

XV MMA

XV Reunión Científica del Grupo de Microbiología del Medio Acuático de la Sociedad Española de Microbiología

Madrid, 10, 11 y 12 de junio de 2026



ÍNDICE

-Mensaje de Bienvenida	3
-El XV MMA en Cifras	4
-Sede	5
-Organizadores	6
-Comité Científico	7
-Voluntarios	8
-Moderadores	9
-Agradecimientos	10
-Patrocinadores	11
-Resúmenes	12 - 88
-Programa (horario)	89 - 95
-Ponentes	96 - 99

MENSAJE DE BIENVENIDA

Queremos daros una cálida bienvenida a la XV reunión científica del grupo especializado de Microbiología del Medio Acuático (MMA) de la Sociedad Española de Microbiología (SEM), que se celebrará en Madrid este junio de 2026. Esta edición se celebra en el Museo Nacional de Ciencias Naturales, un centro del CSIC con una trayectoria centenaria en el estudio de la biodiversidad, incluyendo el mundo microbiológico y el medio acuático.

Esta reunión contará con la participación de casi 100 personas dedicadas a la investigación microbiológica de diferentes ámbitos de los ecosistemas acuáticos, desde ambientes marinos hasta aguas continentales, abordando aspectos fundamentales de la ecología microbiana, la biodiversidad, los ciclos biogeoquímicos, las interacciones microorganismo-ambiente, las interacciones microbianas con otros organismos, las aplicaciones biotecnológicas, y el impacto del cambio global sobre los sistemas acuáticos.

Asimismo, la reunión pretende servir como punto de encuentro para fortalecer sinergias entre grupos de investigación consolidados y jóvenes investigadores, promoviendo un ambiente dinámico y participativo, y contribuyendo a consolidar la comunidad dedicada a la microbiología acuática dentro de la SEM.

Aunque Madrid no tiene playa, y su río, el Manzanares, no es de lejos uno de los grandes, la gente local dice que no hay agua que sepa igual. Por eso, os invitamos a que os zambulláis en su ambiente abierto y su gran oferta cultural, gastronómica y de ocio para que podáis fluir a lo largo de esta reunión.

Os animamos a consultar toda la información actualizada sobre el evento en la [web oficial de la reunión](#).

Rafael Laso y Mireia Mestre
*Comité Organizador XV Reunión Científica del
Grupo de Microbiología del Medio Acuático de la SEM*

LA SEDE

El Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN), fundado en 1771, es una de las instituciones científicas más antiguas y relevantes de España. Desde hace décadas combina su actividad como centro de investigación de referencia en ciencias naturales con una intensa labor de divulgación, transferencia y asesoramiento a administraciones públicas. Además, alberga una de las colecciones de historia natural más importantes de Europa, con más de 10 millones de especímenes, esenciales para estudiar los cambios en la biodiversidad a lo largo del tiempo.

Ubicado en Madrid, el MNCN reúne un entorno científico multidisciplinar formado por cerca de 100 investigadores sénior y más de 150 investigadores jóvenes, técnicos y personal de apoyo. Su estructura incluye seis departamentos científicos, 14 grupos de investigación y 23 servicios y laboratorios especializados. Sus líneas de investigación abarcan áreas como microbiología, biogeoquímica, ecología, evolución, geología, paleobiología, conservación y cambio global.



ORGANIZADORES



Rafael Laso-Pérez (MNCN-CSIC)



Mireia Mestre (MNCN-CSIC)

COMITÉ CIENTÍFICO



María Alicia Carolina Estévez Toranzo (USC)



Maria Vila Costa (IDAEA-CSIC)



Sandra Martínez García (UVigo)



Isabel Ferrera (IEO-CSIC)



Josefa Antón (UA)



Carles Borrego (ICRA)



Carles Pedrós-Alió (CNB-CSIC)

VOLUNTARIOS



Alicia Prior (MNCN-CSIC)



Alejandro Rodríguez-Gijón (MNCN-CSIC)



Marc Gost (MNCN-CSIC)



Víctor López Maroto (MNCN-CSIC)



Sergio Poyatos (MNCN-CSIC)

MODERADORES SESIONES

- Alejandro Rodríguez Gijón** (MNCN-CSIC)
- Ana Riesgo** (MNCN-CSIC)
- Beatriz Díez** (Universidad Mayor)
- Cristian Villena** (IGB)
- Elisabet Alacid Fernández** (CEAB-CSIC)
- Elisenda Ballesté** (UB)
- Laura Gómez** (IMEDEA-CSIC)
- Manuel Luis Lemos Ramos** (USC)
- Merit del Rocío** (Canal de Isabel II)
- Pablo Sánchez Fernández** (ICM-CSIC)
- Rafael Laso Pérez** (MNCN-CSIC)
- Rafael María Bargiela** (Instituto de Catálisis y Petroquímica)
- Silvia Acinas** (ICM-CSIC)

AGRADECIMIENTOS

El Comité Organizador (Rafa y Mireia) quiere agradecer:

- a todos los asistentes, por su interés en esta XV edición de la reunión,
- a todos los ponentes, por venir al MNCN y compartir sus trabajos,
- al Comité Científico, por su rigurosidad y tiempo invertido,
- al equipo de moderadores, por guiar las charlas y discusiones,
- al equipo de voluntarios, por hacer que este congreso sea más dinámico, alegre y juvenil
- a la Dirección del MNCN (Rafael Zardoya) y la Vicedirección de Investigación (Judith Morales), por su apoyo y confianza
- a todos los compañeros del MNCN que nos han apoyado en el proceso de múltiples maneras, incluyendo personal de comunicación, mantenimiento y vigilancia.

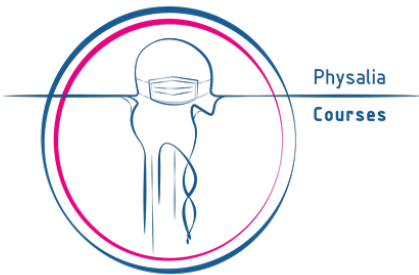
El Comité Organizador quiere agradecer también a las entidades que nos aportaron espacios, materiales y financiación:

- a la Sociedad Española de Microbiología, en especial a Manuel Luis Lemos Ramos y María Alicia Carolina Estévez Toranzo del Grupo de Microbiología del Medio Acuático
- al MNCN
- al CSIC Central
- a la Red CSIC Conexión Microbiología
- a la Red CSIC Conexión Resistencia Antimicrobianos
- a la empresa Transmitting Science
- a la empresa Physalia
- a la empresa Microomics
- a la empresa Allgenetics
- a la empresa Proquinorte
- a la editorial BMC Ocean Microbiology
- a la editorial Frontiers

PATROCINADORES



microomics®



RESÚMENES

1) Diversidad, función y biogeografía



Metabarcoding and metagenomic profiling of microbial communities in Las Tablas de Daimiel National Park (Spain).

Victor López Maroto ¹, Alejandro Rodríguez Gijón ¹, Mireia Mestre ¹, Salvador Sánchez Carrillo ¹, Rafael Laso Pérez ¹

¹*Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC*

El Parque Nacional de Las Tablas de Daimiel (TDNP, España), Reserva de la Biosfera de la UNESCO y sitio Ramsar, representa un humedal mediterráneo de gran relevancia ambiental por su papel como punto caliente de biodiversidad. No obstante, la intensa presión antropogénica ha causado un deterioro significativo en la calidad y cantidad del agua en las últimas décadas. Aun así, el conocimiento sobre las comunidades microbianas locales es limitado, pese a jugar un rol esencial en los ecosistemas acuáticos al participar en diversos ciclos biogeoquímicos.

Para caracterizar mejor estas comunidades en las TDNP, en junio de 2023 se realizó la secuenciación de amplicones del gen 16S rRNA en muestras de columna de agua y sedimento de cuatro localizaciones. Se identificaron 19.855 variantes de secuencia de amplicón (ASVs) bacterianos y 1.766 de arqueas, pertenecientes a 64 y 11 filos, respectivamente. Las comunidades bentónicas exhibieron mayor riqueza bacteriana que las pelágicas, con dominancia de Actinomycetota, Bacteroidota, Cyanobacteriota, Planctomycetota y Pseudomonadota. Para Archaea, no se observó una tendencia clara.

En 2024, la secuenciación metagenómica shotgun generó 365 genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs), de los cuales 128 fueron de alta calidad. Solo se recuperó un MAG de arquea de calidad media, perteneciente a Nitrososphaeria, posiblemente por su baja abundancia relativa (0,42-2,98%). Este clado es clave en la oxidación aerobia del amonio, sugiriendo su relevancia en la biogeoquímica local. Los análisis metagenómicos en curso elucidarán el papel de estos microorganismos en procesos biogeoquímicos, particularmente en los ciclos del carbono y nitrógeno.

Estudio de los cambios estacionales en la microbiota del mejillón en las rías gallegas: herramienta para la vigilancia sanitaria

Ana da Costa Ribeiro ¹, David Rocha Grandal ¹, Alexandre Lamas ², Alejandro Garrido Maestu ¹

¹*Instituto de Investigaciones Marinas (IIM-CSIC)*

²*Universidad de Santiago de Compostela*

Galicia es la región líder a nivel mundial en producción y nivel de comercialización. Debido a la importancia económica de este sector es de gran importancia desde un punto de vista tanto de seguridad alimentaria como de salud de este cultivo monitorizar los cambios en la microbiota a lo largo del año. Se recolectaron entre enero y diciembre de 2025, 149 muestras de mejillones de bateas de dos rías, Arousa (n=118) y Vigo (n=31). La microbiota se determinó mediante secuenciación del 16sRNA. Para la asignación taxonómica de la lecturas se empleó el programa EMU v3.5.5. Para el análisis estadístico se empleó MicrobiomeAnalyst. El filo más abundante fue Proteobacteria seguido de Cyanobacteria, Fusobacteria y Firmicutes. La Diversidad Beta (índice Bray-Curtis) mostró diferencias significativas tanto para el mes de recolección como para la estación del año (p-value: 0.001) pero no entre rías (p-value: 0.115). La comparación entre rías solo mostró diferencias para Planctomycetes (FDR: 0.0054). Los niveles de Proteobacteria (FDR: 0.0072) y Betaproteobacteria (FDR: 1.7851E-8) fueron mayores en invierno y los de Fusobacteria en primavera/verano (FDR: 0.0050745). Más de 29 géneros mostraron diferencias significativas (FDR: <0.05) para la época del año. En invierno hubo niveles más altos de Aeromonas (FDR: 1.0689E-11), Acinetobacter (FDR: 2.8701E-9), Pseudomonas (8.3769E-9) o Enterococcus (FDR: 9.8883E-6). En cambio, en primavera hubo mayores niveles de Listeria (FDR: 9.8883E-6). Los resultados de este estudio muestran que la microbiota del mejillón va cambiando según época del año. Estos análisis son útiles como herramienta de vigilancia temprana y gestión del riesgo.

Rol de la fotosíntesis anoxigénica en el ciclo del carbono

Cristian Villena Alemany ¹, Hans-Peter Grossart ¹, Michal Koblizek ², Izabela Mujakic ¹, Kasia Piwosz ³, Danijela Santic ⁴, Ana Vrdoljak Tomas ⁴

¹*Leibniz Institute of Freshwater Ecology and Inland Fisheries (IGB), Germany*

²*Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Czechia.*

³*National Marine Fisheries Research Institute, Poland*

⁴*Institute of Oceanography and Fisheries, Split, Croatia*

Existe una gran variedad de bacterias capaces de obtener energía de la luz para suplementar su metabolismo dependiente del carbono orgánico. Entre estas bacterias fotoheterotróficas se encuentran las capaces de realizar fototrofia anoxigénica en ambientes óxicos: las bacterias AAPs (fototróficas anoxigénicas aerobias). A diferencia de las bacterias fotosintéticas púrpuras del azufre, las bacterias AAPs obtienen energía de la luz mediante centros de reacción fotosintéticos en condiciones óxicas, presentan un estilo de vida heterotrófico y alcanzan abundancias relativas de hasta el 20-25% de la comunidad bacteriana en ambientes acuáticos.

En una campaña de muestreo quincenal durante tres años, observamos el carácter recurrente de las bacterias AAPs y su preferencia por periodos de mayor producción primaria. Durante el bloom fitoplanctónico primaveral, su crecimiento superó al de las bacterias heterotróficas, contribuyendo de manera relevante a la transferencia de carbono hacia niveles tróficos superiores. Asimismo, registramos mayor abundancia en ambientes eutróficos de agua dulce y en etapas más productivas de ambientes marinos.

Por otro lado, cultivos de bacterias AAPs han demostrado reducir su respiración aerobia en presencia de luz. Sin embargo, la respiración microbiana ambiental, estimada como consumo de oxígeno, se mide en oscuridad para evitar la producción de oxígeno por organismos fotosintéticos oxigénicos. Así, esta reducción pasa desapercibida, sobreestimando la respiración microbiana. Utilizando luz infrarroja, asimilable por las bacterias AAPs pero no por los organismos fotosintéticos oxigénicos, observamos una reducción media del 15% en la respiración microbiana en un lago, atribuible a la menor respiración de las bacterias AAPs.

Urban effluents override desiccation legacy and reshape bacterial diversity and composition in stream biofilms

Javier Ortiz Rivero ¹, Paula Siñeriz ¹, Anna Freixa ¹, Sergi Sabater ¹

¹*Instituto Catalán de Investigación del Agua (ICRA)*

Bacterial communities in stream biofilms are fundamental for the ecological functioning of fluvial ecosystems, participating in nutrient cycling, organic matter decomposition, and primary production, and serving as indicators of ecosystem health. In Mediterranean streams, these communities are increasingly exposed to multiple sequential stressors of different intensity, such as desiccation and chemical pollution yet their combined effects remain poorly understood. Here, we conducted a field experiment in four streams by colonizing artificial substrates, which were subsequently subjected to contrasting drying regimes (intermittent vs. continuous) and then translocated to reaches receiving urban effluents. Bacterial communities were characterized using high-throughput sequencing of the 16S rRNA gene. Both stressors significantly modified community diversity and composition, with consistent responses across streams. Continuous drying acted as a strong environmental filter, reducing diversity and favoring stress-tolerant taxa such as Bacilli and Actinobacteria and reducing Cyanobacteria, while effluent exposure promoted community homogenization and recolonization by effluent-derived taxa, dominated by Cyanobacteria or Gammaproteobacteria. Sequential exposure to desiccation followed by urban effluents further shaped bacterial communities, but desiccation legacy effects were generally weak and largely overridden by effluent inputs. Although some early-colonizing, stress-tolerant taxa persisted, community reorganization was mainly driven by effluent-derived colonization and local environmental conditions. Overall, these results show that the sequence and intensity of disturbances, together with initial community composition, regulate microbial resilience and community reorganization, with clear implications for the functioning of river ecosystems.

Impacto de los contaminantes orgánicos antropogénicos sobre las comunidades microbianas del Mar Báltico

Júlia Grande-Martí¹, Elena Cerro-Gálvez¹, Christofer M.G. Karlsson², Daniel Lundin², Jarone Pinhassi², Jordi Dachs¹, Maria Vila-Costa¹

¹IDAEA-CSIC

²EEMiS, Linnaeus University

El Mar Báltico es un entorno fuertemente impactado por actividades humanas, caracterizado por concentraciones elevadas de nutrientes y contaminantes orgánicos. Florecimientos estacionales de Planctomycetia se han reportado en estas aguas, pero los factores ecológicos que impulsan estas dinámicas son poco conocidos.

En este estudio, comunidades microbianas marinas de aguas superficiales del Mar Báltico fueron expuestas a una mezcla de contaminantes orgánicos seleccionados como sustitutos del carbono orgánico disuelto antropogénico (ADOC), incluyendo hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP), n-alcanos, ésteres de organofósforo (OPEs) y sustancias per- y polifluoroalquiladas (PFAS). Las muestras se incubaron a oscuras a 9,5 °C durante 24 horas tras la adición de la mezcla de contaminantes a concentraciones relevantes desde el punto de vista ambiental.

La exposición a contaminantes disminuyó significativamente la abundancia de células fototróficas y la producción bacteriana heterótrofa (reducción de la tasa de incorporación de leucina), sugiriendo un deterioro en la síntesis de biomasa en grupos taxonómicos específicos. Bacteroidia dominó todas las muestras (~40%), pero se observaron cambios marcados en la composición tras 24 h de exposición incluyendo aumento de Planctomycetia y disminución de Gammaproteobacteria.

Se detectó degradación de hidrocarburos alifáticos y aromáticos, con tasas mayores en controles que en tratamientos con contaminantes, sugiriendo que mayores cargas reducen la eficiencia microbiana de eliminación. El enriquecimiento de Planctomycetia es notable, dado su capacidad previamente descrita para la biodegradación de HAP, y sugiere que los aumentos recurrentes de este taxón en las aguas del Mar Báltico podrían estar vinculados a la exposición crónica a contaminantes orgánicos.

Microbial diversity and function in microbial mats of inland shallow saline lakes in Spain

Miguel Ángel Fernández Martínez ¹, Paloma Alcorlo Pagés ¹, Máximo Florín Beltrán ², Salvador Mollá Martínez ¹, Cristina Cid Sánchez ³, Graciela de Diego Castilla ³, Ana Isabel López-Archilla ¹

¹*Dpto. Ecología. Fac. Ciencias UAM*

²*E.T.S. Ingeniería de Caminos, Canales y Puertos UCLM, Ciudad Real*

³*Centro de Astrobiología (CSIC)*

The study investigates the microbial diversity and functional potential of microbial mats in three saline, shallow, endorheic lakes in inland Spain: Caballo Alba (Segovia), Pétrola (Albacete), and Chiprana (Zaragoza). These lakes exhibit contrasting physicochemical and hydrological conditions, including permanent versus temporary water regimes, which influence the composition of microbial communities.

Physicochemical properties were measured, and microbial diversity was assessed through amplicon sequencing to estimate metabolic capabilities. Preliminary results from the high-water phase in April 2025 indicated that environmental variables significantly impacted both phylogenetic and functional diversity. Caballo Alba, with higher alkalinity and lower salinity, was distinct from the more saline and lower-pH lakes Pétrola and Chiprana. The Shannon diversity index (H') was highest in Chiprana for prokaryotic communities ($H'=6.25$ for Bacteria, $H'=4.98$ for Archaea), while Caballo Alba showed greater eukaryotic diversity ($H'=3.78$), likely due to milder conditions that support less-adapted microeukaryotes.

Bacteria exhibited considerable functional complexity, including both oxygenic and anoxygenic photolithoautotrophic primary producers, along with sulfur-, iron-, and hydrogen-oxidizing chemolithoautotrophs. Diverse heterotrophic consumers were identified, ranging from aerobic and anaerobic chemoorganoheterotrophs to strict fermenters. Archaeal ASVs, though less abundant, included methanogens and ammonia-oxidizers. Eukaryotic primary producers encompassed microchlorophytes and diatoms, while consumers included bacterivorous and algivorous protists, alongside decomposer communities dominated by oomycetes and fungi, illustrating complex trophic interactions in these ecosystems.

Patrones de diversidad y redes ecológicas microbianas en floraciones del Océano Austral mediante ADN ambiental

Isabel Martínez ¹, Jean-Francois Mangot ², Rafel Simó ², Montserrat Sala ², Jesús Mercado ¹, Isabel Ferrera ¹

¹*Centro Oceanográfico de Málaga, IEO-CSIC*

²*Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC*

El Océano Austral desempeña un papel esencial en los ciclos biogeoquímicos globales y en el funcionamiento de las redes tróficas marinas al albergar floraciones estacionales de fitoplancton que sustentan comunidades microbianas altamente dinámicas. En este estudio caracterizamos la diversidad y estructura de comunidades procariotas y eucariotas planctónicas en distintas zonas del Océano Austral asociadas a cuatro floraciones. Para ello, empleamos la secuenciación masiva de las regiones V4-V5 del gen 16S rRNA y V4 del 18S rRNA de muestras obtenidas durante la campaña PEGASO (verano austral de 2015). Las muestras se tomaron en aguas superficiales y en el máximo profundo de clorofila (DCM), aplicando filtraciones secuenciales (0.2-3 y 3-20 μm) para distinguir procariotas libres y asociados a partículas, así como pico- y nanoplancton eucariota.

