificación (35 ciclos) utilizado en la mayoría de los laboratorios, mientras la segunda, la genoteca “modificada” se llevó a cabo utilizando protocolos especiales para minimizar la contribución de dichos artefactos de la PCR. Así, por ejemplo, se utilizaron sólo 15 ciclos de amplificación para minimizar la formación de quimeras y moléculas heterodúplex. Seguidamente, se realizó un protocolo extra llamado *PCR reconditioning*, el cual consistía en 3 ó 4 ciclos de amplificación añadiendo oligonucleótidos y polimerasa Taq polimerasa fresca. Con este protocolo se ha comprobado que la formación de moléculas heterodúplex en un modelo de laboratorio se reduce hasta un nivel casi indetectable (1%) (Thompson *et al*, 2002). Finalmente detectamos y corregimos posibles errores producidos por la polimerasa Taq. En los artículos que publicamos al respecto (Acinas *et al*, 2004b; Acinas *et al*, 2005) se pueden ver los protocolos más detallados de esta estrategia e incluyen, además, recomendaciones para generar genotecas minimizando la contribución de los artefactos durante la PCR (Acinas *et al*, 2005).

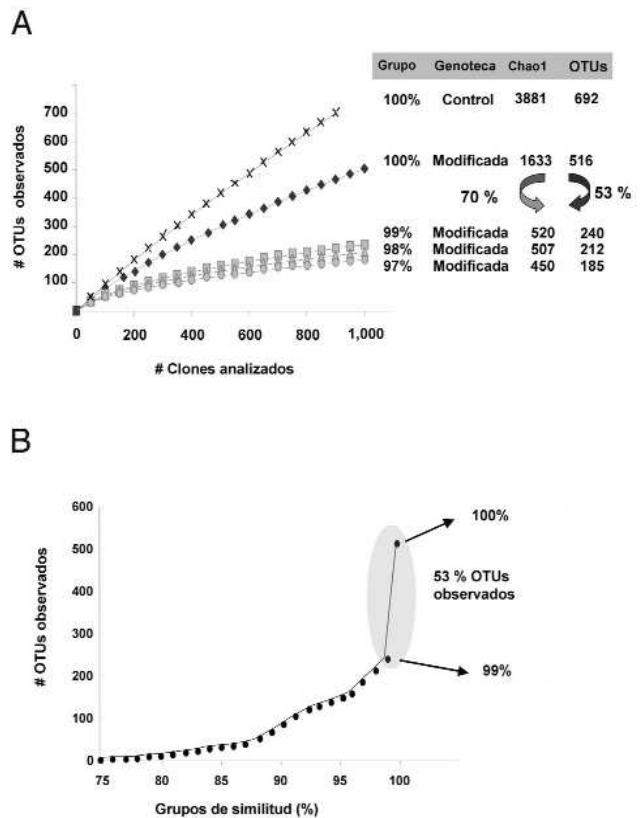
De la comparación de ambas genotecas se pudo concluir que utilizando el protocolo estándar con 35 ciclos de amplificación estábamos sobreestimando la diversidad presente. Esto fue evidente al comparar las dos genotecas ya que el número de:

(i) Secuencias quiméricas detectadas con diferentes herramientas bioinformáticas tenía

una incidencia de un 13% en la genoteca control, mientras que en la genoteca modificada esa cifra disminuyó al 3%, es decir, 4 veces menos (Acinas *et al*, 2005),

(ii) Secuencias distintas del gen 16S rRNA observadas (OTUs, filotipos o ribotipos) disminuyó significativamente, pasando de un 76% en el control a un 48% en la genoteca modificada. Igualmente el número de especies estimadas por Chao-1 en la genoteca control fue el doble pasando de 3381 a 1633 en la genoteca modificada (Figura 3A).

Estos resultados demostraron que es imprescindible tomar precauciones a la hora de generar genotecas si el objetivo es realizar estudios de diversidad y analizar la estructura de una comunidad microbiana, ya que de otra manera estaremos generando un número significativo de secuencias erróneas debido a los artefactos de la PCR.



**Figura 3. A.** Análisis de rarefacción comparando la genoteca control y modificada a distintos niveles de similitud, en donde se observa el número de especies estimadas por Chao-1 y el número de OTUs observados en ambas genotecas. **B.** Gráfica que ilustra el número de OTUs observado en la genoteca modificada a distintos grupos de similitud (desde 100% al 75%). Más de la mitad de lo OTUs se concentran en grupos de 99% de similitud (grupos de microdiversidad) revelando que la fracción predominante de diversidad es microdiversidad en esta comunidad microbiana.

### **Muestreo insuficiente de comunidades microbianas**

Hasta la publicación de Venter en abril de 2004, y nuestro artículo de julio de 2004, el estudio de la diversidad microbiana se basaba en el análisis de un número muy limitado de clones a partir de genotecas ambientales. En esta fase es en donde se observa los diferentes niveles de financiación de cada laboratorio pues no es lo mismo secuenciar 100 clones que 1000, y, por supuesto, las respuestas que obtienes tampoco son las mismas. Curiosamente, a pesar del descomunal potencial de secuenciación de Venter en el año 2004 con la secuenciación de 1,66 millones de carreras (secuenciación parcial de genes de aproximadamente 800 bp de longitud), sólo pudo identificar 1400 genes del 16S rRNA, similar en número a las 1067 secuencias de nuestra genoteca modificada. Sólo en el reciente estudio de Rusch (Rusch *et al*, 2007) con la secuenciación de 7,7 millones de carreras, se ha incrementado el número de genes ribosómicos a 4125. Sin embargo, utilizando la pirosecuenciación se pueden detectar hasta 900000 *tags* del gen 16S rRNA representativas de una comunidad bacteriana (Huber *et al*, 2007).

### **Múltiples copias del gen ribosómico en genomas bacterianos.**

Otra de las preguntas clave para estimar la diversidad de una comunidad microbiana utilizando el gen ribosómico era: *¿Qué proporción de la diversidad que observamos es debido a la existencia de múltiples copias del gen 16S rRNA en genomas bacterianos?* Nuestro estudio también abarcó esta cuestión mediante el análisis del número de genes parálogos del 16S rRNA presentes en los genomas bacterianos disponibles en las bases de datos. Entonces, sólo existían 97 genomas bacterianos y se detectó un total de 242 copias del gen 16S rRNA, lo cual nos proporcionaba un valor de una sobreestimación de 2,5 veces (242/97) (Acinas *et al*, 2004a). Una comparación alternativa fue realizada a partir de los datos del metagenoma del Mar de los Sargazos en la que se comparó el número de genes ribosómicos (1400) con el número de genes *recA* de copia única en los genomas bacterianos (600), obteniendo una estimación casi idéntica a la nuestra (2,3). Otros genes alternativos que se utilizan como marcadores moleculares son aquellos de los que se sabe que tienen sólo una copia en los genomas bacterianos y que se encuentran conservados evolutivamente. Un ejemplo son los genes funcionales *recA* (recombinasa A), *rpoB* (subunidad B de la RNA polimerasa) o el gen *gyrB* (subunidad B de la DNA girasa)

aunque su uso aún es limitado debido a que el número de secuencias depositadas es todavía muy inferior al de los genes ribosómicos y por tanto su valor filogenético restringido.