Los resultados mostraron diferencias significativas en la diversidad bacteriana entre zonas, con los valores más bajos en la Isla Anvers, y los más altos en el sector noroeste de las Islas Georgias del Sur. La diversidad eucariota siguió un patrón espacial muy similar. A nivel taxonómico, los grupos de bacterias más abundantes correspondieron a ASVs de Flavobacteriales (p.ej., Polaribacter) y Rhodobacterales (p.ej., Sulfitobacter). Entre los eucariotas, predominaron diatomeas, criptófitas y haptófitas, junto a una elevada diversidad de dinoflagelados.

La red de co-ocurrencia basada en ASVs mostró una estructura modular y bien conectada, indicando asociaciones microbianas consistentes.

En conjunto, estos resultados revelan una marcada estructuración espacial de las comunidades microbianas en floraciones del Océano Austral y la presencia de ASVs compartidos entre las distintas floraciones.

(Paleo)metagenómica oceánica: buscando respuestas de los microorganismos al cambio climático.

Morgane Blanot¹, Francisco José Jiménez-Espejo², Lucía Maestre-Carballa¹, Manuel Martínez-García¹

¹*Universidad de Alicante*

²*Instituto Andaluz de Ciencias de la Tierra (CSIC)*

El cambio climático ha causado un incremento global medio de temperatura de 1,1 °C desde 1900, cuyas causas, mayormente antropogénicas, impulsan su avance continuo. Este aumento de temperatura representa una amenaza, ya detectable, para las condiciones físico-químicas del océano y la estructura biológica de los ecosistemas marinos. Dado el alto valor ecológico de las funciones mediadas por el microbioma marino planctónico, especialmente sus aportaciones a los ciclos biogeoquímicos de impacto global, es crucial anticipar su respuesta a los cambios ambientales del futuro inmediato. Gracias al desarrollo reciente de técnicas basadas en el estudio de ADN antiguo, el pasado se ha convertido en un recurso clave para comprender la dinámica evolutiva de la biosfera y analizar sus características en momentos históricos concretos. Así, surgen la paleogenética y la paleometagenómica, basadas en registros conservados del pasado, inicialmente fósiles y hielo, y, más recientemente, sedimentos oceánicos, que permiten la reconstrucción de ecosistemas antiguos de hasta 2 millones de años. Para aplicar este potente recurso, en este estudio, analizaremos registros sedimentarios del Índico, Atlántico y Antártico que se originaron en periodos pasados de calentamiento global, como el periodo interglaciar más reciente denominado Eemiense, y que contienen ADN antiguo de microorganismos planctónicos marinos. Mediante técnicas de ADN antiguo y paleometagenómica, dilucidaremos los cambios genéticos de las comunidades microbianas del océano del pasado para reconstruir la comunidad de la columna de agua en condiciones análogas al escenario climático futuro, desvelando cambios en biodiversidad y funciones ecológicas, así como la resiliencia del microbioma frente al calentamiento.

Sedimentos marinos: una fuente de nuevos linajes fúngicos con interés biotecnológico

Daniel Guerra-Mateo ¹, José F. Cano-Lira ¹, Josepa Gené ¹

¹*Universitat Rovira i Virgili*

Los hongos asociados al medio marino siguen constituyendo un grupo ampliamente desconocido. Su diversidad despierta un notable interés, tanto por su capacidad de adaptación a la salinidad y presión hidrostática propias de este entorno, como por su elevado potencial biotecnológico. Nuestra investigación se centra en caracterizar la diversidad de ascomicetes filamentosos cultivables en sedimentos marinos de la costa de Cataluña, con el objetivo de profundizar en su papel ecológico y explorar sus posibles aplicaciones. Los sedimentos se recolectaron hasta 30 m de profundidad y las muestras se sembraron en diversos medios de cultivo. Las cepas se identificaron mediante un enfoque polifásico. El presente estudio describe la diversidad de especies del orden Onygenales, integrando análisis biogeográficos, ensayos de tolerancia a la salinidad y evaluación de la capacidad de degradación de polímeros como celulosa, queratina y quitina. De las 796 cepas aisladas, representativas de 212 especies de ascomicetes, se identificaron un total de 32 cepas pertenecientes a 18 especies de Onygenales, incluyendo seis nuevos taxones. Estos hongos mostraron una distribución global terrestre, pero presentaron tolerancias salinas entre 3.5-20 %. Todas las especies mostraron capacidad de degradar celulosa, mientras que solo cuatro fueron capaces de degradar quitina, el polímero más abundante en el medio marino, y tres la queratina. Estos resultados destacan la notable plasticidad metabólica de los ascomicetes para transitar entre ecosistemas terrestres y marinos, refuerzan la idea del medio marino como fuente de nuevos linajes fúngicos y remarcan el interés biotecnológico de estos organismos, especialmente su capacidad para degradar polímeros.

Impactos del cambio global en el microbioma y el funcionamiento del sedimento fluvial y del suelo de ribera en ríos temporales.

Cinthya Bravo ¹, Cayetano Gutiérrez-Cánovas ¹, Pilar Hurtado ¹, José L. J. Ledesma ², Rebeca Arias-Real ²

¹Universidad Rey Juan Carlos

²Museo Nacional de Ciencias Naturales

Los ríos temporales alternan entre fases acuáticas y terrestres que reorganizan la conexión entre sedimento fluvial y suelos de ribera, y estructuran la diversidad y el funcionamiento del microbioma. Las transiciones entre fases generan condiciones ambientales distintas entre hábitats, conllevando respuestas microbianas divergentes. Sin embargo, pocos estudios han integrado simultáneamente sedimento y ribera, y menos aún evaluado cómo gradientes hidroclimáticos y de uso del suelo configuran el microbioma y la multifuncionalidad. Para abordarlo, se muestrearon 43 tramos fluviales durante la fase seca a lo largo de gradientes hidroclimáticos y de uso del suelo en la Península Ibérica, obteniendo pares de muestras de sedimento fluvial y suelo de ribera. Se caracterizaron las propiedades fisicoquímicas y la diversidad de bacterias y hongos mediante secuenciación de amplicones, y la actividad de cuatro enzimas extracelulares asociadas a los ciclos de carbono, nitrógeno y fósforo. La composición microbiana difirió entre hábitats: el sedimento estuvo dominado por Alphaproteobacteria, Actinobacteria y Verrucomicrobiae, y en la ribera destacaron Sordariomycetes, Mortierellomycetes y Agaricomycetes, asociados a mayores contenidos de nutrientes. El microbioma mostró tolerancia a la sequía, pero sensibilidad a la intensificación del uso del suelo. En el sedimento, taxones bacterianos clave, junto con pH y granulometría, emergieron como reguladores principales de la multifuncionalidad, mientras que en la ribera predominó el control ambiental, aunque los grupos más vinculados a las funciones fueron fúngicos. Estos resultados evidencian respuestas microbianas dependientes del hábitat y destacan la necesidad de integrar sedimento y ribera para anticipar los efectos del cambio global en ríos temporales.

Anaerobic oxidation of methane supports a minimal microbial community in a Subsurface Biofilm at Ginsburg Mud Volcano

Pedro Romero-Tena ¹, Cleopatra Collado ¹, Gunter Wegener ², Marcus Elvert ³, Walter Menapace ⁴, Rafael Laso-Pérez ¹

¹*Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN), Spanish National Research Council (CSIC), Madrid, Spain*

²*Max Planck Institute for Marine Microbiology, Bremen, Germany and MARUM, Center for Marine Environmental Science, University of Bremen, Bremen, Germany*

³*MARUM, Center for Marine Environmental Science, University of Bremen, Bremen, Germany and Faculty of Geosciences, University of Bremen, Bremen, Germany*

⁴*MARUM, Center for Marine Environmental Science, University of Bremen, Bremen, Germany and Institute of Marine Sciences (ICM), Spanish National Research Council (CSIC), Barcelona, Spain*

Deep marine sediments generate large amounts of methane, but most of this gas is consumed by the anaerobic oxidation of methane (AOM) mediated by microscopic consortia of anaerobic methane-oxidizing archaea (ANME) and sulfate-reducing bacteria (SRB). Recently, we investigated the AOM within a sulfate-methane transition zone (SMTZ) at a depth of ~9.6 m at the rim of the Ginsburg mud volcano in the Gulf of Cádiz. The SMTZ is supplied with sulfate from both overlying seawater and an underlying evaporitic deposit, and it coincides with a fracture zone that hosts a visible biofilm. Here, carbon dioxide shows the strongest ¹³C-depletion, indicating intense methane consumption. Metagenomic and lipid biomarker analysis of the biofilm revealed an exceptionally simple microbial community dominated by ANME-1b archaea (63%), which predominantly produce strongly ¹³C-depleted glycerol dialkyl glycerol tetraethers and, to a lesser extent, the less common macrocyclic archaeols. The putative partner bacterium Seep-SRB1c (*Desulfobacterota*) is less abundant (9%). Additionally, the biofilm contained five low-abundance heterotrophs that likely rely on biomass or metabolites released from the ANME-SRB consortium. Our study highlights the presence of active methanotrophic biofilms in subsurface sediments and suggests that these communities may play an overlooked role in mitigating seafloor methane emissions.

Exploración genómica de Pseudoalteromonas: nuevas rutas hacia metabolitos con potencial antitumoral

María Álvarez-Arévalo ¹, Pilar Martínez-Viedma ¹, Igor Martínez Sánchez ¹, Carmen Cuevas ¹

¹PharmaMar S.A.

El género *Pseudoalteromonas*, formado por bacterias Gram-negativas de la clase Gammaproteobacteria, destaca por su capacidad para producir metabolitos secundarios con actividad biológica y permanecer poco explorado. En la colección microbiana de PharmaMar S.A., pionera en el descubrimiento de fármacos antitumorales de origen marino, se cuenta con numerosas cepas de este género, aisladas de distintas muestras marinas y caracterizadas mediante secuenciación del gen 16S del ARN ribosomal.

Para evaluar su potencial biotecnológico, se seleccionaron representantes de cada especie y se secuenciaron sus genomas completos mediante la tecnología Nanopore®. Se realizaron comparaciones genómicas *in silico* entre las cepas de la colección y genomas de referencia disponibles en repositorios públicos. Los análisis revelaron diferencias significativas en el contenido génico y en el número, tipo y organización de clústeres biosintéticos (BGCs), evidenciando una elevada diversidad metabólica.

A través de la herramienta informática antiSMASH, se identificó un número variable de BGCs por genoma, predominando NRPS (nonribosomal peptide synthetases) y PKS (polyketide synthases). Una proporción considerable de BGCs mostró baja similitud con rutas conocidas, indicando potencial para metabolitos novedosos. Estos hallazgos ponen de manifiesto la diversidad de metabolitos secundarios en *Pseudoalteromonas* y proporcionan una base sólida para priorizar cepas en programas de descubrimiento de fármacos antitumorales. Asimismo, se demuestra la utilidad de los enfoques genómicos integrativos aquí presentados.

Colonización de plásticos por comunidades microbianas durante la transición desde las aguas residuales de una planta de tratamiento al mar

Rafael Bargiela ¹, Constance L Tulloch ², Gwion B Williams ², Tatyana N Chernikova ², Benjamin M Cotterrell ², Elizabeth MH Willington ³, Joseph Christie-Oleza ³, David N Jones ⁴, Davey L Jones ², Peter N Golyshin ²

¹*Instituto de Catálisis y Petrolequímica*

²*Bangor University*

³*University of Warwick*

⁴*University of Helsinki*

La contaminación derivada del vertido de plásticos es uno de los mayores problemas ambientales hoy en día. A pesar de ser objeto de múltiples investigaciones, se sabe poco acerca de cómo los plásticos influyen sobre otros peligros ambientales, como la resistencia antimicrobiana (AMR), un problema creciente en las terapias con antibióticos. Las aguas residuales actúan como fuente de diseminación de los genes relacionados con la AMR, que podrían proliferar y transportarse a través de los microorganismos que forman biofilms sobre la superficie de los plásticos. Para estudiar este efecto, hemos desarrollado mesocosmos para rastrear durante 16 semanas las comunidades microbianas de biofilms que recubren la superficie de plásticos comunes (polipropileno, PP; polietileno de alta y baja densidad, HDPE y LDPE; y tereftalato de polietileno, PET). Este seguimiento se realizó a lo largo del río Conwy (Reino Unido) desde una salida de aguas residuales hasta el mar. El análisis metagenómico (metabarcoding del gen de 16S y shotgun), muestra cómo aquellos microorganismos asociados inicialmente a las aguas residuales reducen su presencia hasta dar paso a microorganismos marinos, de los que algunos casi imperceptibles en las comunidades iniciales. Al analizar la distribución de genes relacionados con AMR observamos que ésta disminuye con el tiempo, sin haber un enriquecimiento entre las comunidades de biofilms formados sobre los plásticos y estos genes procedentes de aguas residuales. Por lo tanto, los plásticos no estarían actuando como vectores ni medio de proliferación de AMR durante su incubación en aguas residuales en experimentos con mesocosmos.

Perspectivas metagenómicas sobre las floraciones de cianobacterias en una laguna costera eutrofizada, el Mar Menor

Isabel Ferrera ¹, Ana M. Cabello ¹, Guillermo Domínguez-Huerta ¹, Jesús M. Mercado ¹

¹Centro Oceanográfico de Málaga, Instituto Español de Oceanografía (IEO-CSIC)

La cianobacteria *Synechococcus* ha sido un componente clave en el colapso ecológico del Mar Menor, una laguna costera mediterránea hipersalina sometida a eutrofización crónica y perturbaciones climáticas. A pesar de ello, se desconocen los rasgos funcionales que permiten a ciertos linajes proliferar bajo las condiciones ambientales locales. En este estudio integramos series temporales con secuenciación del gen ARNr 16S, metagenómica, genomas ensamblados a partir de metagenomas y análisis dirigidos del gen *petB* para identificar rasgos funcionales que sustenten la proliferación de *Synechococcus* en la laguna. Los análisis genéticos mostraron que un conjunto limitado de variantes domina durante los episodios de proliferación, caracterizándose por repertorios funcionales asociados a la supervivencia en un entorno hipersalino y enriquecido en nutrientes. Entre los rasgos potencialmente vinculados al inicio y persistencia de las floraciones se encuentran rutas de biosíntesis de osmoprotectores, sistemas mejorados de asimilación de urea, módulos toxina-antitoxina, genes de resistencia a herbicidas y al estrés oxidativo, así como múltiples mecanismos de defensa frente a virus. Además, los análisis de relaciones virus-huésped indicaron que la dinámica de los cianófagos pudo influir en el reemplazo temporal de variantes de *Synechococcus*, contribuyendo al declive de linajes dominantes. Estos resultados sugieren que las floraciones de *Synechococcus* en el Mar Menor emergen de la interacción entre el enriquecimiento de nutrientes, perturbaciones meteorológicas y la resiliencia genómica de linajes capaces de tolerar estrés ambiental, destacando el valor de la metagenómica y de las series temporales para comprender los mecanismos que impulsan las proliferaciones de cianobacterias en ecosistemas costeros perturbados.

Más allá del hallazgo original: proliferación global de los plásmidos VBR1 revelada mediante búsqueda actualizada de GenBank y análisis retrospectivo de colecciones históricas

Carlos Rodríguez Osorio ¹, Ana Vences Lorenzo ¹, Soraya Fraga Pampín ¹

¹*Universidad de Santiago de Compostela*

VBR1 es una nueva familia de plásmidos descrita en Vibrionaceae, cuyo replicón mínimo está definido por un oriV de ~570 bp y dos genes *vrp1AB*, y caracterizada por su amplia distribución, carácter conjugativo y contenido de genes de resistencia a antimicrobianos y de defensa/antidefensa frente a fagos.

En este trabajo ampliamos de manera sustancial el repertorio conocido de plásmidos VBR1 utilizando dos aproximaciones complementarias:

(i) una búsqueda sistemática y actualizada de GenBank, que ha identificado 50 nuevos plásmidos VBR1 no anotados previamente y depositados tras nuestra publicación original; y (ii) un cribado por PCR aplicado a una colección propia de >400 cepas bacterianas aisladas de peces de acuicultura entre 2002 y la actualidad, así como una colección de >600 cepas aisladas de peces salvajes en un banco pesquero del Atlántico Norte en 1994, que ha revelado alrededor de 60 cepas adicionales portadores de plásmidos VBR1.

La integración de estos dos conjuntos de datos expande notablemente el rango taxonómico, geográfico y temporal de la familia VBR1, demostrando su persistencia ininterrumpida durante más de tres décadas en ambientes acuícolas y oceánicos. El análisis comparativo confirma la conservación general de los módulos comunes a todos los VBR1. Sin embargo, identificamos también linajes atípicos, lo que sugiere un nuevo escenario evolutivo para estos replicones. Nuestros resultados consolidan a VBR1 como un vector dinámico de rasgos adaptativos en Vibrionaceae, y subrayan la importancia de estos plásmidos en la evolución de la resistencia antimicrobiana y de las interacciones bacteria-fago en entornos marinos.

Exploración del pangenoma ambiental de microorganismos marinos mediante metagenómica de lecturas largas

Carmen Molina-Pardines ¹, Jose M. Haro-Moreno ¹, Mario López-Pérez ¹

¹*Universidad Miguel Hernández de Elche*

La delimitación de especies en procariotas y la caracterización de su diversidad genética en ambientes naturales siguen siendo limitadas por enfoques basados en genomas ensamblados de metagenomas (MAGs) derivados de lecturas cortas, que subestiman el genoma flexible y el potencial metabólico. En este contexto, evaluamos hasta qué punto la metagenómica de tercera generación permite recuperar la diversidad genética intraespecífica y revelar fracciones del pangenoma previamente inaccesibles.

Mediante la aplicación de pangenómica ambiental a lo largo de la columna de agua, reconstruimos el pangenoma de linajes microbianos dominantes directamente a partir de poblaciones naturales. Las lecturas largas permitieron capturar una fracción significativamente mayor del genoma flexible en comparación con aproximaciones convencionales, revelando parte del pangenoma perdido hasta la fecha y mostrando un alto grado de redundancia funcional. En todos los linajes analizados, el genoma flexible estuvo enriquecido en transportadores, aunque su composición varió según el linaje y el ambiente. Los microorganismos oligotróficos mostraron predominio de sistemas de alta afinidad para micronutrientes limitantes, mientras que en condiciones de mezcla se observó una mayor diversidad funcional, incluyendo transporte de hierro, ácidos grasos y polisacáridos. Además, la mayoría de los genes flexibles mostraron una distribución específica de ambiente, evidenciando su papel en la estructuración poblacional.

Los análisis evolutivos revelaron una mayor variabilidad en el genoma flexible y patrones de selección dependientes del ambiente, consistentes con su papel como sustrato dinámico de adaptación. En conjunto, estos resultados demuestran que la metagenómica de lectura larga mejora sustancialmente la resolución del pangenoma ambiental y que el genoma flexible actúa como un componente clave en la adaptación ecológica de las poblaciones microbianas marinas.

Más allá de la clorofila: integración de la fotoheterotrofia basada en proteorodopsinas en el ciclo del carbono

Laura Gomez-Consarnau ¹, Laura Steindler ²

¹*Instituto Mediterráneo de Estudios Avanzados (IMEDEA)*

²*University of Haifa, Haifa, Israel*

Durante décadas, la captura de energía solar en el océano se interpretó casi exclusivamente desde la perspectiva de la fotosíntesis basada en clorofila. El descubrimiento de las proteorodopsinas (PR) en el bacterioplancton marino amplió este paradigma, al revelar que el océano superficial también alberga fotoheterótrofos con simples bombas de protones acopladas a retinal. Estudios multi-ómicos han demostrado que las PR están ampliamente distribuidas entre los microorganismos marinos, especialmente en procariotas. Nuestro análisis de metatranscriptomas globales del proyecto Tara Oceans muestra que los genes de PR se sitúan de forma consistente entre las funciones microbianas más expresadas in situ, a menudo compitiendo con procesos metabólicos centrales. Además, los transcritos de genomas específicos, como los de organismos del grupo SAR11, muestran que la PR es la función más expresada del genoma. Esta evidencia, combinada con estudios fisiológicos, sugiere que la fototrofia con PR permite a las células cubrir peajes energéticos esenciales para sobrevivir y crecer en el mar. Estos incluyen el coste energético de procesos clave como el mantenimiento del potencial de membrana, el transporte y la utilización de materia orgánica, y la motilidad durante la escasez de carbono. Así, la fototrofia basada en PR influye en el procesamiento de la materia orgánica disuelta, lo que subraya la necesidad de integrar la fotoheterotrofia en los modelos del ciclo del carbono marino.

Dinámica temporal de comunidades microbianas marinas en partículas modelo

Elena Hernández-del Amo ¹, Ona Deulofeu-Capo ¹, Núria Vigués ¹, Carla Pérez-Cruz ², Uxue Arrizabalaga ², Laura Alonso-Sáez ², Josep M. Gasol ³, Jordi Mas ¹, Olga Sánchez ¹

¹*Universitat Autònoma de Barcelona*

²*AZTI*

³*Institut de Ciències del Mar*

Las partículas marinas representan nichos microbianos ricos en materia orgánica que desempeñan un papel clave en el ciclo de la materia orgánica en el océano. La quitina, un biopolímero ampliamente distribuido a escala global, constituye un sustrato fundamental para los microorganismos que colonizan estas partículas. En este estudio, analizamos la sucesión microbiana en partículas modelo de quitina durante 130 horas utilizando agua de mar procedente de tres localizaciones y dos profundidades (el DCM y 500 m).

A partir de secuenciación masiva del gen 16S rRNA se observaron claros cambios temporales en la composición de las comunidades asociadas a las partículas, dominadas principalmente por tres clases bacterianas: Gammaproteobacteria, Alphaproteobacteria y Bacteroidia. Estos grupos mostraron versatilidad ecológica a lo largo de las distintas fases de colonización, con géneros específicos que presentaban dinámicas tipo "bloom". Los colonizadores iniciales (0-48 h) incluían *Pseudoalteromonas shioyasakiensis*, *Sphingobium yanoikuyae* y *Sulfitobacter spp.*, cada uno de ellos superando el 10% de abundancia relativa en distintas muestras. En etapas posteriores (>48 h), aumentaron las abundancias de Cryomorphaceae no clasificadas, Cellibrionaceae no clasificadas, *Marinobacter spp.* y *Pseudophaeobacter spp.* Por otro lado, *Alteromonas macleodii* apareció de forma ubicua, dominando las fases iniciales con hasta un 75% de abundancia relativa en algunos casos.

Estos resultados sugieren que la colonización microbiana en partículas artificiales de quitina está estructurada: las Gammaproteobacteria impulsan la colonización temprana, seguidas por la posible degradación de metabolitos especializados por parte de Bacteroidia y Alphaproteobacteria. Nuestros hallazgos indican que la especialización temporal del sustrato y la flexibilidad metabólica, más que los factores espaciales (es decir, la profundidad o el punto de muestreo), gobiernan los ciclos de vida microbianos y la remineralización de partículas en el océano.

Efecto de la preincubación térmica en la detectabilidad de *Vibrio spp.* en aguas marinas y residuales del Mediterráneo

Esther Díaz-Arineró ¹, Josefa Antón ¹, Fernando Santos ¹, Esther Rubio-Portillo ¹

¹Universidad de Alicante

Las técnicas dependientes e independientes de cultivo para la detección de *Vibrio spp.* pueden subestimar la abundancia y diversidad real en comunidades microbianas acuáticas. Esta limitación es especialmente relevante en el contexto del cambio climático, ya que el aumento de la temperatura del agua favorecerá la expansión de este género, que incluye especies patógenas. Este estudio analiza la variación estacional de la abundancia, cultivabilidad y diversidad (determinadas, respectivamente, mediante qPCR, cultivo en TCBS y metabarcoding hsp60) de *Vibrio* en aguas marinas y residuales del Mediterráneo, también aplicando preincubaciones a 30 y 37°C para evaluar cambios en la detectabilidad. Las poblaciones de *Vibrio* en aguas residuales fueron minoritarias y dominadas por pocas especies, algunas potencialmente patógenas, sin mejora significativa de la detectabilidad tras la preincubación. En cambio, en aguas marinas, donde el género *Vibrio* es más abundante y diverso, el tratamiento térmico aumentó la cultivabilidad y detectabilidad de algunas especies, con un efecto dependiente de la estacionalidad. En invierno, la abundancia relativa no cambió tras el tratamiento, pero sí aumentaron la cultivabilidad y detectabilidad respecto a la muestra natural. En verano, aumentó la abundancia, pero la detectabilidad tras las preincubaciones fue más similar a la muestra natural. La combinación de preincubaciones térmicas con técnicas moleculares y cultivo selectivo mejora la detección de especies de *Vibrio*, que podrían encontrarse en estado viable no cultivable o bajo el límite de detección. Por lo que su incorporación en programas de vigilancia ambiental resulta clave, especialmente en épocas frías, cuando la detección convencional resulta insuficiente.

Prokaryotic diversity and microbial metal sentinels in Antarctic lagoon sediments

Silvia González- Acinas ¹, Raimón Bundó- Ruiz ¹, Andrea García-Bravo ¹, Beat Gasser ², Felipe Hernandez Coutinho ¹, Emma Huertas ³, Elisabet Laia Sá Lago ¹, Gabriel Navarro ³, Pere Masqué ², Albert Palanques ¹, Antonio Tovar ³, Sebastià Vivas Hernández ¹

¹ICM-CSIC

²³School of Science, Edith Cowan University³⁴ICMAN-CSIC

Microbial communities in Antarctic sediments play essential roles in biogeochemical cycling and are highly sensitive to environmental disturbances, making them valuable sentinels of ecosystem change. To investigate how prokaryotic diversity responds to historical metal deposition, we analyzed two sediment cores dated from 1986 to 2021 from the Red Lagoon at Deception Island using 16S rRNA gene metabarcoding and metagenomic sequencing. Metal profiles revealed three major geochemical groupings, with mercury showing markedly higher concentrations in recent decades. Microbial alpha diversity peaked between 2000 and 2010, while beta diversity analyses indicated that sample dating, rather than core identity, was the primary driver of community structure. The dominant phyla included Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidota, and Actinobacteriota, with genera such as *Psychrobacter* and *Sulfurovum* exhibiting significant temporal shifts. Spearman correlations identified significant associations between multiple phyla and metals, highlighting potential microbial indicators of potential contamination.

Through the sequencing of 20 microbial metagenomes, a total of 90 medium to high quality non-redundant metagenomic assembled genomes (MAGs) were reconstructed. The top MAG abundance was associated with the *Methanothrix* genus of methanogenic archaea (Halobacteriota) and the sulphur oxidation bacteria *Sulfurovum* (Campylobacterota). The MAGs dynamic patterns mirrored temporal metal trends, and functional annotation revealed pathways for methanogenesis, sulfur oxidation, cold adapted and metal tolerance. Comparison with cultured isolates from the same sediments showed that several *Psychrobacter* strains belong to the abundant biosphere, supporting their relevance as experimental models.

Together, these integrated approaches reveal that Antarctic lagoon sediments host diverse and metabolically versatile microbial communities whose structure and genomic traits reflect historical metal deposition, providing a foundation for future monitoring and conservation strategies.

Integración de genotipos, morfotipos y seascapes satelitales en comunidades de plancton costero del sur de Florida, EE. UU.

Juan Pierella Karlusich ¹, Luke R. Thompson ², Katherine Silliman ², Rebecca Trinh ², Frank E. Muller-Karger ³, Enrique Montes ⁴

¹*Instituto de Bioquímica Vegetal y Fotosíntesis (IBVF, CSIC-US), Sevilla (investigador entrante)*

²*Ocean Chemistry & Ecosystems Division, Atlantic Oceanographic and Meteorological Laboratory, National Oceanic and Atmospheric Administration, Miami, Florida, USA / Northern Gulf Institute, Mississippi State University, Starkville, Mississippi, USA*

³*University of South Florida, College of Marine Science, St. Petersburg, Florida, USA*

⁴*Ocean Chemistry & Ecosystems Division, Atlantic Oceanographic and Meteorological Laboratory, National Oceanic and Atmospheric Administration, Miami, Florida, USA / Cooperative Institute for Marine & Atmospheric Studies, Rosenstiel School of Marine, Atmos*

El plancton sostiene los ecosistemas marinos y ciclos biogeoquímicos, pero sigue siendo un desafío central vincular su diversidad genética, morfología y contexto ambiental. Aquí combinamos imágenes in situ de plancton, metabarcoding de ADN ambiental y seascapes (masas de agua oceanográficas) derivados de satélite, en el marco de la Red de Observación de la Biodiversidad Marina del Sureste de EE. UU. (SEUS MBON), en aguas costeras de Florida.

Analizamos >300 muestras (2022-2025) integrando metabarcoding con observaciones del Sistema Continuo de Imagen y Clasificación de Partículas (CPICS). CPICS resuelve la morfología de partículas de >100 µm, mientras que el metabarcoding posee alta resolución taxonómica y captura una amplia diversidad, incluyendo pico- y nanoplancton. Utilizando la cianobacteria *Trichodesmium spp.* como caso de estudio, las abundancias por imagen y por 16S muestran concordancia significativa, y distintas variantes de secuencias de 16S se asocian con diferentes morfologías coloniales.

Además de comparar métodos, evaluamos si las comunidades planctónicas están estructuradas por el tipo de hábitat oceanográfico. Analizamos datos de metabarcoding de 18S de 926 muestras (2015-2024) de diferentes seascapes. La composición comunitaria está fuertemente asociada al tipo de seascape, incluyendo las proliferaciones de algas nocivas (por ejemplo, el dinoflagelado *Karenia* y la diatomea *Pseudo-nitzschia*). El análisis de redes identifica cinco módulos de coocurrencia asociados a dinámicas estacionales y seascapes específicos, mientras que los modelos de ensamble basados en árboles confirman un alto poder predictivo.

En conjunto, estos resultados establecen un marco escalable que vincula genotipos, morfotipos y factores ambientales para el monitoreo predictivo de la biodiversidad.

Identificación de biomarcadores microbianos asociados a proliferaciones fitoplanctónicas en sistemas de afloramiento costero.

Nuria Fernández González ¹, Javier Tamames de la Huerta ², Carlos Pedrós Alió ², Emilio Fernández Suárez ³, Eva Teira González ³, Sandra Martínez García ³

¹*Facultad de Ciencias Experimentales, Universidad Francisco de Vitoria, Pozuelo de Alarcón, Madrid, España; Departamento de Biología de Sistemas, Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, España*

²*Departamento de Biología de Sistemas, Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC), Madrid, España*

³*Centro de Investigación Mariña da Universidade de Vigo (CIM-Vigo), Dept. Ecoloxía e bioloxía animal. Universidade de Vigo, Vigo, España.*

Las zonas costeras de afloramiento son motores biológicos esenciales que sustentan una fracción significativa de la producción primaria global y la actividad pesquera. Las proliferaciones fitoplanctónicas (blooms) son fenómenos críticos cuya dinámica está gobernada por interacciones complejas con las comunidades de bacterioplancton. Comprender estas redes bióticas es imperativo para predecir la respuesta de los ecosistemas marinos ante el cambio global y procesos de eutrofización.

Este estudio analiza la conexión entre el microbioma marino y los eventos de bloom en el noroeste de la Península Ibérica, integrando datos de las campañas oceanográficas ENVISION y DIMENSION. El objetivo principal fue identificar biomarcadores bacterianos vinculados a estos eventos mediante algoritmos de aprendizaje automático. A partir de datos de diversidad del gen ARNr 16S, se emplearon algoritmos de aprendizaje automático, en particular, clasificadores de tipo Random Forest, para categorizar muestras ambientales según su biomasa algal. Para garantizar la robustez estadística ante el desbalance natural de las muestras, se aplicaron técnicas de sobremuestreo sintético.

Los modelos alcanzaron un alto desempeño predictivo, con valores de sensibilidad y especificidad superiores a 0,8. Se identificaron 36 biomarcadores microbianos clave, destacando géneros como *Pseudohongiella* y *Polaribacter*, estrechamente asociados a las fases de proliferación. Estos hallazgos demuestran la eficacia de las herramientas computacionales avanzadas para desentrañar las interacciones bióticas y monitorizar la salud de los ecosistemas marinos.

Unraveling halophilic community structure and resilience through ASV-level correlation networks

Diego Esteban Jiménez-Lalana ¹, Borja Aldeguer-Riquelme ², Nuria Sarrías Samper ², Cristina López Pascual ², Josefa Antón Botella ², Javier Tamames de la Huerta ³, Carlos Pedrós-Alió ³

¹*MNCN-CSIC*

²*UA*

³*CNB-CSIC*

The prokaryotic community structure of crystallizer CR-30, a near-saturation hypersaline pond in the Santa Pola solar saltern (Spain), was investigated over an annual cycle (January 2017–January 2018) using 16S rRNA gene amplicon sequencing of the V3–V4 regions. Temporal covariance among amplicon sequence variants (ASVs) was analyzed through a SparCC-based correlation network, and clusters were identified with the Markov Clustering algorithm, resolving four temporal groups with distinct ecological signatures. The two dominant clusters showed strong anticorrelations and reflected a temperature-driven seasonal switch: cluster 1 comprised a resilient assemblage persisting most of the year, including *Haloquadratum*, *Nanohaloarchaea* (*Candidatus Nanosalinarum*, *Candidatus Haloredivivus*), *Halonotius*, *Halapricum*, and several *Haloferacaceae*, whereas cluster 2 grouped taxa peaking during the warmest months (>25 °C), such as *Halorubrum*, *Halobellus*, *Haloplanus*, *Natronomonas*, *A07HB70*, *Halomarina*, and *Salisaeta*. Two smaller clusters captured post-perturbation dynamics associated with water renewal and salt harvest, including *Salinibacter*, *Halovenus*, *Candidatus Haloredivivus*, and *Woesearchaeales* related ASVs. *Haloquadratum* remained the dominant genus year-round and showed extensive microdiversity. Crucially, ASV-level resolution revealed ecological differentiation hidden at the conventional 97% OTU threshold: *Salinibacter* ASVs from a single OTU were distributed across three clusters, and *Halorubrum* and *Natronomonas* also displayed intra-lineage heterogeneity. Dense positive correlations between *Nanohaloarchaea* and *Haloferacaceae* further supported a putative symbiotic association. Overall, ASV-resolution network analysis proved effective for uncovering lineage-specific dynamics, microbial interactions, community resilience, and biases linked to variable 16S rRNA gene copy number in extreme hypersaline environments.

Explorando el papel ecológico y funcional de las vesículas extracelulares bacterianas a lo largo del estuario del Río Guadalquivir

Alba Mata González ¹, Sandra Díaz Troya ¹, Joaquín Giner Lamia ¹, María José Huertas Romera ¹, César Megina Martínez ¹

¹Universidad de Sevilla

Las vesículas extracelulares (VE) bacterianas representan, tras los virus, la principal de ADN ambiental encapsulado en ecosistemas acuáticos; sin embargo, su papel ecológico permanece en gran medida inexplorado. En este trabajo, analizamos la composición taxonómica y funcional de las fracciones celulares (FC) y sus VE asociadas en el estuario del río Guadalquivir (ERG) Con tal fin, se realizó un análisis metagenómico de la columna de agua a lo largo del estuario mediante secuenciación shotgun del ADN total.

Los resultados revelan una fuerte bipartición ecológica en el ERG, con comunidades microbianas claramente diferenciadas; un patrón que a grandes rasgos se observó también en las VE. En este sentido, la abundancia y el tamaño de las VE fueron superiores en la zona alta del estuario, lo que sugiere un efecto ambiental sobre la biogénesis vesicular. No obstante, la composición taxonómica de las VE mostró un notable desacoplamiento respecto a las FC, detectándose taxones exclusivos en la fracción vesicular. A nivel funcional, encontramos que el ERG está dominado por un metabolismo quimioheterótrofo, con una marcada prevalencia de la oxidación de metanol en las zonas media y alta, y una actividad fotosintética minoritaria. Si bien las VE mantuvieron un perfil similar, presentaron un enriquecimiento funcional específico en rutas relacionadas con el metabolismo del nitrógeno y factores de patogenicidad.

Estos hallazgos sugieren que las VE en ambientes acuáticos no son subproductos pasivos, sino una fracción dinámica y selectiva del microbioma, potencialmente implicada en la adaptación de las comunidades microbianas ante fluctuaciones ambientales.

Explorando la diversidad de Microascaceae en sedimentos fluviales de la cuenca mediterránea

Enrique Monzon ¹, Josepa Gené ¹, Jose Francisco Cano ¹, Dania García ¹

¹URV

La familia Microascaceae comprende ascomicetes de distribución global con una amplia diversidad de estilos de vida que incluye formas saprófitas, endófitas, y patógenas de plantas y animales. Sin embargo, su presencia en ambientes fluviales ha sido escasamente explorada. El objetivo de este trabajo fue estudiar la diversidad de especies cultivables de Microascaceae obtenidas a partir de 163 muestras de sedimentos fluviales recogidas entre 2019 y 2025 en la Península Ibérica. Las muestras se cultivaron en tres medios: agar dicloran rosa bengal-cloranfenicol (DRBC), DRBC suplementado con benomilo, agar patata dextrosa suplementado con actidiona (PDA+A), y se incubaron a 15 °C y 25 °C. La identificación y caracterización de las cepas se realizaron mediante un enfoque polifásico, y las relaciones filogenéticas se establecieron mediante análisis multigénico de las regiones ITS y LSU del ADN ribosómico, así como fragmentos de los genes *tub2* y *tef1*. Se aislaron 160 cepas correspondientes a 59 especies de los géneros *Acaulium*, *Cephalotrichum*, *Dactyliodendromyces*, *Enterocarpus*, *Fairmania*, *Gamsia*, *Kernia*, *Microascus*, *Parascedosporium*, *Petriella*, *Pseudoscopulariopsis*, *Pseudowardomyces*, *Ramiconidium*, *Scedosporium*, *Scopulariopsis*, *Wardomyces*, *Wardomyopsis* y *Yunannia*. El análisis filogenético permitió además detectar tres nuevos linajes propuestos como: *Microascus sedimenticola* sp. nov., *Ramiconidium brunneosporus* sp. nov. y el nuevo género *Guadarramamyces*, tipificado con *G. dentiformis* sp. nov. Este estudio pone de manifiesto que los sedimentos fluviales constituyen un importante reservorio de Microascaceae, incluyendo nuevos linajes que amplían el conocimiento sobre la evolución de este grupo de ascomicetes. La elevada diversidad observada sugiere que estos hongos desempeñan un papel ecológico relevante en los ecosistemas acuáticos.

Prevalence and activity of nitrogen-fixing bacteria from the deep ocean

Albert Bosch Verdaguer ¹, Elisabet L. Sà ¹, Alejandro Giganto Rodríguez ¹, José M. González ², Francisco M. Cornejo-Castillo ¹, Elena Cerdán-García ¹, Pablo Sánchez ¹, Silvia G. Acinas ¹

¹*Institut de Ciències del mar (ICM)-CSIC*

²*Universidad de La Laguna*

Biological nitrogen fixation, a process carried out by diazotrophs, is crucial for sustaining productivity in the ocean. While cyanobacterial diazotrophs have traditionally been considered the main contributors in the photic ocean, non-cyanobacterial diazotrophs may play a larger role in the dark ocean, although knowledge about these groups remains limited. Here, we examined the distribution and transcriptional activity of three non-cyanobacterial diazotrophs recovered as metagenome-assembled genomes (MAGs) from the bathypelagic ocean: *Novosphingobium* sp. (MAG-0177), *Ketobacter* sp. (MAG-0081), and *Salipiger* sp. (MAG-0509). Fragment recruitment across 58 metagenomes and 51 metatranscriptomes from the Malaspina Expedition revealed distinct biogeographic patterns for all three MAGs. *Ketobacter* was mostly restricted to the Pacific Ocean, associated with the free-living fraction, and was the only taxon with detectable *nifH* transcripts. *Salipiger* occurred in the particle-attached fraction at a few stations in the Pacific and North Atlantic. In contrast, *Novosphingobium* showed discrepancies between genomic distribution –occurring in the particle-attached fraction in the Atlantic–, and transcriptional activity, –observed in the free-living fraction in the North Atlantic and the eastern Pacific–. We additionally isolated two *Novosphingobium* strains from bathypelagic samples and sequenced their genomes. Both isolates were closely related to MAG-0177 (ANI > 99%) and likewise carried the *nif* operon. Phylogenomic analyses identified them as *Novosphingobium decolorationis* (ANI=97,7%). Finally, we designed a specific CARD-FISH probe enabling in-situ detection of these taxa in marine samples. These findings, together with future experimental evidence of nitrogen fixation activity, will provide new insights on the ecological relevance of non-cyanobacterial diazotrophs in the deep global ocean.