### **¿Cuántos genomas bacterianos (“especies”) coexisten en una misma comunidad microbiana?**

Como he comentado anteriormente, el esfuerzo de Venter en el año 2004 y el nuestro con respecto al número de genes identificados del 16S rRNA fue bastante similar (1400 vs. 1067). A pesar de utilizar distintas estrategias (metagenoma vs. genoteca), nuestros resultados en cuestión a la diversidad estimada de una comunidad microbiana son comparables. Así, en el metagenoma del mar de los Sargazos, se detectaron 1164 filotipos y se estimó la existencia de unas 1800 especies en esa comunidad microbiana. Nosotros detectamos 516 filotipos y estimamos unas 1633 especies bacterianas que coexistían en una misma comunidad microbiana. Sin embargo, utilizando la pirosecuenciación para comparar la diversidad entre dos comunidades microbianas se han podido detectar hasta 18500 filotipos con la predicción de la existencia de unas 37000 especies entre ambas comunidades (Huber *et al*, 2007).

Gracias al uso de las técnicas metagenómicas ha sido posible indagar sobre el contenido genómico, fisiología y relevancia ecológica de microorganismos no cultivados de diversos ambientes naturales (Bejá *et al*, 2001; DeLong *et al*, 2006). La aplicación de esta tecnología ofrece una visión más global y realista de la diversidad genética de una comunidad microbiana ya que no se limita al estudio de genes individuales o a un grupo determinados de ellos. También por ese motivo, dichas técnicas no resultan las más idóneas para analizar en profundidad la estructura de una comunidad microbiana. Por el contrario, la tecnología de pirosecuenciación, con capacidad para secuenciar entre 2 ó 3 órdenes de magnitud superior a la tradicional clonación y secuenciación, en la que se pueden secuenciar cientos de miles de pequeños fragmentos de genes, se prevé como una aproximación más adecuada para tal fin (Sogin *et al*, 2006, Huber *et al*, 2007). Sin embargo, todavía tiene que ser optimizada ya que el hecho de que se limiten a 100 bp del gen 16S rRNA (200 bp como máximo) implica que sólo se pueda asignar un valor taxonómico de “Phylum-Class-Order” de menor resolución al que se obtiene con los 800 bp de promedio en la secuenciación de un clon del gen 16S rRNA de manera tradicional. Actualmente sigue siendo una aproximación poco accesible para la mayoría de laboratorios modestos por su



elevado coste, pero existen convocatorias como la del *International Census of Marine Microbes* (ICoMM), que han financiado proyectos en los que se incluya el uso de la pirosecuenciación con muestras ambientales.

**“Microdiversidad”: fracción predominante de una comunidad microbiana marina.**

Uno de los resultados más relevantes de nuestro estudio fue poder analizar en detalle la estructura de una comunidad microbiana mediante el análisis de los 1067 genes del 16S rRNA de nuestra genoteca modificada. Para ello, realizamos curvas de rarefacción a distintos grupos de similitud (Figura 3A y 3B), de manera que en el eje de abscisas se representaba el número de clones analizados y en el eje de ordenadas se mostraba el número de OTUs (o filotipos) observados a distintos niveles de similitud desde el 100 % hasta un 75 % que fue el porcentaje en la cual se agruparon todas las secuencias en un único OTU (Figura 3B). Lo más sorprendente fue detectar que alrededor de un 53 % de los OTUs se agruparon en el nivel del 99 % de similitud. Traducido a otras palabras significaba que la mayoría de las secuencias recuperadas eran muy parecidas entre sí, como bacterias “primas hermanas” con una divergencia nucleotídica menor del 1% y que por lo tanto la fracción predominante de diversidad en nuestra muestra ambiental era “microdiversidad”. Estos mismos resultados se observaban cuando se comparaba el número de especies estimadas por Chao-1 entre los grupos de 100 y 99 % de similitud, pasando de 1633 a 520 especies estimadas. Eso significaba que el 70 % de las especies estimadas se concentraban en esos grupos a 99 % de similitud (grupos de microdiversidad o “micro-clusters”). Observamos que la predominancia de microdiversidad (“99 % micro-clusters”) no era un fenómeno casual, sino que era un patrón reproducible y así se ha observado en otros estudios de otras comunidades microbianas marinas (Pommier *et al*, 2007) e incluso procedentes de comunidades microbianas de marismas (Klepac-Ceraj *et al*, 2004). Estos grupos de microdiversidad no se pueden explicar ni por errores de la PCR, ni por las múltiples copias del gen ribosómico y constituyen un patrón observado independientemente de la estrategia usada, ya que también se ha detectado en el metagenoma del Mar de los Sargazos. Una de las hipótesis posibles es que estos grupos de microdiversidad pueden representar importantes unidades de diferenciación como “especies” o “ecotipos de especies”, dentro de una comunidad microbiana. La relevancia de la microdiversidad se ha puesto de manifiesto también en

los recientes estudios de Rusch (Rusch *et al*, 2007) y Huber (Huber *et al*, 2007) utilizando ambos dos estrategias muy diferentes a las genotecas (metagenomas y pirosecuenciación, respectivamente). Uno de mis proyectos actuales en el ICM es determinar la relevancia ecológica y variación genómica de estos grupos de microdiversidad en determinadas poblaciones bacterianas e indagar sobre los mecanismos por los cuales se que generan. ¡La emoción esta servida!

**Bibliografía**

Acinas SG, Marcelino LA, Klepac-Ceraj V and Polz MF. 2004a. Divergence and Redundancy of 16S rRNA Sequences in Genomes with Multiple *rrn* Operons. *J Bact* 186:2629-2635.

Acinas SG, Klepac-Ceraj V, Hunt DE, Pharino C, Ceraj I, Distel DL and Polz MF. 2004b. Fine Scale Phylogenetic Architecture of a Complex Bacterial Community. *Nature* 430:551-554.

Acinas SG, Sarma-Rupavtarm R, Klepac-Ceraj V and Polz MF. 2005. PCR-induced sequence error and bias: insights from comparison of two 16S rRNA clone libraries constructed from the same sample. *Appl Environ Microbiol* 71: 8966- 8969.

Béjà O, Spudich EN, Spudich JL, Leclerc M, DeLong EF. 2001. Proteorhodopsin phototrophy in the ocean. *Nature* 411: 786-9.

DeLong EF, Preston CM, Mincer T, Rich V, Hallam SJ, Frigaard NU, Martinez A, Sullivan MB, Edwards R, Brito BR, Chisholm SW, Karl DM. 2006. Community genomics among stratified microbial assemblages in the ocean’s interior. *Science* 311: 496-503.

Huber JA, Welch DB, Morrison HG, Huse SM, Neal PR, Butterfield DA, Sogin ML. 2007. Microbial population structures in the deep marine biosphere. *Science* 318: 97-100.

Klepac-Ceraj V, Bahr M, Crump BC, Teske AP, Hobbie JE, Polz MF. 2004. High overall diversity and dominance of microdiverse relationships in salt marsh sulphate-reducing bacteria. *Environ Microbiol* 6: 686-98.

Pommier T, Canbäck B, Riemann L, Boström KH, Simu K, Lundberg P, Tunlid A, Hagström A. 2007. Global patterns of diversity and community structure in marine bacterioplankton. *Mol Ecol* 16:867-80.