Profiling the Arctic sea ice microbiome with in situ long-read metagenomics

Pablo Sánchez ¹, Marcel Babin ², Silvia Acinas ¹

¹*Institut de Ciències del Mar (ICM-CSIC)*

²*Takuvik International Research Laboratory, Université Laval (Canada)*

Sea ice acts as a microorganism concentrator, providing confined micro-spaces where all ingredients for life from the atmosphere and the ocean combine. Nevertheless, sea ice microbiome remains largely unexplored in terms of genomic and functional diversity.

Here, we present the analyses of 26 long read microbial metagenomes (1.85 million reads; 1.73 Gbp) from the Arctic sea ice microbiome, sequenced in situ using a Nanopore MinION mk1c device during the QIKIce 2023 mission, conducted in Qikiqtarjuaq, Nunavut (Canada), that covered samples from three sea ice cores from the pico- (0.2-3 μm) and nanoplankton (3-20 μm) size fractions and 4 sections of the sea ice core from the sea surface upwards, also including samples from sea ice brines and sea water. A total of 279 rRNA genes were identified in the metagenomic reads, showing taxa such as *Polaribacter* sp. and *Thiolapillus brandeum* being prevalent across all the sea ice core sections, while taxa such as *Candidatus Planktoluna difficile* and *Aquiluna* sp. were enriched in the brines. These metagenomes allowed us to reconstruct the first 4 high-quality MAGs from the sea ice microbiome. Interestingly, 2 of them from the *Pelagibacter* and *Polaribacter* taxa contained the proteorhodopsin genes, suggesting that photoheterotrophy is an ecologically relevant functional trait in the sea ice microbiome. Additionally, MAGs from the *Polaribacter* and *Aquiluna* genus (both more abundant in sea ice brines) contained several Cas9 genes, making brines a potential hot spot for blue biotechnology gene mining.

Resistencia antimicrobiana en bacterias psicrófilas de aguas costeras antárticas: evidencia de resistomas en ecosistemas extremos.

Carmina Rodríguez Fernández ¹, Félix Andueza Leal ², Yoleida León ³, Curi Apugllon ³, Susana Arciniegas ³, Silvia García ³, Judith Arraque ⁴, Jennyfer López ⁵, Evelyn Alviarez ⁶

¹Universidad Complutense Madrid

²FIGEMPA. Universidad Central del Ecuador. Quito. Ecuador.

³ FIGEMPA. Universidad Central del Ecuador. Quito. Ecuador.

⁴ Facultad de Ingeniería Química. Universidad Central del Ecuador. Quito. Ecuador.

⁵Facultad de Ingeniería Química. Universidad Central del Ecuador. Quito. Ecuador

⁶Facultad de Farmacia y Bioanálisis. Universidad de los Andes. Mérida. Venezuela

El estudio de la microbiota bacteriana en ambientes acuáticos antárticos es fundamental para comprender su papel en la regulación de procesos ecológicos, así como en la mitigación de los efectos del cambio climático y la contaminación ambiental. En estos ecosistemas extremos, caracterizados por bajas temperaturas, predominan microorganismos psicrófilos y psicrótrofos capaces de sobrevivir en condiciones cercanas a 0 °C. El objetivo de esta investigación fue aislar bacterias heterótrofas viables y cultivables presentes en aguas costeras antárticas, y determinar sus perfiles de resistencia a antibióticos. Las muestras de agua fueron recolectadas de manera aséptica en seis localizaciones diferentes de la costa antártica durante las expediciones ecuatorianas XXVII y XXIX. Se procesaron mediante la técnica de filtración por membrana, seguida de siembra en distintos medios de cultivo e incubación a bajas temperaturas. Los aislados obtenidos fueron evaluados frente a 14 antibióticos mediante la técnica de difusión con discos. Se aislaron 37 cepas bacterianas, de las cuales 27 mostraron resistencia a al menos tres antibióticos y 5 presentaron resistencia a cinco o más, evidenciando la presencia de multiresistencias. Las bacterias del género *Pseudomonas* destacaron por su elevada resistencia a los β -lactámicos y aminoglucósidos y las especies del género *Bacillus* a β -lactámicos y tetraciclinas. Solo 5 cepas resultaron sensibles a todos los antibióticos evaluados. Aunque la abundancia bacteriana fue baja, se evidenció la existencia de resistomas ambientales en aguas costeras antárticas. Estos hallazgos resaltan la necesidad de ampliar los estudios para comprender la dinámica de la resistencia antimicrobiana en ecosistemas acuáticos extremos.

2) Interacciones microbianas y microbioma-huésped



¿Son los obeliscos marinos una reminiscencia de la vida temprana en la tierra?

Manuel Martinez-Garcia ¹, Javier Lopez-Simon ¹

¹Universidad de Alicante

Hace más de 100 años, Oparin propuso que el origen de la vida se originó por el resultado de una serie de procesos de síntesis abiótica y posterior evolución de sistemas orgánicos más complejos, que en última instancia dio probablemente origen a una molécula de RNA autoreplicante que almacenaba información genética y además era capaz de catalizar reacciones químicas mediante dominios de ribozimas. A partir de ese mundo primigenio de RNA los sistemas evolucionaron hacia la complejidad de vida que actualmente conocemos, y en este proceso, los ecosistemas acuáticos han sido los “incubadores” de la evolución. Los viroides de RNA se han considerado como posibles supervivientes de aquel mundo precursor de RNA, y recientemente, se ha descubierto una nueva clase de viroide RNA denominada “Obelisco” que carecen de una proteína de cápside que proteja el RNA, y que tienen muchas de las propiedades que los convierten en candidatos de los supervivientes de ese mundo primigenio basado en replicones de RNA: tamaño genómico pequeño (~1 kb) impuesto por una replicación propensa a errores, estructura circular cerrada que garantiza estabilidad y una replicación completa, periodicidad estructural que permite un ensamblaje modular en genomas más grandes, posible replicación por ribozimas, y por primera vez en la evolución, la codificación de uno o dos genes. En nuestro grupo de investigación hemos descubierto que dichos Obeliscos que representan los replicones autónomos de ARN conocidos más pequeños que codifican proteínas son extremadamente abundantes en la fracción procariótica en los océanos y todo un mundo nuevo, aunque antiguo por descubrir.

Diversidad viral e interacciones virus-hospedero en tapetes microbianos del campo geotermal El Tatio, Chile

Beatriz Díez ¹, Felipe Loyola ¹, Felipe Sepúlveda ¹, Sebastián Astorga ¹

¹*Universidad Mayor*

La transferencia horizontal de genes (HGT) es un importante motor de la evolución microbiana, permitiendo la rápida propagación de rasgos adaptativos. Los virus contribuyen a la HGT principalmente mediante transducción, mientras que la lisis viral puede favorecer indirectamente la transformación al aumentar la disponibilidad de ADN extracelular. En sistemas geotermales terrestres circunneutros, donde la temperatura condiciona el ensamblaje de las comunidades, los tapetes microbianos fototróficos (PMMs) forman biopelículas estructuradas que podrían facilitar la HGT mediada por virus. Sin embargo, las comunidades virales en estos ecosistemas siguen siendo poco estudiadas. Mediante análisis metagenómicos, metaviromicos y metatranscriptómicos de PMMs termofílicos (45-62 °C) del campo geotermal de El Tatio (Chile), identificamos una comunidad viral altamente diversa y en gran medida novedosa, con solo ~30 % de similitud con virus termofílicos conocidos. Las poblaciones virales estuvieron dominadas por Caudoviricetes y mostraron actividad transcripcional. Las predicciones de hospedero basadas en MAGs indicaron que los linajes dominantes, especialmente Chloroflexota y Pseudomonadota, fueron preferentemente infectados por virus líticos y lisogénicos, respectivamente, reflejando estrategias de infección específicas del hospedero. En concordancia con una fuerte presión viral, los sistemas CRISPR-Cas fueron los mecanismos de defensa más frecuentes en MAGs, con espaciadores asociados a secuencias virales. Además, genes metabólicos auxiliares virales asociados al metabolismo de nucleótidos, biosíntesis de polisacáridos y funciones relacionadas con biopelículas sugieren un papel en la replicación viral y la persistencia de los hospedadores bajo estrés térmico. Todos estos resultados destacan a los virus como actores clave en el funcionamiento de los tapetes microbianos y en la coevolución virus-hospedero en ecosistemas geotermales.

Skin microbiome reflects habitat divergence in amphibious combtooth blenny fish (Teleostei, Blenniidae)

Ewelina Rubin ¹, Michele Felletti ², Terese Miller ³, Bastian Bentlage ¹, Diego F. B. Vaz ⁴, Terry J. Ord ⁵, Iker Irisarri ⁶

¹*Marine Laboratory, University of Guam*

²*Max Planck Institute for Multidisciplinary Sciences*

³*University of Auckland*

⁴*Natural History Museum*

⁵*University of New South Wales*

⁶*Museo Nacional de Ciencias Naturales*

Host-associated microbiomes play vital roles in organismal health, ecological interactions, and evolution, yet little is known about how microbial communities shift during the transition from aquatic to increasingly terrestrial habitats. Here, we characterize the skin microbiomes of three combtooth blenny species (*Blenniella paula*, *Praealticus labrovittatus*, and *Alticus arnoldorum*) that occupy distinct positions along the intertidal gradient in Guam—from fully subtidal to intertidal to supralittoral environments. Using 16S rRNA amplicon sequencing, we compared skin-associated bacterial communities with those in surrounding seawater and substrate biofilms to assess habitat influences on microbiome structure. Skin microbiomes were distinct from environmental microbial communities, indicating strong ecological filtering by the host. Despite close phylogenetic relatedness, fish species exhibited marked, host-specific microbiome profiles that aligned more strongly with habitat than with evolutionary relationships. The supralittoral *A. arnoldorum* possessed the most divergent skin microbiome, characterized by increased Gammaproteobacteria abundance and enrichment of epiphytic and mucus-associated taxa. Across all species, we identified 32 microbial orders significantly enriched on the skin relative to environmental samples, including taxa commonly associated with fish mucosa (e.g., *Vibrio*, *Alteromonas*, *Cetobacterium*) and others rarely reported in marine fish (e.g., *Rubritalea*, *Granulosicoccus*). Several rare taxa with potential pathogenicity were also detected at low abundances. Together, these findings suggest that habitat-specific selective pressures strongly shape fish skin microbiomes along the subtidal to supratidal gradient and suggest that microbial symbionts may contribute to the ecological and physiological adaptations enabling amphibious lifestyles. This study provides the first comparative assessment of skin microbiome divergence across amphibious fish species along an intertidal gradient and offers a framework for predicting microbiome responses to environmental change.

Exploring the functionality of the Antarctic krill microbiome

Alicia Prior ¹, Ramiro Logares ², Camila Fernández ³, Bjørn Krafft ⁴, Juan Höfer ⁵, Mireia Mestre ⁶

¹Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC)

²Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC)

³Universidad de Concepción (UdeC); Centro COPAS-Coastal, Universidad de Concepción; LOMIC UMR7621, CNRS

⁴Institute of Marine Research (IMR)

⁵Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV); Centro IDEAL, Universidad Austral de Chile (UACH)

⁶Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC); Centro COPAS-Coastal, Universidad de Concepción; Centro IDEAL, Universidad Austral de Chile (UACH)

Antarctic krill (*Euphausia superba*) is a keystone species in the Southern Ocean, playing a central role in pelagic food webs and global carbon cycling. As a holobiont, krill hosts diverse microbial communities that may influence host health, nutrition, and development. Here, we characterize the functional potential of the krill microbiome, encompassing both prokaryotes (bacteria and archaea) and eukaryotes (protists). Combining omic technologies (metabarcoding and metagenomics) we observed different microbial niches across the krill body, forming a spatially structured “bodyscape” composed of interconnected microbial communities and we recovered 60 prokaryotic metagenome-assembled genomes (MAGs) and one eukaryotic MAG. Functional analyses revealed the presence of beneficial symbionts with the potential to support essential digestive and metabolic processes, including polysaccharide degradation, vitamin biosynthesis, and the production of key enzymes, thereby contributing to host homeostasis, nutrition, and development. In contrast, we also detected pathogenic or nutrient-scavenging microorganisms that may negatively affect host nutrition, impair immune function, or disrupt metabolic pathways, with potential consequences for individual development and, at larger scales, krill population dynamics. Our analyses further revealed the existence of putative metabolic coupling among specific microbial taxa, reflected by complementary metabolic pathways and potential cross-feeding interactions, pointing to complex microbial interactions within the krill holobiont. Altogether, these findings reveal a complex functional bodyscape within the krill microbiome and underscore its potential as a sensitive bioindicator of host health in the Southern Ocean.

Facilitative interaction between the toxigenic dinoflagellate *Alexandrium minutum* and its associated bacteria

Eva Teira ¹, Rocío Blanca-Sújar ¹, Sofía Barros ², Emilio Fernández ¹

¹*Centro de Investigación Marina (CIM) de la Universidad de Vigo*

²*Universidad de Vigo*

The role of associated bacteria in harmful algal blooms (HABs), such as those caused by the PSP-producing dinoflagellate *Alexandrium minutum*, remains poorly understood at the species level. Here, we used a co-culture approach to investigate the interaction between *A. minutum* and four associated bacterial strains (two isolated from a natural bloom and two from a monospecific culture). Attempts to establish fully axenic cultures of *A. minutum* were unsuccessful, as bacterial removal resulted in non-viable cultures, highlighting the potential dependence of this dinoflagellate on associated bacteria. Consequently, dinoflagellate growth rates obtained in quasi-axenic monocultures were compared with those measured in co-cultures with each bacterial isolate, under B-vitamin depleted or replete conditions. No clear growth limitation by B-vitamins was observed during the incubations, suggesting the presence of trace amounts of B-vitamins. Notably, all bacterial isolates significantly enhanced *A. minutum* growth, regardless of vitamin availability. These findings indicate that specific phytoplankton-bacteria interactions play a key role in supporting dinoflagellate growth and may contribute to bloom development. A better understanding of these interactions may improve our knowledge on the ecology of toxic dinoflagellates and contribute to more accurate predictions of HAB dynamics, which are often only partially explained by environmental factors.

Phagocytosis of microbial symbionts supports embryonic nutrition in the sponge *Halichondria panicea*

Marta Turon ¹, Cristina Díez-Vives ¹, Tyler J. Carrier ², Laura de la Cruz-Castillejo ¹, Maria Conejero ¹, Leon Steiner ², Sabrina Jung ², Lucía Pita ³, Vasiliki Koutsouveli ², Sören Franzenburg ⁴, Ute Hentschel ², Ana Riesgo ⁵

¹MNCN (CSIC)

²GEOMAR

³IIM (CSIC)

⁴Institute of Clinical Molecular Biology

⁵MNCN (CSIC)

Animals associate with microbial symbionts that play crucial roles in their nutrition and development, yet their function during gametogenesis and embryogenesis remains poorly understood. Sponges represent an ideal system to investigate these processes due to their dense and diverse microbial communities. Here, we examined host-symbiont dynamics across the reproductive cycle of the marine sponge *Halichondria panicea* to assess how microbial communities contribute to reproduction and early development. Specimens were collected monthly from February to July and classified by reproductive stage using histological analyses. We combined ultrastructural imaging, dual RNA sequencing of host and symbionts, 16S rRNA gene amplicon sequencing, and quantitative PCR to characterize microbial and transcriptional dynamics throughout reproduction. Pronounced shifts in both host gene expression and microbial community composition occurred during early embryogenesis, particularly in May. Transmission electron microscopy revealed nurse cells phagocytosing bacterial aggregates in close proximity to late oocytes, presumably converting them into yolk precursors. This coincided with a significant decline in the abundance of the dominant obligate symbiont, *Candidatus Halichondriabacter symbioticus*. Host transcriptomic analyses showed upregulation of immune and phagocytic pathways, including pattern recognition receptors, lectins, and vesicle trafficking components, specifically in females undergoing embryogenesis in May. Concurrently, symbiont gene expression profiles indicated responses to acidic conditions, consistent with exposure to phagosomal environments. Our results provide evidence that *H. panicea* actively digests its microbial symbionts during early embryogenesis, likely to meet the elevated energetic demands of reproduction. These findings expand our understanding of how symbionts may impact early animal development.

Immune Priming Reshapes the Microbiota and Modulates Pathogen Dynamics in the Manila clam (*Ruditapes philippinarum*)

Bruno K. Rodiño-Janeiro ¹, Diego Rey-Varela ¹, Ana L. Dieguez ¹, Sergio Rodriguez ¹, Clara Martinez ¹, Javier Dubert ¹

¹USC

Invertebrates lack adaptive immunity and rely exclusively on innate defenses to combat pathogens. Recent studies have shown that invertebrates exhibit immune priming, a form of innate immune memory in which prior pathogen exposure enhances protection against reinfections. Despite its ecological and applied relevance, immune priming remains poorly explored in marine invertebrates. Most studies adopt a host-centric view, focusing on the immune response while overlooking that immunity occurs within a complex microbial context in which the host, its microbiota, and pathogens interact. This gap limits our understanding of how microbiota and pathogens behave under priming pressure. Here, we investigated the effects of immune priming on host survival, pathogen dynamics, and microbiota composition in the Manila clam (*Ruditapes philippinarum*), a key species for global aquaculture, challenged with the bacterial pathogen *Vibrio europaeus*. Immune priming was induced orally using live *V. europaeus* at a sublethal dose, followed by a lethal secondary challenge. Primed clams exhibited a significant increase in survival after the second challenge (87% survival vs. 0% in non-primed clams) and rapidly reduced the pathogen concentration within 48 h post-challenge below the mortality threshold observed in non-primed clams (~105 copies mg⁻¹). Notably, the pathogen was detected at low but non-harmful concentrations (~102 copies mg⁻¹) in primed clams during both challenges. Full-length 16S rRNA amplicon sequencing analyses revealed that immune priming reshaped the host microbiota. Beta diversity analyses suggest the establishment of a specific bacterial community in primed clams. Clustering analyses identified a priming-associated microbiota dominated by *Acinetobacter*, *Brevundimonas*, *Sphingobium*, and *Psychrobacter*, which persisted at the end of the priming and the secondary challenge but was absent or depleted in non-primed clams. In contrast, members of Arcobacteraceae emerged only during the second challenge, decreasing in primed clams but increasing in non-primed clams in association with high mortality. This study provides the first phenotypic evidence of oral immune priming in the Manila clam, identifies a specific microbiota and detects the pathogen despite effective host protection. This offers a new perspective to address immune priming as an emergent property of dynamic interactions between the host, its microbiota, and the pathogen.

De los océanos a los ríos: la evolución divergente de los microbiomas de las esponjas

Almudena Álvarez-Fernández ¹, Andrea Corral-Lou ², Cristina Díez-Vives ¹, Carlota Gracia-Sancha ¹, Jose M Lorente-Sorolla ¹, Konstantina Mitsi ³, Ana Riesgo ¹, Sergi Taboada ¹, Marta Turon ¹

¹*Museo Nacional de Ciencias Naturales*

²*Centro Interdisciplinar de Investigação Marinha e Ambiental*

³*Instituto Español de Oceanografía (IEO-CSIC), Centro Oceanográfico de Santander*

Las esponjas ocupan una posición única entre los invertebrados debido a sus complejas relaciones simbióticas, albergando miles de taxones de bacterias, arqueas, hongos y virus. Las comunidades microbianas de esponjas de agua dulce son un reservorio inexplorado de diversidad y funciones metabólicas. Mediante secuenciación del 16S rRNA, hemos caracterizado el microbioma de 15 especies de esponjas de agua dulce (orden Spongillida), consideradas de baja abundancia microbiana (LMA) y recolectadas en diversas localizaciones, y lo comparamos con el de 38 esponjas marinas de los órdenes Scopalinida, Haplosclerida y Poecilosclerida, que incluyen tanto especies de alta abundancia microbiana (HMA) como LMA. La selección de esponjas marinas incluye especies cercanas y lejanas a Spongillida, lo que permite investigar cómo el parentesco filogenético influye en las comunidades simbióticas.

El microbioma de las esponjas de agua dulce (LMA) mostró una riqueza y diversidad más similares a las de las esponjas marinas HMA. Los microbiomas se agrupan por hábitat (marino y dulceacuícola), con una clara separación de Spongillida respecto a los órdenes marinos, que presentan solapamiento entre sí. Las comunidades microbianas de agua dulce comparten menos del 0,02% de ASVs con las marinas. Además, los ASVs compartidos presentan abundancias relativas bajas en las esponjas marinas (11,3%) y una representación mínima en las esponjas de agua dulce (1,6%), sugiriendo una reducción de su papel ecológico durante la adaptación a ambientes dulceacuícolas. Estos resultados indican un cambio en las comunidades, que podría estar vinculado a una mayor plasticidad en el reconocimiento microbiano en las esponjas de agua dulce.

Arquitectos del microbioma antártico: estrategias de supervivencia y reprogramación viral en el océano austral

Gabriel Roscales ¹, Miriam Pascual-Benito ¹, Núria Márquez-Puchol ¹, María Dolores Ramos-Barbero ¹, Daniel Aguirre de Cárcer ², Alberto Rastrojo ², Elisenda Ballesté ¹

¹*Universidad de Barcelona*

²*Universidad Autónoma de Madrid*

Los bacteriófagos desempeñan un papel fundamental en los ecosistemas marinos controlando la abundancia de poblaciones microbianas; sin embargo, sus estrategias para persistir y reprogramar el microbioma siguen siendo poco conocidas, especialmente en regiones polares. En este estudio se investiga la dinámica viral a lo largo de un gradiente latitudinal del Océano Austral (60,7°S-67,9°S), integrando viromas activos y latentes mediante un enfoque multifraccional que incluye comunidades bacterianas (libres y cultivables), viriones y provirus inducidos.

Mediante secuenciación híbrida (Illumina/ONT), se caracterizó una amplia diversidad de genomas bacterianos reconstruidos por metagenómica (MAGs) y se generó un extenso catálogo de unidades taxonómicas virales (vOTUs). El análisis funcional reveló que los fagos poseen un repertorio genético capaz de modular la fisiología del hospedador a través de tres ejes principales. En primer lugar, se identificó un amplio y diverso conjunto de genes metabólicos auxiliares (AMGs), con especial relevancia de aquellos implicados en la biosíntesis de nutrientes limitantes y en la adaptación al frío extremo. En segundo lugar, se detectaron mecanismos de evasión y defensa, como el blindaje epigenético del ADN y proteínas de protección intracelular. Por último, los viromas mostraron sistemas complejos de interacción ecológica, incluyendo la movilización de genes de resistencia, sistemas toxina-antitoxina y la interceptación de señales de quorum sensing.

En conjunto, estos resultados sugieren que los fagos antárticos tienen el potencial de regular activamente las capacidades defensivas y metabólicas de sus hospedadores, constituyendo elementos clave en la evolución y resiliencia del microbioma en ambientes extremos.

El hospedador, el ambiente y la filogenia estructuran el microbioma cutáneo de los anfibios de Palawan (Filipinas).

Marta Miñarro ¹, Almudena Álvarez ¹, Ignacio De la Riva ¹, Irene De Sosa ¹, Ana Riesgo ¹

¹MNCN-CSIC

El microbioma de la piel de los anfibios desempeña un papel fundamental en la salud del hospedador y en la dinámica de enfermedades, pero todavía está poco estudiado qué factores biológicos y ecológicos influyen en su composición y estructura. Durante 2022 y 2023, recogimos 39 muestras de 8 especies de anuros Filipinos con tres microhábitats diferentes (acuático, semiacuático y terrestre), en las que caracterizamos las comunidades bacterianas de la piel mediante metabarcoding de la región V4 del 16S rRNA. Para el análisis utilizamos un pipeline bioinformático combinando UPARSE y unoise3 para conseguir zero-radius operational taxonomic units (ZOTUs). La asignación taxonómica se realizó con SINA sobre la base de datos de SILVA 138.2, y los análisis estadísticos de ecología de comunidades con vegan en R. Encontramos que las interacciones entre el huésped y el ambiente desempeñen un papel central en la estructura del microbioma cutáneo de los anfibios en Filipinas. Además, la filogenia del anfibio contribuye a la variación a gran escala en la composición del microbioma cutáneo entre los diferentes taxones. Estos hallazgos destacan la importancia de las interacciones huésped-ambiente en la estructuración de los microbiomas cutáneos de los anfibios en Filipinas y subrayan la necesidad de estudios integrativos que vinculen comunidades microbianas, inmunidad del hospedador y cambios ambientales para comprender mejor la dinámica de enfermedades y los resultados de conservación en este hotspot de biodiversidad. En el contexto actual de prevalencia de infección por quitridiomycosis, nuestros datos componen una referencia importante para evaluar el futuro de estas comunidades.

Microbioma en oligoquetos: una perspectiva macroevolutiva de hábitats y especies

Irene de Sosa ¹, Almudena Álvarez-Fernández ¹, Marta Novo ², Sergi Taboada ¹, Ana Riesgo ¹

¹*MNCN-CSIC*

²*UCM*

Los oligoquetos (Annelida, Clitellata) se han diversificado ampliamente en hábitats acuáticos y terrestres, llegando incluso a colonizar las profundidades marinas. Esta diversidad ecológica se traduce en una amplia variedad de dietas, incluyendo especies detritívoras, carnívoras e incluso algunas que carecen de sistema digestivo. Dado que existe todavía poca información sobre el microbioma en muchos oligoquetos, persisten preguntas clave sobre su papel en la adaptación a distintos hábitats y en la adquisición de diversas estrategias tróficas. El objetivo de este trabajo es desarrollar un análisis macroevolutivo del microbioma de los oligoquetos para comprender los factores que determinan su composición y estructura, incluyendo factores filogenéticos, ambientales y su distribución geográfica. Para ello, analizamos la composición del microbioma intestinal en oligoquetos procedentes de distintos hábitats (terrestres, de agua dulce, mar profundo, antárticos y arbóreos) mediante metabarcoding de la región V4 del gen 16S rRNA. Los resultados muestran un patrón consistente de diferenciación del microbioma entre hábitats, indicando que el entorno desempeña un papel clave en la estructuración de las comunidades bacterianas. Asimismo, se detectaron diferencias significativas a nivel de especie, evidenciando un componente específico del hospedador. Además, se observaron diferencias en el potencial metabólico del microbioma entre hábitats. Por ejemplo, las comunidades terrestres fueron más limitadas y centradas en la respiración aerobia, frente a una mayor diversidad metabólica en ambientes de agua dulce, incluyendo fermentación y vías anaerobias. En conjunto, estos resultados sugieren que es necesario considerar conjuntamente factores ecológicos y evolutivos para comprender las asociaciones huésped-microbioma en este grupo.

Eventos de mortalidad de *Arca noae* en el delta del río Ebro: Potenciales patógenos asociados y microbioma.

Samira Reinoso ¹, Yanis Cruz ¹, Dolors Furones ¹, Jose Lopez ¹, Margarita Fernández-Tejedor ¹

¹IRTA

Arca noae (arca de Noé) es un bivalvo marino distribuido en el Atlántico oriental y el mar Mediterráneo con creciente interés acuícola. Recientemente se han registrado episodios de mortalidad en poblaciones naturales, incluidos bancos cercanos a cultivos de mejillón y ostra, lo que genera preocupación por posibles impactos ecológicos y sanitarios.

En este estudio se investigaron los posibles patógenos asociados a un evento de mortalidad de *A. noae* en el delta del río Ebro mediante aislamiento bacteriano, análisis de microbiota (16S rRNA), examen histopatológico y ensayos de patogenicidad. Para ello, se recolectaron 55 individuos en julio de 2022 en dos zonas: Les Cases d'Alcanar, durante un episodio de mortalidad, y L'Ampolla, donde no se registraron mortalidades. A partir de estas muestras se obtuvieron 166 aislados bacterianos, destacando *Acinetobacter* y *Enterobacter* en los individuos afectados.

El análisis de microbiota reveló una menor diversidad y una clara diferenciación entre las comunidades bacterianas de las áreas con y sin mortalidad. La microbiota asociada a mortalidad estuvo dominada por Cyanobacteria y Proteobacteria, con mayor abundancia de *Synechococcus*, *Stenotrophomonas*, *Acinetobacter* y *Enterobacter*. Paralelamente, el análisis histológico reveló alteraciones patológicas significativas en los ejemplares del episodio de mortalidad, caracterizadas por necrosis del epitelio digestivo e infiltración hemocítica difusa y necrosis del epitelio branquial, consistentes con una infección bacteriana sistémica. En los ensayos de patogenicidad con aislados representativos de *Acinetobacter* (R499) y *Enterobacter* (R488), estos provocaron mortalidades medias del 81-85% (la media de mortalidad en los controles fue del 26%), lo que respalda la asociación de estos taxones con el evento de mortalidad.

No obstante, los géneros *Synechococcus* y *Stenotrophomonas*, detectados en alta abundancia en la microbiota, podrían desempeñar un papel complementario o actuar en interacción con otros microorganismos. En conjunto, estos resultados evidencian cambios microbianos asociados a mortalidades en *A. noae* y resaltan la necesidad de estudios adicionales para confirmar el papel patogénico de cada taxón.

Variaciones alelicas y modularidad de clusters de genes actúan como cuellos de botella no lineales para la emergencia de cólera

Alicia Campos-Lopez ¹, Mario López-Pérez ¹, Deepak Balasubramanian ², Cole Crist ³, Trudy-Ann Grant ³, Jose M. Haro-Moreno ¹, Asier Zaragoza-Solas ⁴, Salvador Almagro-Moreno ²

¹*Universidad Miguel Hernández*

²*St. Jude Children's Research Hospital*

³*University of Central, Florida*

⁴*University of Vienna*

La enfermedad diarreica del cólera es causada por cepas de un grupo filogenéticamente confinado dentro de la especie *Vibrio cholerae*, el grupo pandémico de cólera (PCG). Por ello, es un sistema modelo ideal para conocer los factores que llevan a que determinadas cepas dentro de una especie emerjan como patógenos humanos.

Se realizó un análisis exhaustivo de más de 1.840 genomas de *V. cholerae* revelando que la especie consta de once grupos, siendo el PCG el más grande y ubicado dentro de una línea compartida con cepas ambientales. Esta clasificación jerárquica proporcionó un marco para desentrañar la dinámica ecoevolutiva de los determinantes genéticos asociados con la aparición de *V. cholerae* toxigénicos. Se determinó que ciertos alelos asociados a PCG son esenciales para una colonización exitosa, mientras que otros proporcionan una ventaja competitiva no lineal. Estas variaciones alélicas actúan como un cuello de botella crítico que revela la emergencia aislada de PCG proporcionando un plan manejable para el estudio de la aparición de clones patógenos dentro de una población ambiental. Por ejemplo, las cepas toxigénicas que codifican alelos no PCG de a) *tcpF* o b) un mutante de intercambio alélico sextuplo para los genes *tcpA*, *toxT*, *VC0176*, *VC1791*, *rfbT* y *ompU*, pierden su capacidad para colonizar el intestino. Curiosamente, estos alelos no influyen en la colonización de los nuevos reservorios ambientales modelo.

Nuestro estudio ayuda a desentrañar las rutas evolutivas de *V. cholerae* toxigénico ofreciendo una aproximación óptima para investigar la emergencia de clones patogénicos en una población ambiental.

Paralelismos funcionales entre la fotobacteriosis de la lubina y la infección crónica por *Mycobacterium tuberculosis*: una aproximación proteómica en condiciones reales de cultivo

Soraya Fraga Pampín ¹, Carlos Rodríguez Osorio ¹, Alba Vázquez Barca ¹

¹*Universidad de Santiago de Compostela*

Este estudio presenta un análisis proteómico integral de *Photobacterium damsela* subsp. piscicida (Pdp) durante un brote natural de fotobacteriosis en lubina (*Dicentrarchus labrax*). Se analizaron individuos de diferentes siembras y años productivos con el fin de evaluar la estabilidad temporal de las respuestas biológicas del patógeno. Los perfiles proteicos obtenidos mediante espectrometría de masas mostraron una notable consistencia interanual, lo que indica que la firma molecular asociada a la infección temprana es robusta.

El análisis funcional revela tres tácticas tempranas clave, sorprendentemente similares a las descritas en patógenos intracelulares de infección crónica como *Mycobacterium tuberculosis*:

- (1) Evasión del estallido respiratorio, mediante la modulación de rutas redox y mecanismos de neutralización de ROS.
- (2) Respuestas al estrés, incluyendo proteínas implicadas en estrés térmico, oxidativo y refolding, compatibles con las condiciones hostiles del interior del macrófago.
- (3) Reprogramación del metabolismo energético, centrada en el ciclo TCA y el metabolismo de ácidos orgánicos.

Asimismo, aunque la formación de granulomas se ha considerado tradicionalmente un indicador de infección crónica, los datos obtenidos sugieren un escenario distinto. La evidencia histopatológica y molecular indica que los granulomas pueden formarse en cuestión de días y que su aparición está estrechamente asociada a una progresión muy acelerada de la septicemia. Este hallazgo cuestiona la interpretación clásica del granuloma en fotobacteriosis y apunta a un papel más dinámico y temprano en la patogénesis.

Alteraciones en la microbiota de la almeja *Ruditapes philippinarum* en respuesta a factores de estrés ambiental

Marta Afonso Lages ¹, Miguel Balado ², Beatriz Magariños ¹, Manuel L. Lemos ¹

¹*Instituto de Investigación del Medio Acuático para una Salud Global (iARCUS), Universidad de Santiago de Compostela*

²*Centro Oceanográfico de Vigo, IEO-CSIC*

La producción de moluscos bivalvos ha disminuido en los últimos años, probablemente como consecuencia de factores ambientales asociados al cambio climático. Entre las principales fuentes de estrés se encuentran las fluctuaciones de salinidad, el aumento de la temperatura y la eutrofización, condiciones que alteran la homeostasis y pueden llegar a desencadenar eventos de mortalidad. Con el objetivo de identificar marcadores moleculares predictivos de mortalidad, se analizaron las alteraciones de la microbiota inducidas por estrés ambiental en la almeja (*Ruditapes philippinarum*). Para ello, se reprodujeron tres perturbaciones: aumento de la temperatura (15 °C frente a 20 °C), disminución de la salinidad (33‰ frente a 17‰) y eutrofización mediante la adición de un 0,5 % de glucosa. De forma particularmente relevante, los resultados muestran que las mortalidades observadas bajo estas condiciones se deben a la alteración de la microbiota comensal del bivalvo. Estas alteraciones se asocian a un descenso de la diversidad microbiana y el sobrecrecimiento de especies potencialmente patógenas, mayoritariamente del género *Vibrio*. Asimismo, se evaluaron los genes *frpA*, *abtA*, *vnpA* y *colA*, descritos como factores de virulencia en vibrios patógenos, como posibles marcadores de vibriosis. Los resultados mostraron el aumento relativo de bacterias portadoras de los genes *abtA* y *vnpA*, lo que sugiere su posible utilidad como marcadores para la detección temprana de vibriosis. En conjunto, este trabajo aporta una visión integrada de los mecanismos implicados en la mortalidad de bivalvos y sienta las bases para el desarrollo de herramientas predictivas para su monitorización sanitaria.

Descripción del microbioma de *Salpa thompsoni* en un Océano Austral en transformación

Sergio Poyatos ¹, Alicia Prior ¹, Mark Hopwood ², Camila Fernández ³, Jesse McNichol ⁴, Jed Fuhrman ⁵, Ramiro Logares ⁶, Juan Höfer ⁷, Mireia Mestre ¹

¹Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), Departamento de Biogeoquímica y Ecología Microbiana, España

²SUSTech, China

³Laboratoire d'Océanographie Microbienne (LOMIC UMR7621), Banyuls-sur-Mer, Francia

⁴Saint Francis Xavier University (StFX), Canada

⁵University of Southern California (USC), Estados Unidos de America

⁶Institut de Ciències del Mar (ICM-CSIC), España

⁷Pontificia Universidad Católica de Valparaíso (PUCV), Chile

Recientemente, los ecosistemas antárticos se han visto alterados por los efectos del Cambio Global. Entre estos cambios destaca el aumento en abundancia de *Salpa thompsoni* en regiones tradicionalmente dominadas por el krill antártico (*Euphasia superba*), una especie clave del Océano Austral. En este contexto, el estudio del microbioma de *S. thompsoni*, un tunicado con creciente relevancia en la región, puede ayudar a predecir alteraciones en las redes tróficas, el secuestro biológico de carbono y otros procesos ecológicos del ecosistema antártico. En este estudio se ha descrito el microbioma de *S. thompsoni* mediante secuenciación masiva de los genes ARNr 16S y 18S, para evaluar la diversidad microbiana procariótica y eucariótica. Los individuos fueron recolectados en las islas Orcadas del Sur, Fildes (Isla Rey Jorge) y Yelcho (Archipiélago Palmer), y posteriormente diseccionados para obtener muestras de distintas partes corporales. Nuestros resultados muestran que la riqueza y estructura de las comunidades microbianas están significativamente influenciadas por la localización geográfica y las distintas partes corporales, lo que sugiere que las condiciones ambientales y los nichos microbianos específicos del hospedador moldean la composición del microbioma de este tunicado. Asimismo, el microbioma de *S. thompsoni* se caracteriza por un claro dominio bacteriano, particularmente de los órdenes Rhodospirillales y Bacteroidales, acompañado por una predominancia de Eugregarinorida dentro de los microeucariotas. Este estudio proporciona, por primera vez, un análisis detallado del microbioma de *S. thompsoni*, ofreciendo nuevas perspectivas sobre las asociaciones microbianas que podrían influir en el éxito ecológico de esta especie en un ecosistema en rápida transformación.

Detección in vivo del sideróforo piscibactina: implicaciones para el desarrollo de sensores en acuicultura

Miguel Balado ¹, Larissa Buedenbender ², Diego Rey-Varela ³, Marta A. Lages ³, Patricia Fernández Puente ⁴, Jaime Rodríguez ², Manuel L. Lemos ³, Carlos Jiménez ²

¹*Departamento de Acuicultura y Biotecnología Azul, Centro Oceanográfico de Vigo (COV), Instituto Español de Oceanografía - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IEO-CSIC)*

²*Departamento de Química, CICA - Centro Interdisciplinar de Química e Biología, Universidad de A Coruña*

³*Departamento de Microbiología y Parasitología, Instituto de Investigación del Medio Acuático para Una Salud Global iARCUS, Universidade de Santiago de Compostela*

⁴*Medicina y Ciencias Biomédicas y CICA - Centro Interdisciplinar de Química e Biología, Universidade de A Coruña*

La vibriosis causada, entre otros, por *Vibrio anguillarum* representa una de las principales amenazas para la acuicultura, afectando gravemente a diversas especies de peces y moluscos. En este estudio se aplicó un enfoque combinado de metabolómica y proteómica para caracterizar los cambios en los tejidos de *Solea senegalensis* asociados a la infección por *V. anguillarum*. Los resultados revelaron una profunda alteración de la homeostasis del hierro junto con una reprogramación inmunometabólica del hospedador. En este contexto, la progresión de la infección se asoció con cambios significativos en rutas como la degradación de lisina, el metabolismo de nucleótidos y el metabolismo energético mitocondrial. Estos análisis nos permitieron identificar metabolitos como el ácido 2-aminoadípico, la sacaropina y el ácido metilsuccínico, junto con proteínas relacionadas con la inmunidad y el metabolismo del hierro, como marcadores robustos capaces de discriminar distintos estadios de infección. De forma más destacada, se detectó directamente en los tejidos del pez el sideróforo piscibactina, producido por *V. anguillarum* y conservado en diversas especies patógenas de Vibrionaceae, proporcionando evidencia in vivo de su papel clave en la infección. Este hallazgo posiciona a la piscibactina como un marcador específico de infección activa y abre nuevas oportunidades para el desarrollo de sensores para la detección temprana de patógenos. En conjunto, estos resultados aportan nuevos marcadores diagnósticos y establecen una base conceptual para el diseño de sensores de detección temprana basados en sideróforos, con potencial aplicación en la monitorización y control de enfermedades en acuicultura.