Rusch DB, Halpern AL, ... and Venter JC. 2007. The Sorcerer II Global Ocean Sampling expedition: northwest Atlantic through eastern tropical Pacific. *PLoS Biol* 5(3):e83.

Sogin ML, Morrison HG, Huber JA, Welch DM, Huse SM, Neal PR, Arrieta JM, Herndl GJ. 2006. Microbial diversity in the deep sea and the underexplored “rare biosphere”. *Proc Natl Acad Sci U S A* (32):12115-20.

Thompson JR, Marcelino LA, Polz MF. 2002. Heteroduplexes in mixed-template amplifications: formation, consequence and elimination by ‘reconditioning PCR’. *Nucleic Acids Res* 30:2083-8.

Venter JC, Remington K, ... and Smith HO. 2004. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science* 304:58-60.

## Tesis Doctorales

### Caracterización de mutantes atenuados de *Lactococcus garvieae* seleccionados mediante mutagénesis de marcaje (*Signature-tagged mutagenesis, STM*)

**Aurora Menéndez González**

Director: **José Agustín Guijarro Atienza**

Departamento de Biología Funcional. Facultad de Medicina. IUBA. Universidad de Oviedo.

La lactococosis, cuyo agente causal es la bacteria *Lactococcus garvieae*, es uno de los procesos infecciosos de mayor importancia en la producción intensiva de trucha. Se puede considerar una enfermedad emergente con gran repercusión económica. Sin embargo, los conocimientos acerca de este microorganismo y de sus mecanismos de patogenicidad son aún limitados.

El objetivo inicial del presente trabajo fue el desarrollo y optimización de un sistema para la manipulación genética de *L. garvieae*. Las técnicas genéticas establecidas permitieron abordar el segundo de los objetivos que fue la identificación, mediante la técnica conocida como mutagénesis de marcaje (*Signature tagged mutagenesis, STM*), de genes que estuviesen implicados en el proceso infeccioso de esta bacteria.

La primera fase del presente estudio fue el establecimiento de un protocolo de transformación de células de *L. garvieae* mediante electroporación. Las eficiencias de transformación obtenidas para diferentes cepas se situaron alrededor de  $10^5$  ufc/mg ADN. A continuación, se desarrolló un sistema de mutagénesis insercional utilizando los genes *sodA* y SAH910L, que codifican respectivamente la enzima superóxido dismutasa y una proteína con homología con la proteína M de *Streptococcus pyogenes*. Con posterioridad, se estableció un procedimiento de mutagénesis por transposición utilizando el elemento móvil Tn917 insertado en el plásmido pTV408. Para validarlo, se obtuvo un mutante incapaz de fermentar el manitol. Su estudio mostró que la transposición en *L. garvieae* tenía lugar aparentemente al azar.

Sentadas las bases para la manipulación genética de *L. garvieae*, se abordó el objetivo final del trabajo, la selección de genes implicados en la virulencia. Para ello, se utilizó la técnica de mutagénesis por marcaje (STM). Este método se basa en un sistema de infección experimental que permite, utilizando la bacteria y el hospedador de interés, seleccionar un conjunto de mutantes en

genes que son necesarios para el crecimiento y supervivencia en el hospedador, y que por tanto, presentan una virulencia atenuada en relación a la cepa parental. Para su aplicación en *L. garvieae* se utilizó nuevamente el plásmido pTV408 portador del transposón Tn917. En una primera etapa, se obtuvo mediante transposición una genoteca de mutantes específicamente marcados. En una segunda etapa, se seleccionaron aquellos mutantes de la genoteca que presentaban un crecimiento limitado en el pez. Se identificaron así un total de 29 mutantes de virulencia atenuada. El análisis de la región del cromosoma donde tuvo lugar la integración del transposón en estos mutantes, mostró la implicación en la patogenicidad de la bacteria de genes que codifican proteínas implicadas en regulación, en rutas metabólicas, en sistemas de transporte, y en diversos procesos celulares, además de otras de función desconocida. Como era de esperar, la capacidad de crecimiento *in vivo* de cada uno de los mutantes en relación con la cepa parental estaba muy disminuida, y por ello, todos se comportaron como atenuados.

En conclusión, en este trabajo se han sentado los fundamentos técnicos que permiten la manipulación genética de *L. garvieae*, y se ha llevado a cabo el primer acercamiento al estudio de sus mecanismos de patogenicidad específicos, mediante la identificación de algunos genes implicados en el desarrollo de la infección en peces.

### Estudio de la actividad antimicrobiana producida por cepas enológicas de *Lactobacillus plantarum*

**Beatriz Rojo Bezares**

Directores: **Carmen Torres Manrique** y **Fernanda Ruiz Larrea**

Área de Bioquímica y Biología Molecular. Departamento de Agricultura y Alimentación. Universidad de La Rioja.

En la microbiología enológica existe una gran diversidad de microorganismos (bacterias y levaduras) tanto beneficiosos como perjudiciales para los procesos fermentativos relacionados con la elaboración y conservación del vino. Las bacterias lácticas (BAL) de la especie *Lactobacillus plantarum* se encuentran ampliamente diseminadas, pudiendo colonizar diversos nichos ecológicos y se utilizan en multitud de fermentaciones industriales por la producción de ácido láctico. También son importantes por su capacidad de producción

de sustancias antimicrobianas de naturaleza peptídica llamadas bacteriocinas, activas frente a microorganismos de la misma especie o especies con estrecha relación taxonómica.

Uno de los objetivos de esta tesis fue el análisis del efecto de varios agentes antimicrobianos propios del vino como son el etanol, el metabisulfito y el pH ácido, frente a diversos géneros de bacterias y levaduras enológicas así como el posible uso de la nisina en el vino, ya que actualmente se usa como conservante alimentario. Como resultado se observó un efecto sinérgico de la nisina y el metabisulfito en la inhibición del crecimiento de las BAL enológicas, lo que indica que la combinación de ambos antimicrobianos puede constituir un nuevo método de conservación del vino que permitiría la utilización de menores concentraciones de metabisulfito que las empleadas actualmente. También se estudiaron algunos mecanismos de resistencia a antimicrobianos en cepas enológicas de BAL, detectándose por primera vez en BAL los genes de resistencia a los aminoglucósidos (*aac(6)-aph(2<sup>m</sup>)*, *ant(6)* y *aph(3<sup>l</sup>)-IIIa*) en cepas de *Lactobacillus*, *Pediococcus* y *O. oeni*. Así como los genes *ermB* y *tet(L)*, que confieren resistencia a eritromicina y tetraciclina respectivamente, en cepas de *Pediococcus*.

El estudio de la producción de sustancias antimicrobianas por cepas *L. plantarum*, ha concluido con la caracterización bioquímica y genética de la actividad antimicrobiana de la cepa enológica *L. plantarum* J23. La producción bacteriocina de J23 fue inducida por la presencia de ciertas cepas de BAL en el medio de cultivo. Por otro lado, esta bacteriocina se caracteriza por su naturaleza peptídica, su amplio espectro de actividad frente a cepas enológicas de BAL de las especies: *O. oeni*, *P. pentosaceus*, *P. acidilactici*, *L. plantarum*, *L. hilgardii* y *L. pentosus*; por ser activa en un amplio rango de pH, termoestable y resistente al tratamiento con disolventes orgánicos. Estas propiedades de la plantaricina J23 le confieren enormes posibilidades para ser utilizada como bioconservante alimentario.