Relaciones virus-hospedador persistentes en comunidades predominantemente endémicas a lo largo del ciclo urbano del agua en el sureste de España

Jaime Alcorta ¹, Josefa Antón ¹, Ana-Belen Martin-Cuadrado ¹, Manuel Martínez-García ¹, Francisco Nadal-Molero ¹, Fernando Santos ¹

¹*Universidad de Alicante*

El ciclo urbano del agua abarca una red compleja de hábitats microbianos interconectados susceptibles a la influencia antrópica, aunque las entidades microbianas y virales capaces de persistir a lo largo de múltiples etapas siguen siendo poco comprendidas. Por este motivo, se analizaron 80 muestras metagenómicas y virómicas de fuentes de agua dulce, plantas de tratamiento de aguas residuales, sedimentos de lagunas costeras y agua de mar en el sureste de España, recuperando 1.852 genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs; nivel de genomoespecie) y 431.763 unidades taxonómicas operacionales virales (vOTUs), para los cuales se predijeron más de 60.000 pares virus-hospedador. El 77,3% de los vOTUs y el 80,7% de los MAGs fueron específicos de un hábitat. La mayor transferencia se observó entre aguas residuales y agua de mar (12,2% vOTUs; 5,7% MAGs) y entre agua de mar y sedimentos (8,4% vOTUs; 11,6% MAGs). El 1,1% de los vOTUs y el 0,5% de los MAGs persistieron en tres hábitats excluyendo sedimentos, con seis pares virus-hospedador consistentes en estas etapas. Estas entidades cosmopolitas fueron predominantemente Bacteroidota y Gammaproteobacteria junto con sus Caudoviricetes asociados. La integración de ligación de proximidad Hi-C con predicciones basadas en k-mers identificó nueve MAGs con asociaciones virales concordantes. Además, los vOTUs compartidos mostraron agrupamiento en redes de proteínas, sugiriendo relaciones evolutivas y estrategias de persistencia adaptativa. Estos resultados destacan cómo las actividades antrópicas movilizan microorganismos y sus virus a través de las fronteras ambientales, con amplias implicaciones para la ecología microbiana y la gestión de aguas residuales.

Bajo la túnica: microbiota y virus de las comunidades de ascidias

Víctor Blasco ¹, Elisa Arroyo ¹, Alfonso Ramos ¹, Josefa Antón ¹

¹Universidad de Alicante

La microbiota asociada a ascidias representa una fuente prometedora de compuestos bioactivos, aunque su caracterización es limitada, especialmente en estudios que integren múltiples especies con variación estacional. Entre el verano de 2023 y el de 2025, se recolectaron muestras de agua de mar y holobiontes de todas las especies de ascidias en el puerto de Alicante una vez por estación. Tras procesarlas, se extrajo ADN y se realizó metabarcoding de los genes 16S y 18S rRNA, complementado con secuenciación Oxford Nanopore de los metagenomas.

El análisis de amplicones reveló que la interacción entre estacionalidad y especie de ascidia influye significativamente en la microbiota, tanto procariota como microeucariota, y que las comunidades microbianas de las ascidias difieren significativamente de las del agua circundante. Cada especie presentó procariotas exclusivos no detectables en el agua, lo que sugiere transmisión vertical de la microbiota. Las 51 OTUs procariotas compartidas por todas las especies estuvieron dominadas por la familia Rhodobacteraceae. En contraste, ningún microeucariota fue común a todas; únicamente *Pseudovorticella* apareció en la mitad de las especies.

El análisis metagenómico identificó genes implicados en el ciclo del nitrógeno atribuibles a *Nitrosopumilus* sp., Gammaproteobacterias y Burkholderiales, así como genes de degradación de celulosa y quitina, y genes relacionados con los ciclos del azufre y el hierro. Se detectaron 998 OTUs virales, incluyendo 98 fagos –mayoritariamente de *Flavobacterium*– y 81 vOTUs ausentes en NCBI RefSeq, procedentes de muestras de ascidias. En conjunto, estos resultados ofrecen una caracterización longitudinal más completa de la microbiota asociada a ascidias.

Infiriendo relaciones causales en redes microbianas marinas

Marc Gost Palmer ¹, Clàudia González Valdivia ², Caterina Rodríguez Giner ², Vanessa Balagué ², Clara Cardelús ², Carmen García Comas ², Pedro Cermeño ², Ramon Massana ², Josep Gasol ², Mireia Mestre ³, Ramiro Logares ²

¹Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC)

²Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC)

³Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC)

Las interacciones en las comunidades microbianas marinas sustentan el funcionamiento de los ecosistemas oceánicos, al constituir la base de las redes tróficas y regular el ciclo de nutrientes. Pese a su relevancia, siguen escasamente caracterizadas. En la última década, herramientas como las redes de coocurrencia se han utilizado para inferir interacciones microbianas, aunque no permiten determinar su direccionalidad ni establecer causalidad. El Modelado Dinámico Empírico (EDM) ofrece un enfoque alternativo que permite inferir interacciones causales a partir de series temporales microbianas.

En este estudio aplicamos EDM a una serie temporal de 16 años del Observatorio Microbiano de la Bahía de Blanes (Mediterráneo noroccidental). La composición taxonómica y las abundancias relativas se determinaron mediante metabarcoding (genes 16S/18S rRNA) y metagenómica (mTags: 16S/18S rRNA; mOTUs: genes marcadores universales de copia única).

Nuestros resultados revelaron vínculos causales direccionales, mostrando que cambios en determinados taxones preceden y explican cambios en otros. Un número reducido de taxones emergió como motores causales clave del interactoma, entre ellos, Pelagibacter, Actinomarina, y el clado AEGEAN-169. Varios de ellos ejercieron una influencia elevada en la red pese a su baja abundancia relativa media, lo que indica que la relevancia de un organismo en el interactoma no está necesariamente vinculada a su dominancia en la comunidad.

En conjunto, nuestros resultados revelan la capacidad del EDM como herramienta para detectar interacciones causales en sistemas microbianos marinos e identificar taxones clave. Como próximos pasos, proponemos cuantificar la fuerza de las interacciones, evaluar la estabilidad de la red y explorar su variación estacional.

From pathobiome to parasite epidemiology: linking scales in harmful protist ecology within a Mediterranean shellfish aquaculture system

Elisabet Alacid ¹, Yanis Cruz ², Margarita Fernández-Tejedor ², Dolors Furones ², Xavier Turon ¹, Jesús Zarcero ¹

¹CEAB-CSIC

²IRTA - La Ràpita

The coastal aquaculture system of the Ebro Delta (NE Spain) supports two key commercial bivalves, *Magallana gigas* and *Mytilus galloprovincialis*, alongside a diverse community of harmful protists, including parasites, pathogens, and harmful algal bloom (HAB) taxa. This study presents an integrated approach combining community-level metabarcoding and species-specific diagnostics to characterise the protist pathobiome across temporal and spatial scales.

Using 18S rRNA metabarcoding of water and host-associated tissues collected monthly over 15 months, we characterised the diversity and ecological structuring of the protist pathobiome components. HAB assemblages were driven by seasonal factors, whereas parasite communities were structured by sample type. Water samples acted as reservoirs of protist diversity, while bivalve tissues reflected filtered, host-associated communities. Several relevant genera, including *Perkinsus*, *Bonamia*, *Haplosporidium*, and *Marteilia*, as well as toxin-producing dinoflagellates and diatoms, were consistently detected across seasons and sample types.

In parallel, a targeted multi-method approach was applied to study *Perkinsus olseni* infections in *M. galloprovincialis*, combining conventional PCR, qPCR, and histology. Infection prevalence reached 100% during spring-summer, with clear spatial variability. Phylogenetic analysis and haplotype network reconstruction of *P. olseni* isolates revealed the genetic diversity of circulating strains and their biogeographic affinities within the Mediterranean region.

These complementary approaches demonstrate how combining metabarcoding with targeted parasite diagnostics enhances the resolution of parasite ecology in aquaculture systems. These results have direct implications for the development of integrated monitoring frameworks and early warning systems aimed at reducing impacts on shellfish production and ecosystem health in coastal environments.

Exploración del potencial biotecnológico de *Priestia flexa* para la restauración de manglares bajo condiciones de hipersalinidad.

Zamira Soto ¹, Hernando Bolivar ¹, Camilo Gutiérrez ¹, Jose Martinez ², Ricardo Amils²

¹Universidad Simon Bolivar

²Universidad Autonoma de Madrid

Los manglares son ecosistemas adaptados a condiciones de estrés como la salinidad; sin embargo, alteraciones en el equilibrio hidrológico pueden generar condiciones de hipersalinidad que limitan el establecimiento y desarrollo de plántulas. En este contexto, las bacterias endófitas de plantas de manglar representan una alternativa prometedora para mejorar la tolerancia vegetal y favorecer procesos de restauración.

En este estudio se evaluó el potencial de la bacteria endófito *Priestia flexa*, aislada de un manglar del Caribe colombiano, para promover el crecimiento de plántulas de *Avicennia germinans* en condiciones controladas. Como antecedente, se destaca su capacidad para producir exopolisacáridos (EPS), su resistencia al mercurio y la presencia en su genoma de genes asociados a la tolerancia a metales pesados, lo que evidencia su potencial de adaptación a condiciones ambientales adversas.

Los propágulos fueron sometidos a desinfección superficial y establecidos en semilleros con sustrato estandarizado. Posteriormente, las plántulas fueron trasplantadas a macetas para el desarrollo del diseño experimental, que incluyó tratamientos con y sin inoculación bacteriana bajo diferentes condiciones de salinidad. La bacteria fue aplicada mediante encapsulación en alginato.

Ensayos preliminares en macetas evidenciaron una tendencia a mejorar el establecimiento y crecimiento de las plántulas en presencia de la bacteria, particularmente bajo condiciones de estrés hídrico, donde se observaron mayores valores de desarrollo radicular, número de hojas y longitud del tallo en comparación con los tratamientos sin inoculación.

Este enfoque permite evaluar el potencial de esta bacteria como bioinoculante en condiciones de estrés, aportando a estrategias sostenibles para la restauración de manglares.

RtxA de *Vibrio vulnificus*: de los dominios tóxicos a la tormenta de citoquinas

Eva Sanjuán Caro ¹, Carmen Amaro González ¹

¹Universidad de Valencia

Vibrio vulnificus es un patógeno zoonótico de peces y humanos que causa infecciones sistémicas graves asociadas a una elevada mortalidad. Aunque se han descrito múltiples factores de virulencia, la toxina MARTX (RtxA1) se propone como un determinante clave de la patogénesis. En este trabajo evaluamos, en un modelo humano, el papel de la toxina RtxA1 como modulador de la respuesta inflamatoria del huésped.

Mediante la combinación de análisis transcriptómico y cuantificación de citoquinas en suero, demostramos que RtxA1 actúa como un potente amplificador de la respuesta inflamatoria. La presencia de la toxina induce una sobrerregulación masiva de citoquinas y quimiocinas proinflamatorias, incluyendo CCL20, IL-6, IL-1 α y TNF, con niveles muy superiores a los observados en ausencia de RtxA, compatibles con un fenómeno de "tormenta de citoquinas".

El análisis integrado sugiere que esta hiperinflamación no es un efecto inespecífico, sino el resultado de la acción coordinada de los distintos dominios de la toxina. La formación de poros y el daño de membrana actúan como señal inicial de alarma, mientras que los dominios ACD y RID provocan el colapso del citoesqueleto y la desregulación de la señalización celular. Paralelamente, dominios implicados en daño mitocondrial y apoptosis fuerzan la muerte celular y amplifican la liberación de señales proinflamatorias.

En conjunto, nuestros resultados posicionan a RtxA no solo como un factor de virulencia, sino como el principal motor de una respuesta hiperinflamatoria descontrolada que probablemente subyace a la gravedad de la infección por *V. vulnificus*.

3) Microbiología aplicada en el medio acuático



Socioeconomic inequalities structure urban wastewater microbiomes and resistomes

Pamela Jael Colman-Vega ¹, Anna Pico-Tomàs ¹, Carles M. Borrego ², Lluís Corominas ¹, José Luis Balcázar ¹

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

²*grup d'Ecologia Microbiana Molecular, Institut d'Ecologia Aquàtica, Universitat de Girona*

Socioeconomic inequalities are associated with disparities in health outcomes, infectious disease burden, and antimicrobial resistance (AMR). However, it remains unclear whether these inequalities are reflected in population-level microbial community structure within shared urban sanitation systems. We investigated whether neighborhood-level income differences are associated with systematic variation in wastewater microbiomes and resistomes in Girona (Spain), a city characterized by a marked income gradient but homogeneous access to sanitation and healthcare.

Twenty-four-hour composite wastewater samples (n = 30) were collected from ten residential catchments (five high-income and five low-income neighborhoods) under dry-weather conditions. Bacterial communities, antibiotic resistance genes (ARGs), and mobile genetic elements (MGEs) were characterized using shotgun metagenomics. Socioeconomic structuring was assessed through diversity metrics, ordination analyses, and differential abundance testing.

Although taxonomic and ARG richness did not differ between income groups, clear compositional segregation was observed (PERMANOVA $R^2 \approx 0.58$; $p = 0.001$). Low-income neighborhoods exhibited lower Shannon diversity of gut-associated bacteria and were enriched in opportunistic and clinically relevant genera, including *Cronobacter*, *Enterobacter*, *Salmonella*, and *Veillonella*. These areas were also enriched in multidrug and fluoroquinolone resistance genes (i.e., *acrA*, *sdiA*, *qnrB23*). In contrast, high-income neighborhoods showed higher resistome diversity and greater relative abundance of genes conferring resistance to β -lactams, aminoglycosides, and tetracyclines.

Our findings demonstrate that socioeconomic inequalities generate detectable microbial and resistance signatures within a shared urban sewer network, highlighting neighborhood-scale wastewater surveillance as a scalable, non-invasive approach to assess AMR-related health inequities.

El rol de los genomas microbianos como centinelas de la calidad del agua en la ría de Vigo

Alejandro Rodríguez-Gijón ¹, Aide Lasa ², Rafael Laso-Pérez ¹

¹*Departamento de Biogeoquímica y Ecología Microbiana, Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC)*

²*Departamento de Ecología y Biología Animal, Universidad de Vigo*

Los microorganismos constituyen una gran fracción de la biomasa global y actúan como impulsores de los ciclos biogeoquímicos y del funcionamiento de los ecosistemas. Por ello, las comunidades microbianas funcionan como centinelas del impacto humano. Para investigar los efectos de las actividades humanas en zonas urbanas en las comunidades microbianas, seleccionamos la bahía de Vigo (noroeste de España) como sistema modelo.

Se recogieron ocho muestras de agua para secuenciación metagenómica a diversas profundidades en tres puntos diferentes de la ría. Reconstruimos 345 genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAG) de calidad media-alta, clasificados en dos filos de arqueas (Thermoproteota y Thermoplasmata) y siete de bacterias (Actinomycetota, Bacteroidota, Cyanobacteriota, Marinisomatota, Planctomycetota, Pseudomonadota y Verrucomicrobiota). Los MAGs se agruparon en 112 clústeres a nivel de especie (ANI >95%), representando un 49,4% de las lecturas. Mientras que los análisis de redes de coocurrencia revelan cambios en la composición de la comunidad microbiana acorde a gradientes de salinidad y profundidad, los índices de diversidad (Simpson y Shannon) indican una mayor riqueza de especies en zonas pre-urbanas respecto a las muestras recolectadas durante y aguas abajo del área urbana.

Complementariamente, predijimos genes de resistencia a los antimicrobianos (ARGs) y observamos que los más abundantes (TaeA, TxR, RanA, bcrA y macB) se clasifican como bombas de eflujo de antibióticos tipo ABC, alcanzando abundancias de hasta 22 RPKM. Una mayor caracterización de la diversidad y abundancia de los ARGs en el estuario de Vigo ilustrará cómo las ciudades dan forma a las comunidades microbianas en ecosistemas costeros.

Microorganismos en pausa: estudio de tiempos extendidos para análisis microbiológicos en agua

Merit Del Rocio Mora Ruiz ¹, Pilar Caballero ², Alba Crespo Mazagatos ¹, Lucila Cuberos Gomez ³, Carlos Esparza Liberal ⁴, Belen Galofre Porcar ⁵, Izaskun Martínez Pizarro ⁶, Pedro Pablo Morillas Bravo ¹, Maria Dolores Muñoz Frutos ⁷, Eva María Rodríguez ⁸, Guadalupe Sastre Salas ⁹, Inma Solis Andrés ¹⁰

¹Canal de Isabel II

²EMATSA

³EMASESA

⁴Consortio de Aguas de Bilbao Bizkaia

⁵Aigues de Barcelona

⁶AGQ

⁷AQUALIA

⁸LABAQUA

⁹GLOBALOMNIUM

¹⁰IPROMA

En el control microbiológico del ciclo integral del agua, los tiempos establecidos para el análisis pueden verse condicionados por limitaciones operativas en la planificación analítica como la disponibilidad de personal y carga de trabajo. Sin embargo, desde el punto de vista microbiológico, las muestras de agua contienen sistemas vivos dinámicos lo que implican susceptibilidad a modificaciones en la estructura microbiana cuando las condiciones de conservación como el tiempo, se modifican. Estas potenciales alteraciones a su vez pueden afectar la fiabilidad del resultado analítico. El presente estudio plantea un enfoque técnico para validar tanto la conservación prolongada de las muestras antes del análisis como la lectura diferida microbiológica, con el objetivo de ampliar la flexibilidad operativa sin comprometer la calidad de los resultados. El diseño experimental contempla el uso de diferentes matrices representativas del ciclo integral del agua (aguas de consumo, continentales, regeneradas, residuales, entre otras) y el análisis es aplicable una amplia variedad de microorganismos de interés sanitario, ambiental y operacional, incluyendo indicadores clásicos. El estudio, llevado a cabo en diferentes laboratorios de España, abarca la evaluación de la concordancia categórica cualitativa y cualitativa. Los resultados preliminares indican que, bajo condiciones controladas, es posible mantener la integridad microbiológica de las muestras y la fiabilidad de los resultados más allá de los tiempos tradicionalmente establecidos. Finalmente, el diseño experimental propuesto permite establecer criterios internos para validar tiempos extendidos de conservación, ofreciendo una alternativa técnica sólida para laboratorios que requieren mayor adaptabilidad sin comprometer la conformidad técnica ni la calidad analítica.

Los pili tipo IV incrementan el encuentro con fagos en cianobacterias marinas

Nieves M. Navarrete-López ¹, Álvaro Sánchez-Carabantes ¹, Jose M. Haro-Moreno ², Mario López-Pérez ², María del Mar Aguiló-Ferretjans ¹, Richard J. Puxty ³, David J. Scanlan ³, Joseph A. Christie-Oleza ¹

¹*Department of Biology, University of the Balearic Islands, Palma, Spain*

²*Microbial Genomics and Evolution Group, Universidad Miguel Hernández, Alicante, Spain*

³*School of Life Sciences, University of Warwick, Coventry, UK.*

Los pili tipo IV son apéndices extracelulares bacterianos con funciones ecológicas diversas. En cianobacterias marinas planctónicas, se ha demostrado recientemente que favorecen la flotabilidad y reducen la depredación por grazers, con implicaciones en la bomba biológica de carbono y en el microbial loop. Sin embargo, su producción también conlleva costes ecológicos. En este trabajo mostramos que los pili aumentan la susceptibilidad a la infección por fagos en cianobacterias marinas. Mediante microscopía electrónica, observamos fagos adheridos a lo largo de toda la longitud de los pili, lo que indica que estos filamentos amplían el radio efectivo de encuentro viral en ambientes limitados por difusión. Ensayos de competencia entre cepas piliadas y no piliadas de *Synechococcus* revelaron una clara desventaja selectiva para las células piliadas en presencia de fagos, ya que fueron rápidamente eliminadas de poblaciones mixtas. Además, observamos que las interacciones fago-pili no siempre son productivas: los fagos también pueden unirse al pili de huéspedes no permisivos o a fragmentos de pili desprendidos, lo que podría ralentizar su propagación al reducir la fracción de viriones libres. Este patrón también parece relevante en el medio natural, ya que, aunque solo el 14,7% de los SAGs de cianobacterias codifican pili, esta proporción asciende al 28,1% entre las células infectadas por virus. En conjunto, nuestros resultados revelan que los pili tipo IVs son estructuras de doble filo que modulan la dinámica de infección y podrían ayudar a explicar su distribución variable y la elevada diversidad de pilinas en poblaciones naturales.