Además se llevó a cabo la caracterización genética del locus *pln* de *L. plantarum* J23 y se estudió la expresión de genes incluidos en dicho locus que estaban relacionados con la producción de bacteriocinas. Este estudio reveló que el locus *pln* J23 contiene 20266 pb (número de acceso DQ323671) y está formado por 6 operones: *plnNC8IF-plnNC8HK-plnD*, *plnJLR*, *plnMNOP*, *plnEFI*, *plnGHSTUVWXY* y un nuevo operón formado por *orfZ1*, *orfZ2* y *orfZ3*. Multitud de cambios aminoácidos se localizaron en la secuencia del locus *pln* J23 cuando se comparó con otras secuencia del

locus *pln* de *L. plantarum* previamente publicadas. El locus *pln* de la cepa J23 es un híbrido de los loci *pln* de las cepas previamente descritas C11 y NC8, presentando diferencias importantes en el módulo de la regulación. El estudio de expresión reveló que los genes del operón regulador se expresaban de manera constitutiva tanto en condiciones normales como en condiciones de inducción, y por otro lado genes de los operones relacionados con la producción de bacteriocinas se sobreexpresan en la cepa J23 en presencia de un extracto inductor.

Como resultados de esta tesis se han publicado los siguientes artículos:

- Rojo-Bezares B., Y. Sáenz, P. Poeta, M. Zarazaga, F. Ruiz-Larrea, C. Torres. 2006. Assessment of antibiotic susceptibility within lactic acid bacteria strains isolated from wine. *Int J Food Microbiol* 11: 234-240.
- Rojo-Bezares B., Y. Sáenz, M. Zarazaga, F. Ruiz-Larrea, C. Torres. 2007. Antimicrobial activity of nisin against *Oenococcus oeni* and other wine bacteria. *Int J Food Microbiol* 116: 32-36.
- Rojo-Bezares B., Y. Sáenz, L. Navarro, M. Zarazaga, F. Ruiz-Larrea, C. Torres. 2007. Coculture-inducible bacteriocin activity of *Lactobacillus plantarum* strain J23 isolated from grape must. *Food Microbiol* 24: 482-491.
- Rojo-Bezares B., Y. Sáenz, L. Navarro, R. Jiménez-Díaz, M. Zarazaga, F. Ruiz-Larrea, C. Torres. Characterization of a new organization of the plantaricin locus in the inducible bacteriocin-producing *Lactobacillus plantarum* J23 of grape must origin. *Arch. Microbiol.* enviado.

---

## **Análisis funcional de la proteína SigD de *Salmonella* e identificación de nuevos factores de virulencia en un sistema modelo de levadura**

**Ainel Alemán Pérez**

Directores: **María Molina Martín** y **Rafael Rotger Anglada**

Departamento de Microbiología II, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid.

**E**n los últimos años, el estudio de la virulencia de un buen número de bacterias patógenas ha puesto de manifiesto una estrategia de infección común basada en el aprovechamiento de las rutas de transducción de señales de la propia célula hospedadora. En el caso concreto de *Salmonella*, cuando las células bacterianas entran en contacto con las células del epitelio intestinal dirigen la translocación de una serie de proteínas a la célula

hospedadora mediante un sistema de secreción especializado, el sistema SIP-1 (SST-III). Esto provoca, en primer lugar, la reorganización localizada de actina que promueve la formación de filopodios (ruffling) y la internalización de la bacteria en la vacuola fagocitaria., mediante la acción de proteínas de unión a actina (SipA) y proteínas reguladoras de Cdc42 y Rac1: SopE que es una GEF (moduladora positiva) y SigD, que es una inositol fosfatasa.

En este trabajo nos hemos centrado en la caracterización funcional de este último. La sobreexpresión de SigD fusionada a GFP fue tóxica para las células de mamíferos, alterando el citoesqueleto de actina pero sin causar apoptosis, ni alteración del ciclo celular. El estudio de varias versiones mutagenizadas de este efector bacteriano, permitió el hallazgo de un dominio de baja complejidad existente entre los residuos del 118 al 142 de la región aminoterminal no catalítica de SigD, responsable de este efecto de toxicidad y alteración de las fibras de actina. Es la primera evidencia descrita del carácter bifuncional de SigD. Un estudio detallado trabajando con varios de estos alelos de SigD arrojó que la formación de ruffles y la vacuolización inducida por SigD en células HeLa es dependiente de su actividad fosfatasa, así como que la expresión de este efector provoca la asociación de la GTPasa Rac1 a la membrana plasmática de células HeLa y por tanto su activación. Se ha observado además, a partir de estudios de inmunofluorescencia con anticuerpos específicos que SigD colocaliza con estructuras del tráfico endocítico, principalmente con endosomas tardíos, siendo para ello importante la presencia del dominio baja complejidad de la región amino-terminal. Al trabajar con mutantes de *Salmonella* en esta proteína de virulencia se observó que la expresión de SigD provoca la fosforilación de las MAPKs ERK1/2 y está implicada en la secreción de interleuquina 8 durante la infección por *Salmonella* de células epiteliales en cultivo. Otro de los objetivos de este trabajo de tesis fue caracterizar la influencia de SigD en el metabolismo de fosfoinosítidos en la célula hospedadora. A partir de estudios de infección con cepas de *Salmonella* silvestre y deficientes en SigD pudimos observar que La desaparición de PI(4,5)P<sub>2</sub> y la acumulación de PI(3,4,5)P<sub>3</sub> y PI(3,4)P<sub>2</sub> en los ruffles inducidos en células HeLa por el contacto con *Salmonella* es dependiente de SigD e insensible a inhibidores farmacológicos de fosfatidil inositol 3-quinasa (PI3K), lo que indica que PI(4,5)P<sub>2</sub> es un sustrato de SigD *in vivo*. Además, La formación de PI(3)P en las SCV es también dependiente de SigD y a su vez sensible a inhibidores farmacológicos de las PI3K. Hasta

ahora se había establecido que la formación de este último fosfoinosítido era el resultado de la desfosfatización de PI(3,4,5)P<sub>3</sub> por SigD. No obstante, en nuestras condiciones, la eliminación de PI(3,4,5)P<sub>3</sub> mediante la expresión de la fosfatasa PTEN en células infectadas con *Salmonella* no impide la formación de PI(3)P en las SCV, lo que constituye una evidencia de que la desfosforilación de PI(3,4,5)P<sub>3</sub> no es la vía utilizada por SigD para la generación de PI(3)P. Un descubrimiento interesante fue observar que el reclutamiento de la GTPasa humana Rab5 en las SCV (*Salmonella-Containing Vacuoles*) es también dependiente de esta fosfatasa bacteriana (SigD). La experiencia en nuestro grupo de investigación trabajando con el modelo celular de la levadura nos permitió además descubrir potenciales factores de virulencia bacterianos de *Salmonella* a partir de la sobreexpresión de una genoteca de *S. typhi* y *S. typhimurium*. Entre ellos, el efector de función desconocida SteC, y el factor de virulencia conocido de *Salmonella*, SseF de *S. typhimurium*, que inhiben el crecimiento de las células de levadura.

### **Biodeterioro fúngico bacteriano de resinas terpénicas utilizadas en pintura y otras artes plásticas**

**Julio Romero Noguera**

Directores: **Fernando Bolívar Galiano, María Antonia Fernández Vivas e Inés Martín Sánchez.**

Departamento de Pintura, Facultad de Bellas Artes, Universidad de Granada.

Las resinas terpénicas son productos de origen natural que por sus propiedades ópticas y su capacidad adhesiva y filmógena cumplen una importante función técnica, protectora y estética como componentes de medio aglutinantes y capa final de acabado y conservación en obras de arte pictóricas y escultóricas.

Difieren notablemente en cuanto a su procedencia y composición, si bien todas son mezclas orgánicas de sustancias originadas a partir del isopreno, estableciéndose dos grupos principales, diterpenos y triterpenos, que constan de cuatro y seis unidades de isopreno, respectivamente.

Los procesos de envejecimiento de estas sustancias constituyen uno de los mayores problemas para la conservación de obras de arte. Las resinas cambian su composición y propiedades con el tiempo, materializándose dichas transformaciones en fenómenos como el amarilleo, patrones de craquelado y microfractura (los pasmos del barniz), aumento de la fragilidad y cambios en la solubilidad,

por lo que en la mayoría de casos se hace necesaria su eliminación total o parcial. Dado su dificultad y carácter irreversible, las operaciones de limpieza están consideradas como etapas críticas en el proceso de restauración de la obra de arte, a las que se llega por su insuficiente conocimiento de los complejos procesos degradativos que afectan a estos materiales y de los procedimientos para evitarlos.

Esta tesis doctoral se centra en el estudio del desarrollo de microorganismos sobre los barnices terpénicos naturales de mayor uso artístico y en las alteraciones químicas que son capaces de producir. Para ello se han seleccionado seis resinas: colofonia y trementina veneciana (diterpénicas predominantemente abietánicas), sandárica y copal de Manila (diterpénicas predominantemente labdánicas) y dammar y almáciga (triterpénicas) y sobre estos materiales se ha inoculado diversos hongos y bacterias procedentes de colección y de obra real, frecuentemente citados como agentes de biodeterioro en materiales artísticos, de cara a evaluar su grado de proliferación y capacidad de alteración química. Las técnicas de análisis empleadas han sido microscopía, cromatografía de gases-espectrometría de masas, espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier y pirólisis-cromatografía de gases-espectrometría de masas.

Por último, se ha incluido un estudio del empleo de biocidas de amplio uso en restauración de bienes culturales (cloruro de benzalconio, nftenato de tributil estaño y ortofenilfenol) para evitar estos fenómenos, y sus posibles interacciones con los barnices.

### **Procesos de biodeterioro en pinturas sobre lienzo del Museo de Bellas Artes de Granada: Examen visual y gráfico**

**Fernando Poyatos Jiménez**

Directores: **Fernando Bolívar Galiano, Inés Martín Sánchez, María Antonia Fernández Vivas.**

Departamento de Pintura. Facultad de Bellas Artes. Universidad de Granada.

**E**l biodeterioro de obras pictóricas es un fenómeno complejo, todavía bastante desconocido. Indagar en los agentes de deterioro y en las principales causas que lo provocan requiere de nuevos estudios que se encaminen en este sentido con el fin de identificar que alteraciones se producen y que tratamientos se necesitan.

El interés de este tema contrasta con la escasez de bibliografía, en especial aquella que se refiere en exclusiva al biodeterioro de materiales artísticos

tradicionales en pintura sobre lienzo, ya que la mayoría de los trabajos consultados se refieren a sustancias inorgánicas y a obras de arte contemporáneas, dejando casi sin explorar sustancias orgánicas usadas tradicionalmente en obras pictóricas más antiguas. De ahí la necesidad de establecer nuevas metodologías analíticas dedicadas al control de los procesos de biodeterioro y de las causas específicas que los provocan.

Más recientemente, se ha suscitado mayor interés sobre este tema, apareciendo trabajos que explican los procesos de biodeterioro de materiales artísticos tradicionales, y que distinguen las alteraciones que tienen lugar en los diferentes estratos de una obra pictórica y en los distintos materiales orgánicos que la componen.

Son pocos los estudios que se dedican de forma directa a analizar las especies de microorganismos, los materiales que deterioran y el tipo de daño que provocan. Por otro lado, son interesantes los trabajos que se han dedicado al empleo de determinados métodos analíticos de estudio e identificación del efecto ejercido por estos agentes de deterioro (SEM, cromatografía, electroforesis, pirólisis).

Hay que resaltar también la importancia de los trabajos que exponen las condiciones ambientales como elemento imprescindible para que tengan lugar los procesos de biodeterioro.

Aunque se alejen de nuestro campo son diversos y muy numerosos los estudios sobre deterioro microbiológico en pinturas murales. Estos trabajos pueden proporcionarnos algunas pistas para su aplicación en obras de arte constituidas principalmente por materiales orgánicos y para acercar metodologías analíticas al estudio de estas obras.

Esta revisión aporta datos sobre trabajos dedicados al análisis de las causas de biodeterioro que afectan a obras de arte pictóricas y de manera explícita a los soportes textiles –que suministran el mayor porcentaje de materia orgánica a una pintura-, a las sustancias naturales empleadas como aglutinantes (resinas, aceites, emulsiones y colas), así como a los agentes que afectan a los materiales filmógenos que cumplen una función estética y de protección (barnices).

### **Producción de $\beta$ -glucano por *Pediococcus parvulus* 2.6: vías metabólicas, optimización de su síntesis y caracterización reológica del glucano.**

**Susana Eugenia Velasco Arbide**

Directores: **Ana Jesús Irastorza Iribas y María Teresa Dueñas Chasco**

Departamento de Química Aplicada, Facultad de Ciencias Químicas de San Sebastián

Las bacterias lácticas han sido y son utilizadas para la formación de productos alimenticios, y a su vez para mejorar la preservación de los mismos. La aparición de los alimentos funcionales ha hecho resurgir enormemente el interés por el desarrollo de alimentos beneficiosos para la salud. *Pediococcus parvulus* 2.6 sintetiza un exopolisacárido (EPS) cuya estructura es (1→3)-β-D-glucano. Los β-D-glucanos han suscitado un mayor interés debido a su amplio rango en la aplicación industrial y particularmente por sus propiedades bioactivas y medicinales.

La producción de β-D-glucanos por bacterias lácticas es en general baja. Con el objeto de aumentar su producción, en esta tesis se han estudiado los diferentes factores que influyen

tanto negativa como positivamente en el crecimiento y en la producción de exopolisacárido por esta cepa. Para la comprensión de la formación de EPS y del crecimiento bacteriano se han estudiado las vías metabólicas de asimilación de azúcares y la vía de formación de EPS a partir de ciertos azúcares.

Los EPS en la industria están siendo utilizados como espesantes y gelificantes de productos alimentarios, gracias a que no aportan sabor ni olor al alimento. Un punto importante para el desarrollo de nuevos alimentos es el conocimiento de las propiedades reológicas del EPS, por ello se ha llevado a cabo la caracterización del β-glucano. Estas características e incluso sus aplicaciones médicas vienen determinadas por el peso molecular. Por ello, se ha determinado el peso molecular del β-glucano sintetizado por *P. parvulus* 2.6 en diferentes condiciones de cultivo.