Medio cromogénico para la enumeración de Escherichia coli y coliformes totales en muestras de agua de 100 mL: validación de un nuevo kit basado en NMP como alternativa a la norma ISO 9308-2

Anicet Blanch ¹

¹*Universitat de Barcelona*

La detección y cuantificación de Escherichia coli es un parámetro esencial en el control microbiológico de la calidad del agua requerido por directivas internacionales como la Directiva Europea de Agua Potable (2020/2184) y la regulación europea 2020/741 de reutilización del agua, así como en diversas regulaciones nacionales. La norma ISO 9308-2 establece un método de cuantificación de E.coli en todo tipo de aguas mediante el método del Número Más Probable (NMP) basándose en un sustrato fluorogénico (4-metilumbeliferil- β -D-glucuronido, MUG) para detectar la actividad β -D-glucuronidasa, característica de esta especie. Sin embargo, este enfoque requiere irradiación UV a 365 nm para la lectura, lo que implica riesgos laborales y la necesidad de equipamiento adicional.

En este estudio se presenta el kit ENUMERA[®]-Coli para la detección y cuantificación de E. coli y coliformes totales en 100 mL de agua. El kit incorpora un medio cromogénico que sustituye al MUG por un derivado del ácido glucurónico, generando un cambio de color verde visible con luz ambiental. Además, el medio está integrado en una tapa de botella con liberación sellada por giro, reduciendo el riesgo de contaminación durante la preparación.

El método se validó frente a ISO 9308-2 con 120 muestras de cinco matrices de agua. Ambos métodos mostraron resultados estadísticamente equivalentes para E. coli y coliformes totales. ENUMERA[®]-Coli alcanzó una sensibilidad del 100 %, alta especificidad y selectividad, excelente linealidad y exactitud aceptable, demostrando ser una alternativa robusta, segura y operativamente más sencilla que el método de referencia.

Optimización de la detección de virus emergentes en aguas del Parque Natural de la Albufera

Carla Perpiñá ¹, Azahara Diaz ¹, Violeta García ¹, Inés Girón ¹, Andrea Lopez de Mota ¹, Alba Pérez ¹, Pablo Puchades ¹, Gloria Sánchez ¹

¹CSIC

La barrancada ocurrida en Valencia en octubre de 2024, intensificó la contaminación microbiológica del Parque Natural de la Albufera, comprometiendo la calidad de las aguas y pudiendo repercutir en la calidad virológica de los alimentos producidos en la zona. Además, el seguimiento de la presencia de patógenos virales en este ecosistema puede servir para controlar la diseminación de virus emergentes. En el presente estudio se compararon metodologías de concentración de aguas superficiales con el objetivo de determinar la más adecuada para detectar virus presentes con mayor sensibilidad.

Las aguas superficiales fueron inoculadas con diferentes virus y se evaluaron cinco metodologías de concentración. A partir de los concentrados obtenidos se extrajeron los ácidos nucleicos (Maxwell[®]RSC). La cuantificación de virus se realizó mediante RT-qPCR. Los métodos considerados más óptimos se utilizaron para procesar muestras frescas de aguas superficiales recogidas mensualmente.

El método de precipitación con cloruro de aluminio mostró los mayores porcentajes de recuperación de los virus inoculados, obteniéndose un 76% para norovirus genogrupo II (NoV GII) y un 15% para el virus de la hepatitis A (HAV). Sin embargo, este procedimiento solo permite concentrar 0,2 L de agua, limitando la detección de virus presentes en bajas concentraciones. Por otro lado, la ultrafiltración con cartuchos REXEED-25 también ofreció resultados adecuados, con porcentajes de recuperación de 15% para HAV y 7% para NoV GII, y permite procesar mayores volúmenes de agua (>5L). Con ambos procedimientos se logró detectar virus entéricos humanos en muestras de aguas de la Albufera.

Los pili tipo IV moldean las interacciones depredador-presa en las redes tróficas microbianas marinas

Álvaro Sánchez-Carabantes ¹, Mar Aguiló-Ferretjans ¹, Joseph Alexander Christie-Oleza ¹, Nieves Navarrete-López ¹

¹*Universitat de les Illes Balears*

Los pili tipo IV son estructuras extracelulares producidas por picocianobacterias marinas para evitar su hundimiento y posicionarse en la columna de agua. En este trabajo exploramos una función adicional: su papel en la resistencia frente a la depredación por protistas. Para ello, comparamos la cepa salvaje (WT) de *Synechococcus* sp. WH7803, que produce pili, con un mutante sin pili (Δ pili), utilizando como depredador modelo el flagelado heterótrofo *Cafeteria burkhardae*. A lo largo de distintos experimentos, el seguimiento por citometría de flujo mostró de forma consistente que la cepa WT resiste mejor la depredación que el mutante. Este patrón se acentúa cuando la proporción de presas respecto al depredador es superior a 1000:1 y se mantiene a concentraciones celulares ambientalmente relevantes. En cocultivos mixtos WT- Δ pili, cuantificados mediante qPCR, observamos que la presencia de células con pili también puede beneficiar a celular no piliadas, lo que sugiere un efecto colectivo de protección bajo presión de depredación. Las observaciones mediante microscopía electrónica apuntan a un mecanismo físico: los pili interfieren con la captura de la presa al enredarse con el flagelo del depredador y dificultando el proceso de ingestión. Además, los resultados con una colección de protistas marinos - de diferentes tamaños y estrategias de predación - sugieren que el efecto protector de pili es genérico frente a la depredación, aunque su intensidad varía según el tipo de organismo. En conjunto, nuestros resultados señalan que los pili tipo IV podrían ser un rasgo multifuncional con implicaciones relevantes en las interacciones microbianas y la dinámica trófica del océano.

Reordenamiento genómico del virus de la necrosis nerviosa en adaptación al aumento de la temperatura

Mafalda González-Sequeiros¹, Isabel Bandín¹, José G. Oliveira¹, Sandra Souto¹

¹*Instituto de Investigación del Medio Acuático para Una Salud Global (iARCUS)*

El virus de la necrosis nerviosa (VNN) es el agente causante de la necrosis nerviosa viral, enfermedad que afecta a la producción piscícola marina. El VNN posee un genoma ARN bisegmentado y se clasifica en los genotipos BFNNV, RGNNV, SJNNV y TPNNV, aunque también se han detectado recombinantes naturales. Los cuatro genotipos muestran una marcada termotolerancia que determina su distribución geográfica, pero la temperatura del agua es un parámetro ambiental notablemente influenciado por el calentamiento global. En este trabajo se ha estudiado el potencial efecto del aumento de temperatura sobre la coexistencia de los dos genotipos detectados en el Mediterráneo (RGNNV y SJNNV). Se coinfectaron cepas tipo de ambos genotipos a temperaturas crecientes, y la progenie resultante fue aislada mediante clonación y genotipada por RT-qPCR. El rango de 15 a 25 °C favoreció la replicación del ARN1 del SJNNV, mientras que los niveles de ARN2 fueron similares para ambos genotipos, como evidenció la formación de progenie SJNNV y recombinantes SJNNV/RGNNV. El aumento de temperatura a 30 °C dio lugar a un predominio de progenie de genotipo RGNNV y recombinantes RGNNV/SJNNV, aunque también se encontró reordenamiento SJNNV/RGNNV. Nuestros resultados muestran que la interacción entre genotipos es termodependiente y ofrecen información sobre el riesgo potencial de formación de nuevas variantes debido al incremento de la temperatura ambiental donde coexisten ambos genotipos.

Celdas de electrólisis microbianas como herramienta de biorremediación de contaminantes orgánicos y bioproducción de hidrógeno en medio marino

Maria Fernández-Altamira ¹, Júlia Grande-Martí ¹, Isabel Sanz-Sáez ², Naiara Berrojalbiz ¹, Roger Amade ³, Stefanos Chaitoglou ³, Marta Gual ³, Jordi Dachs ¹, Maria Vila-Costa ¹

¹IDAEA-CSIC

²UMEA

³UB

Actualmente, el uso de numerosos químicos sintéticos está ampliamente extendido en la industria, la agricultura y los productos de consumo. Gran parte de estos compuestos termina en el medio ambiente y los océanos. Entre estos, los más persistentes, bioacumulativos y tóxicos, como PAHs (hidrocarburos aromáticos policíclicos) y OPEs plastificantes y retardantes de llama (ésteres de fosfato orgánico) suponen una amenaza para los ecosistemas marinos. Estudios previos han identificado la biodegradación como la principal vía de eliminación de estos contaminantes.

En este proyecto, se ha aprovechado el potencial degradativo del metabolismo bacteriano marino, aplicándolo a las tecnologías MEC (celda de electrólisis microbiana), con un enfoque biorremediativo y de producción simultánea de hidrógeno. Se ha desarrollado un prototipo de MEC adaptado al medio marino que integra un ánodo de fieltro de carbono colonizado por consorcios microbianos degradadores de PAHs y OPEs, y un cátodo nanoestructurado basado en nanomuros de grafeno dopados con paladio. El biofilm anódico mostró un comportamiento electroactivo estable, alcanzando densidades de corriente de hasta $0,75 \text{ mA cm}^{-2}$. La adición de PAHs y OPEs mantuvo la actividad bioelectroquímica, confirmando su uso como fuente de carbono y electrones. Aunque se observó degradación electroquímica en ausencia de actividad biológica, la presencia del biofilm incrementó la corriente catódica y la degradación de los compuestos más persistentes, evidenciando la sinergia entre biodegradación y producción de hidrógeno.

En conjunto, este estudio demuestra el potencial de integrar MEC marinas con electrodos nanoestructurados y comunidades microbianas para una estrategia sostenible de descontaminación y generación de H_2 .

Prevalencia de genes de resistencia a colistina en el agua residual de cinco ciudades españolas

Victoria Dávila ¹, Anna Pico-Tomàs ², Alexandre Sànchez-Melsió ², José Luís Balcázar ², Ailette Prieto ³, Lubertus Bijlsma ⁴, José Benito Quintana ⁵, Cristina Postigo ⁶, Rocío Bonansea ⁷, Carles Borrego ²

¹*Universitat de Girona*

²*Institut Català de Recerca de l'Aigua (ICRA)*

³*Universidad del País Vasco*

⁴*Universitat Jaume I*

⁵*Universidad de Santiago de Compostela*

⁶*Universidad de Granada*

⁷*Instituto de Diagnosis Ambiental e Investigación del Agua (IDAEA-CSIC)*

La colistina es un antibiótico de último recurso y, como tal, la aparición de resistencias constituye un grave problema de salud pública. En 2015, se identificó el primer gen relacionado con la resistencia a este antibiótico, *mcr1*, y desde este momento se empezó a analizar en muestras ambientales y clínicas. Además, en los últimos años se han descrito otras variantes génicas dentro de la familia *mcr* (Mobile Colistin Resistance) que agravan el problema. En este trabajo hemos optimizado ensayos de qPCR con el objetivo de cuantificar tres variantes del gen *mcr* (*mcr3*, *mcr4* y *mcr5*) y determinar su circulación en la población de cinco ciudades españolas (Barcelona, Bilbao, Castelló, Granada y Santiago de Compostela) en 2024 y 2025 a través de sus aguas residuales. Los genes *mcr3*, *mcr4* y *mcr5* se detectaron en todas las muestras analizadas (excepto una para *mcr4*), mientras que *mcr1* se mantuvo por debajo de los límites de detección y cuantificación para varias muestras. El rango de su abundancia absoluta para *mcr3*, *mcr4* y *mcr5* fue similar (10E2-10E5), mientras que para *mcr1* fue inferior (entre 10E1-10E2). Estos resultados sugieren que la variante *mcr1* ha disminuido su abundancia a favor de otras variantes, y que centrar la vigilancia en este gen puede subestimar la prevalencia de la resistencia a la colistina entre la población.

Detección del nuevo gen *npmC* que confiere resistencia a aminoglicósidos en aguas residuales y purines de España

Carles Borrego ¹, Alexandre Sànchez-Melsió ¹, Anna Pico ¹, Pamela Jael Colman ¹, José Luí Balcázar ¹

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

Recientemente, se ha descrito y caracterizado una nueva metiltransferasa del ARN ribosómico 16S (A1408) que confiere resistencia a los aminoglicósidos. La enzima está codificada en una nueva variante génica (*npmC*) que se identificó en 22 metagenomas obtenidos de muestras fecales humanas (2, China, 2015), aves de corral (15, China, 2016) y estiércol porcino (5, Canadá, 2019). Para evaluar la posible circulación de *npmC* entre humanos y animales, se diseñaron cebadores de qPCR para monitorizar su abundancia en aguas residuales y muestras fecales de diferentes orígenes, algunas de las cuales recogidas años antes de la descripción de esta nueva variante. Tras analizar 358 muestras entre 2016 y 2026 (aguas residuales urbanas, hospitalarias y de mataderos, purines porcinos, heces de aves migratorias y sedimentos de lagunas urbanas), se detectó *npmC* en 34 muestras (9,5%) en concentraciones que oscilaron entre $1,8 \times 10^2$ y $8,9 \times 10^5$ copias/mL. De estas 34 muestras positivas, 28 (82%) correspondieron a aguas residuales humanas (24 urbanas y 4 de hospitales), 4 (12%) a muestras fecales de animales, y 2 (6%) a sedimentos de lagunas urbanas. Nuestros resultados demuestran que el gen *npmC* circula entre la población humana sin haberse registrado hasta la fecha ningún caso clínico. Además, nuestro estudio confirma la utilidad de la epidemiología basada en las aguas residuales como herramienta de alerta temprana para rastrear la circulación de nuevas variantes génicas antes de su aparición en entornos clínicos.

Caracterización y abundancia de indicadores fecales y *Vibrio* spp. asociados a microplásticos marinos

Laura Migliorato ¹, Elisenda Ballesté Pau ¹, Maksodha Khanom Jutey ¹, Carla Martínez-Vallcorba Piñeiro ¹, Anna Sanchez-Vidal ¹

¹Universitat de Barcelona

Durante las últimas décadas, la presencia de plásticos en el medio marino ha generado preocupación por su papel como sustratos para microorganismos. Sobre ellos se forman biopelículas conocidas como 'plastisfera', capaces de albergar bacterias patógenas y representar un riesgo para la salud pública y los ecosistemas. El objetivo de este estudio fue evaluar si los microplásticos pueden actuar como vehículos de patógenos bacterianos. Se recolectaron plásticos mediante una red de arrastre en la costa: 8 muestras cercanas a la playa obtenidas con una tabla de paddle y 10 situadas entre 2 y 8 km mar adentro, recogidas desde embarcación. Se analizó la presencia de potenciales patógenos e indicadores fecales, como *Vibrio* spp., enterococos fecales y *Escherichia coli*, mediante métodos de cultivo y técnicas moleculares.

Las bacterias cultivables se cuantificaron en medios selectivos (TCBS para *Vibrio*, agar Enterococci para enterococos y Chromocult para *E. coli* y coliformes), y parte de las colonias se identificó por secuenciación Sanger del gen 16S ARNr. Además, se determinaron abundancias totales, *E. coli* y enterococos mediante qPCR.

Los microplásticos mostraron abundancias de *Vibrio* superiores a 10^3 UFC/mm². Los enterococos fecales se detectaron en el 70% de las muestras (2,14 UFC/mm²) y *E. coli* en el 54% ($1,09 \cdot 10^1$ UFC/mm²), con incrementos tras episodios de lluvia. La qPCR reveló cargas bacterianas totales de hasta $8,51 \cdot 10^6$ gc/mm², y los análisis moleculares confirmaron la presencia de indicadores fecales con variabilidad espacial.

Estos resultados amplían el conocimiento sobre la plastisfera y alertan sobre riesgos potenciales para la salud global.

Estudio de las comunidades microbianas de agua y sedimentos marinos en Bahía Margarita, Antártida

Núria Márquez-Puchol ¹, Marc Cerdà i Domènech ², Gabriel Roscales ¹, Miriam Pascual Benito ³, Carlos Angulo-Preckler ⁴, Elisenda Ballesté ¹

¹*Departamento de Genética, Microbiología y Estadística, Facultad de Biología, Universitat de Barcelona (UB)*

²*Departamento de Dinámica de la Tierra y del Océano, Facultad de Ciencias de la Tierra, Universitat de Barcelona (UB)*

³*Departamento de Biología, Sanidad y Medio Ambiente, Facultad de Farmacia, Universitat de Barcelona (UB)*

⁴*Marine Science Program, Biological and Engineering Division (BESE), King Abdullah University of Science and Technology (KAUST)*

El 71% de la superficie terrestre está cubierta por océanos, cuyos sedimentos constituyen un ecosistema complejo y poco explorado. Estos albergan comunidades microbianas muy diversas, esenciales en los ciclos biogeoquímicos y condicionadas por la columna de agua. Además, los sedimentos actúan como reservorio de contaminantes químicos persistentes y como archivos del pasado ambiental. La Antártida es considerada una de las regiones más prístinas del planeta, con bajo impacto antropogénico.

En este estudio, se investigaron las comunidades microbianas y la distribución de metales en sedimentos y agua de Bahía Margarita (Península Antártica). Se obtuvieron dos testigos mediante multicorer para el análisis de microorganismos, metales, nutrientes, granulometría y datación por ²¹⁰Pb. Se recogieron muestras de agua en cuatro puntos y tres profundidades utilizando una roseta con botellas Niskin y CTD. Las comunidades bacterianas se analizaron en dos tamaños de filtro (3µm y 0,22µm). La abundancia microbiana se evaluó mediante qPCR y la composición por secuenciación masiva del gen 16SrRNA. La distribución elemental y la concentración de metales se determinaron mediante XRF e ICP-MS.

Los resultados muestran una disminución en la abundancia de microorganismos con el aumento de la profundidad en los sedimentos, desde 2,11·10¹⁰cg/g hasta 2,85·10⁷cg/g de PS en los 30cm de profundidad. En las capas superficiales predomina Pseudomonadota, mientras que Chloroflexi aumenta en profundidad. En el agua, Pseudomonadota es mayoritario y en las aguas profundas se encuentra Planctomycetota, también presente en sedimentos pero ausente en aguas superficiales. En cuanto a los metales, los más abundantes fueron cromo, cobre, cobalto y plomo.

Relación entre la estructura de las comunidades microbianas y el destino de los contaminantes marinos

Maria Vila-Costa ¹, Naiara Berrojalbiz ¹, Maria Paula Carrillo ¹, Jessica Patrone ¹, Clara Serrano ¹, Júlia Grande ¹, Maria Fernandez ¹, Jordi Dachs ¹

¹IDAEA-CSIC

La persistencia de contaminantes orgánicos sintéticos en el medio marino representa una amenaza creciente para el funcionamiento de los ecosistemas y la estabilidad de los ciclos biogeoquímicos bajo escenarios de cambio global. Las comunidades microbianas desempeñan un papel central en la transformación de estos compuestos, aunque los mecanismos que controlan su degradación y los efectos ecológicos de su exposición siguen siendo poco conocidos.

En este estudio se investigan las interacciones bidireccionales entre microorganismos marinos y contaminantes orgánicos emergentes, utilizando las sustancias perfluoroalquiladas y polifluoroalquiladas (PFAS) y los ésteres organofosforados (OPEs) como familias de contaminantes representativas. Mediante la combinación de análisis químicos avanzados, enfoques de genómica microbiana y caracterización fisiológica, se evalúa cómo distintas comunidades microbianas con estrategias ecológicas contrastadas –vida libre, asociación a partículas y asociación a hospedadores– contribuyen a la transformación de compuestos antropogénicos.

Asimismo, se analiza el impacto de estos contaminantes sobre la composición, actividad y organización de las comunidades microbianas, así como su capacidad para reconfigurar redes ecológicas y funciones microbianas relevantes para el funcionamiento del océano. Los resultados proporcionan nuevos conocimientos sobre los procesos microbianos que determinan el destino ambiental de contaminantes emergentes y sobre los efectos recíprocos de la contaminación en la dinámica de los ecosistemas microbianos marinos.