## Novedades bibliográficas

### ANTIMICROBIANOS

- CHAMPNEY, W.S. (ED.) **New Antibiotic Targets (Methods in Molecular Medicine)**. Humana Press, 2007. 296 pp. 99 \$.
- OWENS, R.C., LAUTENBACH, E. (EDS.) **Antimicrobial Resistance: Problem Pathogens and Clinical Countermeasures (Infectious Disease and Therapy)**. Informa Healthcare, 2007. 472 pp. 230 \$.
- WAX, R.G., LEWIS, K., SALYERS, A., TABER, H. (EDS.) **Bacterial Resistance to Antimicrobials**, (2<sup>nd</sup> Ed.) CRC, 2007. 448 pp. 180 \$.

### INMUNOLOGÍA

- KINDT, T.J., GOLDSBY, R.A. AND OSBORNE, B.A. **Inmunología de Kuby**, (6<sup>a</sup> Ed.) Editorial McGraw Hill 2007. 600 pp. 60 euros.

### MICOLOGÍA

- GOLDMAN, G.H. AND OSMANI, S.A. (ED.). **The Aspergilli: Genomics, Medical Aspects, Biotechnology, and Research Methods (Mycology)**. CRC, 2007. 576 pp. 95 \$.

### MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

- COCOLIN, L. AND ERCOLINI, D. (EDS.) **Molecular Techniques in the Microbial Ecology of Fermented Foods (Food Microbiology and Food Safety)**. Springer, 2007. 306 pp. 139 \$.

### MICROBIOLOGÍA CLÍNICA

- ZARAGOZA CRESPO, R, GIMENO CARDONA, C, PEMÁN GARCÍA, J. AND SALAVER LLETI, M. **Microbiología aplicada al paciente crítico**, Editorial Médica Panamericana 2007. 265 pp. 30 euros.

### MICROBIOLOGÍA GENERAL: TRATADOS

- CORNELIS, P. (ED.) **Pseudomonas: Genomics and Molecular Biology**. Caister Academic Press, 2008. 275 pp. 300 \$.
- POLLACK, R.A. **Laboratory Exercises in Microbiology** (3<sup>rd</sup> Ed.) Wiley, 2007. 270 pp. 58 \$.

### MICROBIOLOGÍA DE PLANTAS

- PAWLOWSKI, K., NEWTON, W.E. (EDS.). **Nitrogen-fixing Actinorhizal Symbioses (Nitrogen Fixation: Origins, Applications, and Research Progress)**. Springer, 2007. 312 pp. 142 \$.

### MICROBIOLOGÍA DEL SUELO

- DION, P. AND SHEKHAR NAUTIYAL, C. (ED.). **Microbiology of Extreme Soils (Soil Biology)**. Springer, 2007. 366 pp. 199 \$.

### MICROBIOLOGÍA AMBIENTAL Y BIOREMEDIACIÓN

- DIAZ, E. (ED.) **Microbial Biodegradation: Genomics and Molecular Biology**. Caister Academic Press, 2008. 410 pp. 300 \$.
- MARGESIN, R., SCHINNER, F., MARX, J.C. AND GERDAY, C. (EDS.). **Psychrophiles: from Biodiversity to Biotechnology**. Springer, 2007. 470 pp. 269 \$.
- ROBB, F. ANTRANIKIAN, G., GROGAN, D. AND DRIESSEN, A. **Thermophiles: Biology and Technology at High Temperatures**. CRC, 2007. 368 Pp. 160 \$.
- SEVIOUR, R.J. **Microbiology of Activated Sludge**. IWA Publishing (Intl Water Assoc), 2007. 456 pp. 178 \$.

### VIROLOGÍA

- WAGNER, E.K., HEWLETT, M.J., BLOOM, D.C. AND CAMERINI, D. **Basic Virology** (33 Ed.) Wiley, 2007. 580 pp. 100 \$.

# Congresos y Reuniones

## Enero 2008

### 1-5 SEPTIEMBRE: **Third European Congress of Virology**

CCN CongressCenter Nürnberg, Germany.  
MCN Medizinische Congressorganisation  
Nürnberg AG  
eurovirology@mcnag.info  
www.eurovirology.org

## Marzo 2008

### 12 - 15 MARZO: **Clinical Virology Annual Meeting**

Saariselkä, Lapland, Finlandia  
Clinical Virology Winter Meeting  
escv2008@congrex.fi  
www.escv2008.fi

### 31 MARZO – 3 ABRIL: **Society for General Microbiology 162<sup>nd</sup> meeting**

Edinburgh, UK  
Mrs Josiane Dunn  
meetings@sgm.ac.uk  
www.sgm.ac.uk/meetings/MTGPAGES/Edinburgh2008.cfm

## Abril 2008

### 5 -8 ABRIL: **9<sup>th</sup> European Conference on Fungal Genetics (ECFG9)**

University of Edinburgh, Edinburgh, UK  
Prof. David B. Archer  
david.archer@nottingham.ac.uk  
www.ecfg.info/

### 8 - 11 ABRIL: **Genomes 2008 - Functional Genomics of Microorganisms**

IIS, Institut Pasteur, Paris, France  
Dr Carmen Buchrieser  
cbuch@pasteur.fr  
www.pasteur.fr/infosci/conf/sb/genomes\_2008/

### 19 - 22 APRIL: **18<sup>th</sup> European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ECCMID)**

Barcelona, Spain  
Congress Secretariat: 18<sup>th</sup> ECCMID 2008  
info@akm.ch  
www.akm.ch/eccmid2008/

## Mayo 2008

### 11 - 17 MAYO: **Molecular Basis of Bacterial Infection: Basic and Applied Research**

## Approaches

Wellcome Trust Genome Campus  
Hinxton, Cambridge, UK  
www.wellcome.ac.uk/advancedcourses

## Junio- Julio 2008

### 1 - 5 JUNIO: **108<sup>th</sup> General Meeting of the ASM**

Boston Convention and Exposition Center  
Boston, MA  
gm.asm.org

### 14 JUNIO - 31 JULIO: **Microbial Diversity Course**

Marine Biological Laboratory  
Woods Hole, Massachusetts, USA  
www.mbl.edu/education/courses/summer/course\_micro\_div.html

## Agosto 2008

### 5 - 9 AGOSTO: **IUMS Congress: 12<sup>th</sup> International Congress of Bacteriology and Applied Microbiology & 12<sup>th</sup> International Congress of Mycology**

10 - 15 AGOSTO: **IUMS Congress: 14<sup>th</sup> International Congress of Virology**  
Istanbul Convention and Exhibition Center (ICEC), Istanbul, Turkey  
rof. Dr Özdem Ang  
ozdem.ang@superonline.com  
iums2008@topkon.com  
www.iums2008.org

### 31 AGOSTO - 4 SEPTIEMBRE: **9<sup>th</sup> Symposium on Lactic Acid Bacteria - Health, Evolution and Systems Biology**

Hotel Zuiderduin, Egmond aan Zee, Netherlands  
Dr Elaine E. Vaughan  
Research & Development, Unilever  
Olivier van Noortlaan 120,  
Vlaardingen  
3133 AT Netherlands  
Tel: +31-10-460 5491  
elaine.vaughan@unilever.com

## Noviembre 2008

### 13-14 NOVIEMBRE: **VI Reunión del Grupo de Microbiología Industrial y Biotecnología Microbiana de la SEM (CMIBM2008)**

Barcelona  
URL: www.ub.edu/CMIBM2008

## Cursos

### X Curso de Doctorado y Postgrado sobre "Biodeterioro de materiales"

**Duración:** 30 horas (3 créditos), los viernes por la tarde, del 21 de Febrero al 9 de Mayo de 2008.

**Objetivos del curso:** Proporcionar una formación amplia y detallada sobre los procesos de biodeterioro que sufren los materiales en diferentes ambientes. Para ello los contenidos teóricos se tratan en profundidad y la formación práctica se adquiere con la presentación de múltiples casos prácticos.

**Programa:**

- o Antecedentes históricos. Importancia económica.
- o Materiales susceptibles de sufrir biodeterioro.
- o Microorganismos involucrados.
- o Biopelículas, bioensuciamiento y biodeterioro.
- o Corrosión microbiana de aceros al carbono e inoxidables.
- o Corrosión microbiana del aluminio y sus aleaciones.
- o Corrosión microbiana del cobre y sus aleaciones.
- o Bioensuciamiento y corrosión microbiana del titanio.
- o Biodeterioro de materiales no metálicos.
- o Biodeterioro de obras de arte.
- o Ensayos de biodeterioro en laboratorio e *in situ*.

- o Técnicas de análisis del biodeterioro.
- o Prevención, control y monitorización.

**Lugar de celebración:** Aula C. Escuela Técnica Superior de Ingenieros Industriales (UPM), Madrid.

**Titulación requerida:** Título Universitario.

**Número de Plazas:** 20.

**Inscripciones e información:** Diego A. Moreno, Dep. de Ingeniería y Ciencia de los Materiales. ETS Ingenieros Industriales. José Gutiérrez Abascal, 2, 28006 MADRID. Tel: 91 336 31 64. E-mail: diego.moreno@upm.es

**Precio de inscripción:** 600 EUROS. Gratuito para los Miembros del Grupo Especializado de Biodeterioro y Biodegradación de la SEM. Existen becas de hasta el 90%.

**Período de inscripción y de matriculación:** del 2 de Enero de 2007 al 21 de Febrero de 2007.

**Entidades patrocinadoras y colaboradoras:** THOR ESPECIALIDADES S.A., IBERDROLA, S.A., Grupo de Biodeterioro y Biodegradación de la Sociedad Española de Microbiología (SEM) y Sociedad Española de Materiales (SEMAT).

### VI Workshop sobre métodos rápidos y automatización en Microbiología Alimentaria

**Directores:** Marta Capellas Puig ([marta.capellas@uab.cat](mailto:marta.capellas@uab.cat)) y Josep Yuste Puigvert ([josep.yuste@uab.cat](mailto:josep.yuste@uab.cat)).

**Fecha:** 20 a 23 de noviembre de 2007.

**Lugar:** *Facultat de Veterinària* de la *Universitat Autònoma de Barcelona* (Bellaterra, Cerdanyola del Vallès).

**Ponentes y ponencias, y otras actividades:**

- Ponente principal: **Profesor Dr. Daniel Y. C. Fung** (*Kansas State University*, Manhattan, Kansas, EUA): Toma y preparación de muestras de alimentos sólidos y líquidos; superficies; y aire. Miniaturización. Galerías de identificación. Métodos para contar las células viables: membrana hidrofóbica, siembra en espiral, citometría de flujo, técnica de filtración por epifluorescencia directa (DEFT). Métodos para contar las células viables, basados en impedancia, conductancia y capacitancia eléctricas; bioluminiscencia (análisis de ATP); y colorimetría. Métodos inmunológicos para identificar microorganismos y sus toxinas: separación inmunomagnética; ELISA y ELFA; inmunodifusión lateral; inmunoprecipitación; aglutinación

del látex. Métodos genéticos para identificar microorganismos: hibridación; reacción en cadena de la polimerasa (PCR); caracterización por ADN (*fingerprinting*, *riboprinting*); biosensores, biochips y microchips; proteómica.

- Ponencia inaugural: **Dra. Cécile Lahellec** [*Agence Française de Sécurité Sanitaire des Aliments (AFSSA)*, Alfort, Francia]: "Influencia de los métodos microbiológicos rápidos sobre la seguridad alimentaria en la Unión Europea".
- **Dr. Armand Sánchez** (*Universitat Autònoma de Barcelona*, Bellaterra, Cerdanyola del Vallès): "La *polymerase chain reaction* (PCR)".
- **Dr. Daniel Ramón** [Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), CSIC, Burjassot]: "Transgénicos, nutrigenética y nutrigenómica en alimentación".
- **Sra. Montse Vila** [Central de Cocinados CATAR, S. A., Mollet del Vallès]: "Aplicación de la microbiología predictiva en la industria alimentaria".
- **Dra. Rosa M. Pintó** [Universitat de Barcelona, Barcelona]: "Detección de virus en alimentos: perspectivas y limitaciones".
- **Dr. Ferran Ribas** [Societat General d'Aigües de Barcelona (AGBAR), Barcelona]: "Ejercicios de equivalencia entre métodos de análisis microbiológico: el



- ejemplo del ejercicio español de bacterias coliformes y *Escherichia coli*®.
- Mesa redonda (con el Dr. Fung, otros ponentes, y profesionales de empresas de microbiología) sobre instrumentación en microbiología de los alimentos, tendencias del mercado mundial, y otros temas de actualidad del sector; moderada por el **Dr. José Juan Rodríguez** (Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra-Cerdanyola del Vallès).
  - Sesiones prácticas (22 y 23 de noviembre). Impartidas por los Dres. M<sup>a</sup> Manuela Hernández Herrero y Artur Xavier Roig Sagués. Ensayo en el laboratorio de: Placas de contacto Mediasure. Muestreadores ambientales: Sampl'air, MicroBio. Cepas microbianas liofilizadas de referencia. Criobolas. Homogeneizadores: Pulsifier, Smasher. Dilumat y Dilubag. Dilucup/Dilushaker. Medios de cultivo cromogénicos y fluorogénicos: ASAP, SMS, ALOA, ODA, ESIA, Baird-Parker RPF, SM ID 2, COLI ID, O157:H7 ID, OAA, Count-Tact, OCLA, medio *E. sakazakii*, RAPID<sup>®</sup> *E. coli* 2, RAPID<sup>®</sup> L. mono, COMPASS L. mono, BD BBL CHROMagar Salmonella, BD BBL CHROMagar Listeria, BD BBL CHROMagar Staph aureus, BD BBL CHROMagar O157. Sembrador rotativo. Contador de colonias. Sembrador en espiral. Petrifilm (placas y lector). NEO-GRID. SimPlate. Galerías de identificación y lectores: API, BD BBL Enterotube II, BD sistema BBL Crystal ID, RapID, O·B·I·S<sup>®</sup>, Microbact, Microgen ID. ATP-Bioluminiscencia: luminómetro systemSURE II (control de superficies y aguas de aclarado). Colorimetría: CLEAN TEST, PRO-Clean, SpotCheck (detección de residuos de glucosa, lactosa, proteínas). Inmunología: separación inmunomagnética, ELISA (patógenos y micotoxinas), Veratox histamina, Microscreen (aglutinación del látex), Reveal, VIP, 1-2 Test.
  - Empresas de microbiología: presentaciones multimedia, y exhibiciones de equipos y productos. Autopreparador, y autómatas de distribución y almacenamiento de medios de cultivo. Petrifilm. Central de

vigilancia LABGUARD. Citometría de flujo: BactiFlow. TEMPO (NMP miniaturizado y automatizado). Sistema de identificación BiOLOG. ATP-Bioluminiscencia: luminómetros ST12 y Promilite III (tests para productos lácteos, zumos de frutas, vinos y productos a base de soja), Luminomat, Uni-Lite, AccuPoint, LIGHTNING MVP. Colorimetría: Soleris. Inmunología: Dynabeads (separación inmunomagnética), VIDAS, TECRA UNIQUE PLUS, detección de alérgenos. PCR en tiempo real (Taqman/RapidFinder, Warnex, Assurance GDS).

- Visita a empresa de biología molecular, para aplicaciones de la PCR en tiempo real.

**Precios:** Sesiones prácticas (22 y 23 de noviembre): 40 €, para todos los colectivos. Resto del *workshop* (20 a 22 de noviembre): 220 € (o 110 €/día); estudiantes UAB: 12 €; personal UAB: 32 €; estudiantes no UAB: 120 € (o 60 €/día); socios ACCA: 180 €; suscriptores revistas "Alimentaria", "Alimentación, Equipos y Tecnología" o "Técnicas de Laboratorio": 200 €.

**Más información** (horarios, perfiles de los ponentes, etc.): <http://quiro.uab.es/workshopMRAMA>.

**Breve perfil del Dr. D. Y. C. Fung** ([dfung@ksu.edu](mailto:dfung@ksu.edu)):

Catedrático del *Department of Animal sciences and industry* de la *Kansas State University* (Manhattan, Kansas, EUA). Su especialidad es la microbiología de los alimentos y, dentro de este campo, es un científico de prestigio internacional en el ámbito de los métodos rápidos y miniaturizados y la automatización. Director del del *Workshop* internacional anual sobre Métodos rápidos y automatización en microbiología, celebrado anualmente en Manhattan, KS y que ha cumplido su 27<sup>a</sup> edición. Ganador del Premio Internacional del *Institute of Food Technologists* (IFT) en 1997 por la organización de esta serie única de *workshops* internacionales, y el Premio Carl R. Fellers del IFT en 2006 por su excepcional trayectoria en Ciencia y tecnología de los alimentos. Editor de *Journal of Rapid Methods and Automation in Microbiology*.

VISITE LA PÁGINA WEB DE LA SEM: [www.semicro.es](http://www.semicro.es)

Encontrará información actualizada sobre congresos, reuniones, cursos y becas.

## Menudos bichos

### Reciente aprobación del decreto de ordenación de estudios universitarios.

Entre las materias básicas a impartir dentro de los diferentes grados, que vienen a sustituir a las actuales licenciaturas e ingenierías, no se encuentra la Microbiología, a diferencia de los primeros borradores que se manejaron (BOE 30 de Octubre de 2007).



### La Comunidad de Madrid abre la posibilidad de la contratación de microbiólogos en los nuevos hospitales

De acuerdo con diversas fuentes, la Comunidad de Madrid contará con especialistas en microbiología y parasitología clínica en los nuevos hospitales, no contemplados inicialmente. Sin embargo, todavía no quedan claras cuáles serán sus competencias y de qué manera se incorporarán a las plantillas de éstos.

### RepA junto con fragmentos pequeños de DNA provoca la aparición de fibrillas amiloides

La interacción de la proteína RepA del plásmido pPFS10 de *Pseudomonas* con fragmentos pequeños de DNA provoca la aparición de fibrillas amiloides en las que no se encuentra el DNA. Estas fibrillas se comportan de una forma similar a las que se encuentran en la enfermedad de Alzheimer (PNAS 2007. 104 (44): 17388-93).



## XII Curso de Iniciación a la Investigación en Microbiología

**E**ste curso, que organiza anualmente la Sociedad Española de Microbiología, va dirigido a los estudiantes de Ingeniería y Licenciaturas que están en los dos últimos años de carrera, con objeto de estimular en ellos el interés por la investigación en Microbiología. Los profesores invitados impartirán las conferencias propuestas y convivirán con los estudiantes seleccionados, discutiendo con ellos las investigaciones que están desarrollando.

**El curso se desarrollará del  
7 al 11 de julio de 2008 (ambos inclusive).**

**La fecha límite para recepción de solicitudes será el 15 de marzo de 2008.  
Las solicitudes deberán ir acompañadas de un curriculum vitae y una  
carta de presentación de un Profesor de Microbiología.**

### **Organizadores:**

**Dra. Emilia Quesada Arroquia**  
(Catedrática de Microbiología) y  
**Dra. Victoria Béjar Luque**  
(Profesora Titular de Universidad)

### **Dirección de Contacto:**

Departamento de Microbiología  
Facultad de Farmacia  
Universidad de Granada  
Campus Universitario de Cartuja.  
18071 Granada.  
Tel: 958243871  
Fax: 958249967  
equesada@ugr.es

**Patrocinadores:** Junta de Andalucía,  
Patronato de la Alhambra,  
Universidad de Granada.

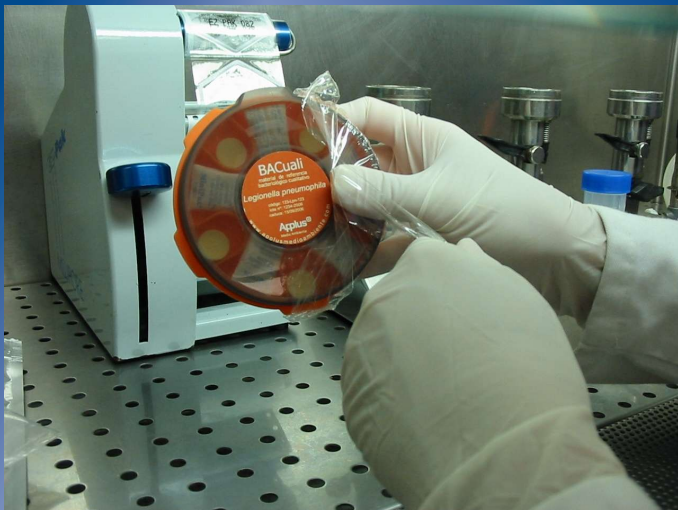
El alojamiento y las conferencias tendrán lugar en el **Carmen de la Victoria (Granada)**. Los estudiantes seleccionados recibirán una beca que cubre los gastos de alojamiento y manutención, en régimen de pensión completa.

# A QUÉ ESPERAS PARA ENTRAR EN EL SIGLO XXI

entra de lleno en el XXI  
con el **material de  
referencia bacteriológico**

## BACuali

fácil de usar, rápido,  
seguro, trazable,  
cualitativo.



y si lo que buscas es  
precisión y medida,  
estrénate con

## BACuanti

el **material de  
referencia bacteriológico  
cuantitativo y certificado**  
(también PCR y DNA).

CONTACTA CON NOSOTROS

LABAQUA, S.A.  
Pol. Ind. Las Atalayas  
C/ Dracma 16-18  
03114 Alicante (España)

Tfno. +34 965 10 60 70  
Fax +34 965 10 60 80  
info@labaqua.com  
www.labaqua.com