Antibióticos y microplásticos: efecto de un vertido medioambientalmente relevante sobre comunidades microbianas acuáticas

Elena Fernández González ¹, Ángeles Cid Blanco ¹, Francisca Fernández Piñas ², Miguel González Pleiter ², Carmen Rioboo Blanco ¹, Juan Manuel Valenzuela Lázaro ²

¹Universidad de Coruña, Grupo de Biología Costera (BioCost), Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Zapateira, 15071 A Coruña, España

²Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma de Madrid, E-28049, Madrid, España

Los antibióticos y microplásticos son contaminantes emergentes frecuentemente detectados en sistemas acuáticos, cuya presencia representa una presión creciente que amenaza la biodiversidad y estructura de las comunidades microbianas. En este estudio se evaluó el efecto de un vertido medioambientalmente relevante de microplásticos y una mezcla de los antibióticos azitromicina, ciprofloxacina y trimetoprim, tanto de forma conjunta como individual, sobre comunidades microbianas aisladas del embalse Abegondo-Cecebre (A Coruña, Galicia). La estructura de la comunidad microbiana se caracterizó mediante metabarcoding del gen 16S rRNA, analizando su diversidad alfa y beta, la abundancia diferencial de los taxones, y mediante el método Biolog Ecoplate, estudiando la actividad metabólica y diversidad funcional. Los resultados muestran que la mezcla de antibióticos redujo significativamente la diversidad filogenética (Faith PD), evidenciando una pérdida de complejidad de las comunidades microbianas. La diversidad beta mostró cambios significativos en composición microbiana (Aitchison, Bray-Curtis, UniFrac y weighted UniFrac), atribuibles exclusivamente a los antibióticos. El análisis de abundancia diferencial reveló cambios en la abundancia de taxones específicos inducidos por la mezcla de antibióticos, mostrando descensos en *Aquabacterium*, *Aquidulcibacter* y *Azonexus*, y aumentos en *Novosphingobium* y *Flavobacterium*. Los microplásticos no mostraron efectos significativos sobre la estructura de las comunidades microbianas. En cuanto a la diversidad funcional, los antibióticos redujeron la actividad metabólica global e indujeron una reorganización metabólica en las comunidades microbianas. Por último, destacar que el empleo de concentraciones medioambientalmente relevantes aproxima estos resultados a escenarios reales de contaminación acuática, aportando una visión más precisa del impacto de estos contaminantes en sistemas acuáticos.

Influencia de la temperatura en la replicación de distintas cepas de IPNV

Emma González Rosales ¹, Carmen López Vázquez ¹, José Gabriel Olveira Hermida ¹, Carlos Pereira Dopazo ¹, Sandra Souto Pereira ¹

¹iARCUS

El virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) (género Aquabirnavirus; familia Birnaviridae) es causante de altas mortalidades e importantes pérdidas económicas, principalmente en la acuicultura de salmónidos. Es un virus icosaédrico sin envuelta, cuyo genoma está constituido por dos segmentos de ARN bicatenario: el segmento A, codifica proteínas estructurales y no estructurales, y el segmento B, que codifica la ARN polimerasa dependiente de ARN. En un entorno climático cada vez más inestable, comprender cómo el aumento de la temperatura del agua influye en la replicación de estos virus permitirá conocer sus mecanismos de adaptación y evolución. En este trabajo, se analizó la replicación de tres variantes genéticas de IPNV (WB, Sp y C1) en células CHSE-214 a tres temperaturas diferentes (15, 20 y 25 °C). Se estudió la producción viral a diferentes tiempos post infección, mediante titulación en placa y se cuantificaron los segmentos genómicos empleando cebadores y sondas específicos diseñados para cada variante. Nuestros resultados mostraron que la cepa WB presentó una mayor capacidad de adaptación y replicación a las tres temperaturas. Por el contrario, en la variante C1 se observó una clara preferencia por las temperaturas más bajas. Sp replicó mejor a 15 y 20 °C, similar a C1, y además evidenció una producción viral más tardía.

Presencia de *Legionella* spp. y *L. pneumophila* en sistemas de tratamiento biológico de aguas residuales urbanas

Rosa M. Araujo ¹, Ayalkibet Hundesa ¹, Eduardo Ferrandis ¹, Javier Mendez ¹

¹Universitat de Barcelona

Este estudio analiza la presencia del género *Legionella* y de la especie *L. pneumophila* en estaciones depuradoras de aguas residuales urbanas del noreste de España, un entorno donde su abundancia ha sido poco estudiada. La legionelosis, causada principalmente por *L. pneumophila*, presenta una incidencia creciente en España y en Europa, lo que hace relevante evaluar posibles fuentes ambientales. Las EDARs con tratamiento biológico, debido a sus condiciones de temperatura, nutrientes y presencia de protozoos, podrían favorecer la proliferación de *Legionella*, aunque su detección mediante cultivo es difícil por la competencia microbiana.

Se analizaron distintas EDARs mediante qPCR, a partir de muestras de agua recogidas en las etapas de tratamiento primario, reactor biológico y efluente secundario. Adicionalmente, en una de las estaciones se tomaron muestras de aire. *Legionella* spp. se detectó de forma recurrente en los decantadores primarios alcanzando concentraciones que pueden superar 3×10^6 CG/L. La abundancia de *L. pneumophila* también se cuantificó, pero con menor frecuencia y concentraciones más bajas. En los reactores biológicos, las concentraciones fueron superiores tanto para *Legionella* spp. como para *L. pneumophila*. Y en los efluentes secundarios también se detectó la presencia de *Legionella*, aunque con frecuencias y concentraciones menores, lo que indica su potencial liberación al medio en ausencia de un tratamiento de desinfección. Finalmente, en el aire de una de las plantas también se detectó *Legionella* spp.

Los resultados confirman que las EDAR pueden actuar como reservorios de *Legionella* lo que subraya la necesidad de monitorización sistemática para evaluar y mitigar riesgos para la salud pública.

Evaluación de *Pseudomonas* spp. e indicadores bacteriológicos de la calidad del agua en lagunas de alta montaña de los Andes venezolanos

Roxana Gajardo¹, Paula Suárez², Rosamar Lugo³, Andreina Bendayan³, Iván Vílchez⁴, Milibeth Granados⁵, Milagro Fernández-Delgado³

¹Centro Venezolano de Colecciones de Microorganismos, Instituto de Biología Experimental, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela. Caracas, Venezuela.

²Departamento de Biología de Organismos, Universidad Simón Bolívar. Caracas, Venezuela.

³Laboratorio de Bionanotecnología, Centro de Ingeniería de Materiales y Nanotecnología, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas. Miranda, Venezuela.

⁴Centro Nacional de Investigación de Pesca y Acuicultura (CENIPA). Zulia, Venezuela.

⁵Escuela de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela. Caracas, Venezuela.

El género *Pseudomonas* destaca por su versatilidad metabólica y plasticidad genética con amplia distribución en suelos y aguas, donde actúa como patógeno de plantas, animales y humanos. Esta investigación evaluó *Pseudomonas* spp. y la calidad bacteriológica de cinco lagunas andinas venezolanas de alta montaña (>3500 msnm). Las muestras de agua, recolectadas en mayo/2024 (período de lluvias), se analizaron mediante cultivo, ensayos de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), secuenciación y filogenia para aislar e identificar *Pseudomonas*. Además, se cuantificaron coliformes totales y fecales por el método del número más probable (NMP). De 21 cultivos en medios nutritivos y diferenciales, cinco aislados representativos de todas las lagunas resultaron positivos al crecimiento en agar Cetrimide, producción de pigmentos, pruebas bioquímicas y PCR del 16S ARNr específicas al género. La comparación de secuencias de estos aislados con la base de datos del GenBank arrojó especies patógenas: *P. putida* (99,86-99,93%) y *P. aeruginosa* (99,43%) para humanos y *P. corrugata* (99,15%) para plantas, así como *P. taiwanensis* (99,42%) con propiedades biotecnológicas. Adicionalmente, el árbol filogenético demostró sus afiliaciones con *P. putida*, *P. aeruginosa*, *P. corrugata*, *P. fluorescens* y *P. taiwanensis*. Las concentraciones de coliformes totales (111->1600 NMP/100 mL) y fecales (2-116 NMP/100 mL) fueron superiores en lagunas con mayor actividad turística y agropecuaria, evidenciando susceptibilidad a contaminación fecal. Nuestros hallazgos amplían el conocimiento sobre la distribución de *Pseudomonas* y la calidad bacteriológica de estos ecosistemas de alta fragilidad y biodiversidad de Venezuela para la implementación de medidas de conservación y su uso sustentable.

Vías evolutivas y flexibilidad ecológica en genomas altamente reducidos dentro de la familia Nanosalinaceae

Asunción Turpín-Gómez ¹, Jose Manuel Haro-Moreno ¹, Juan José Roda-García ¹, Mario López-Pérez ¹

¹Universidad Miguel Hernández

Las arqueas nanohalófilas de la familia Nanosalinaceae habitan ambientes hipersalinos y se caracterizan por presentar genomas reducidos y capacidades metabólicas limitadas. Estos organismos constituyen un modelo clave para investigar las claves del éxito en condiciones de vida mínima e interacciones simbióticas microbianas. Sin embargo, su estudio se ha visto dificultado por su probable dependencia de otros microorganismos, asociada a un estilo de vida epibionte, y por la ausencia de cultivos puros axénicos.

Para recuperar la diversidad genómica de estos microorganismos, en este estudio hemos aplicado por primera vez metagenómica de tercera generación a muestras procedentes de las salinas de Santa Pola (Alicante, España), con una salinidad del 32%. Se reconstruyeron un total de 120 genomas ensamblados de metagenomas (MAGs), de los cuales 44 pertenecen a la familia Nanosalinaceae y corresponden mayoritariamente a nuevas especies putativas. Entre ellos destacan los géneros *Nanosalinarum* (28 MAGs), *Nanosalina* (10) y *Nanohalobium* (6). El análisis genómico reveló tamaños genómicos reducidos comprendidos entre 1,1 Mb y 1,3 Mb así como una capacidad metabólica limitada, con ausencia de rutas completas para la síntesis de aminoácidos y vitaminas, dependiendo de la captación de nutrientes mediante transportadores y la generación de energía mediante la glucólisis.

En conjunto, nuestros resultados indican que los miembros de la familia Nanosalinaceae presentan distintos grados de reducción genómica y dependencia ecológica, lo que pone de manifiesto la flexibilidad incluso de los genomas arqueanos más reducidos.

Cure4Aqua: Desarrollo y evaluación de una vacuna híbrida bivalente frente a la necrosis nerviosa viral (VNN) en lenguado (*Solea senegalensis*)

Diego Rey-Varela ¹, Sandra Souto ¹, Lucía Vázquez-Salgado ¹, Ana Salgueiro-Lago ¹, Antón Barreiro-Iglesias ¹, Natalia Barreiro-Piñeiro ², Jose Martinez-Costas ², Isabel Bandín ¹

¹*Instituto de Investigación del Medio Acuático para Una Salud Global (iARCUS), Universidade de Santiago de Compostela (USC), 15782 Santiago de Compostela, Spain*

²*Centro Singular de Investigación en Química Biológica y Materiales Moleculares (CiQUS), USC*

La vacunación es la estrategia principal en la prevención de enfermedades de etiología viral en acuicultura. Sin embargo, factores clave como la presentación del antígeno, el método de administración y la concentración antigénica deben considerarse cuidadosamente para obtener sistemas efectivos de inmunización. Además, debido a las características particulares del sistema inmunitario de los peces, las vacunas deben diseñarse y evaluarse específicamente para cada especie objetivo. En el marco del proyecto europeo Cure4Aqua desarrollamos una vacuna para la prevención de una de las enfermedades virales más preocupantes en la piscicultura marina del Sur de Europa, la encefalopatía y retinopatía viral (ERV), causada por el virus de la necrosis nerviosa (VNN). Actualmente no existen tratamientos eficaces y la diversidad de genotipos dificulta la protección, ya que no se genera inmunidad cruzada. Por este motivo, se diseñó una vacuna, basada en una proteína de la cápside híbrida que incorpora los epítomos de los dos genotipos más prevalentes en la Península Ibérica, RGNNV y SJNNV. Los resultados de la evaluación indican que su administración en postlarvas y juveniles de lenguado estimuló el reclutamiento de neutrófilos a las 48 h postvacunación y generó anticuerpos específicos frente a ambos genotipos tras una dosis de refuerzo. Además, el análisis de expresión diferencial de genes empleando RNA-seq evidenció una activación de genes relacionados con la respuesta inmune, lo que demuestra la capacidad del sistema inmunitario del lenguado para ser estimulado mediante vacunación en etapas tempranas

Comparación de metagenómica de segunda y tercera generación para la vigilancia epidemiológica en aguas residuales

Rosa Hernández-Oriola ¹, César Barbuzana-Armas, Jose M Haro-Moreno ², Mario López-Pérez ², M. Adela Yáñez ³

¹Universidad Miguel Hernández; Lobaqua SAU

²Universidad Miguel Hernández

³Lobaqua SAU

La vigilancia epidemiológica de aguas residuales se ha consolidado como una herramienta clave para el monitoreo de la salud pública, permitiendo la detección de patógenos de interés y contaminantes emergentes, como genes de resistencia a antibióticos (ARG). Sin embargo, las tecnologías tradicionales, como el cultivo o la qPCR, presentan limitaciones en términos de sensibilidad, resolución y aplicabilidad en campo. La metagenómica de segunda y, más recientemente, tercera generación permite superar estas limitaciones proporcionando una caracterización más completa del microbioma y del resistoma ambiental.

En este contexto, el presente estudio se diseñó para evaluar y comparar el rendimiento de ambas tecnologías en el análisis de muestras metagenómicas de aguas residuales. Se recogieron muestras en cuatro puntos estratégicos asociados a una Estación Depuradora de Aguas Residuales (EDAR): la entrada de la EDAR, la salida, un punto previo a la descarga de las aguas regeneradas en el río y un punto aguas abajo de la descarga.

Este diseño permitió analizar el impacto de ambas tecnologías, lecturas largas (PacBio) y ensamblaje de lecturas cortas (Illumina), aplicadas sobre la misma muestra. Esta comparación mostró que la secuenciación de 3ª generación, debido a su longitud media típica de 10kb, es capaz de identificar, con mayor resolución, el resistoma asociado tanto al core-genoma como al flexible, tal como plásmidos, integrones o bacteriófagos. El objetivo de este estudio es, por tanto, optimizar las bases metodológicas de la metagenómica aplicada a la vigilancia epidemiológica de aguas residuales.

Recarga gestionada de acuíferos mediante barreras reactivas como estrategia sostenible para la reutilización del agua y la reducción de ARGs

Ona Costa Parés¹, Verónica D. Sala Lopez¹, Helga Núñez Chapela¹, Paula A. Beltrán Jiménez², Paola Sepúlveda¹, Cristina Valhondo³, Lurdes Martínez-Landa⁴, Jesús Carrera³, Montserrat Folch¹, Miriam Pacual-Benito¹, Lucero A. Ochoa Altamirano¹, Cristina García-Aljaro¹

¹Universitat de Barcelona

²IDAEA-CSIC, Universitat de Barcelona

³IDAEA-CSIC

⁴UPC

La reutilización del agua resulta esencial para mitigar la presión sobre los recursos hídricos por el crecimiento poblacional, el cambio climático, la sobreexplotación y la contaminación de los recursos de agua dulce. La recarga gestionada de acuíferos utilizando aguas residuales tratadas, conocida como tratamiento suelo-acuífero (SAT), se destaca como una solución sostenible basada en la naturaleza, que mejora la calidad del agua de los efluentes y contribuyendo al aumento de las reservas subterráneas. La incorporación de barreras reactivas en los lechos de infiltración se ha propuesto para aumentar la eliminación de contaminantes mediante procesos fisicoquímicos y biológicos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficiencia de dos sistemas SAT con barreras reactivas compuestas por materiales orgánicos e inorgánicos y diferentes plantas: *Typha* sp. en la barrera 1 (B1) y plantas autóctonas en la barrera 2 (B2). Se analizó la mejora de la calidad microbiológica del agua tratada, incluyendo la eliminación de genes de resistencia a antibióticos (ARGs) (*tetW*, *sul1* y *blaTEM*) y ARBs, durante la recarga del acuífero del Baix Camp. Se tomaron muestras de agua antes y después del SAT, así como del agua subterránea, y se monitorearon las barreras a distintas profundidades para evaluar la dinámica de los contaminantes. Ambos sistemas mostraron reducciones significativas de ARGs y ARB durante más de 500 días, con un desempeño ligeramente superior en B1. Estos resultados evidencian el potencial de los sistemas SAT con barreras reactivas como estrategia sostenible para la reutilización del agua y la eliminación de ARGs.

HORARIO

Día 10 de Junio

14:00-16:00

Registro

16:00-16:30

Ceremonia de apertura

16:30-17:30

A1 - Plasticidad microbiana frente a cambios ambientales y antropogénicos

16:30 - Rafael María Bargiela Bargiela - Colonización de plásticos por comunidades microbianas durante la transición desde las aguas residuales de una planta de tratamiento al mar

16:45 - Júlia Grande Martí - Impacto de los contaminantes orgánicos antropogénicos sobre las comunidades microbianas del Mar Báltico

Flash talks

17:00 - Javier Ortiz Rivero - Urban effluents override desiccation legacy and reshape bacterial diversity and composition in stream biofilms

17:05 - Esther Díaz Arinero - Efecto de la preincubación térmica en la detectabilidad de *Vibrio* spp. en aguas marinas y residuales del Mediterráneo

17:10 - Elena Hernández del Amo - Dinámica temporal de comunidades microbianas marinas en partículas modelo

17:15 - Ana Alexandra da Costa Ribeiro - Estudio de los cambios estacionales en la microbiota del mejillón en las rías gallegas: herramienta para la vigilancia sanitaria

17:20 - Carmina Rodríguez Fernández - Resistencia antimicrobiana en bacterias psicrófilas de aguas costeras antárticas: evidencia de resistomas en ecosistemas extremos.

17:25 - 5 minutos de preguntas

17:30-18:00

Café

18:00-19:45

A2 - Patógenos en acuicultura

18:00 - Elisabet Alacid Fernández - From pathobiome to parasite epidemiology: linking scales in harmful protist ecology within a Mediterranean shellfish aquaculture system

18:15 - Marta Carolina Afonso Lages - Alteraciones en la microbiota de la almeja *Ruditapes philippinarum* en respuesta a factores de estrés ambiental

18:30 - Soraya Fraga Pampín - Paralelismos funcionales entre la fotobacteriosis de la lubina y la infección crónica por *Mycobacterium tuberculosis*: una aproximación proteómica en condiciones reales de cultivo

18:45 - Miguel Balado Dacosta - Detección in vivo del sideróforo piscibactina: implicaciones para el desarrollo de sensores en acuicultura

19:00 - Javier Dubert - Immune Priming Reshapes the Microbiota and Modulates Pathogen Dynamics in the Manila clam (*Ruditapes philippinarum*)

19:15 - Diego Rey Varela - Cure4Aqua: Desarrollo y evaluación de una vacuna híbrida bivalente frente a la necrosis nerviosa viral (VNN) en lenguado (*Solea senegalensis*)

19:20 - Mafalda González Sequeiros - Reordenamiento genómico del virus de la necrosis nerviosa en adaptación al aumento de la temperatura

Día 11 de Junio

9:00-9:45

B1 - Microbiomas asociados a floraciones y dinámica del fitoplancton

9:00 - **Isabel Ferrera Ceada** - Perspectivas metagenómicas sobre las floraciones de cianobacterias en una laguna costera eutrofizada, el Mar Menor

9:15 - **Nuria Fernández González** - Identificación de biomarcadores microbianos asociados a proliferaciones fitoplanctónicas en sistemas de afloramiento costero.

9:30 - **Eva Teira** - Facilitative interaction between the toxigenic dinoflagellate *Alexandrium minutum* and its associated bacteria

9:45-10:45

B2 - Vigilancia microbiológica y epidemiológica en aguas residuales y ambientales

Flash talks

9:45 - **Rosa María Araujo Boira** - Presencia de *Legionella* spp. y *L. pneumophila* en sistemas de tratamiento biológico de aguas residuales urbanas

9:50 - **Victòria Dávila** - Prevalencia de genes de resistencia a colistina en el agua residual de cinco ciudades españolas

9:55 - **Rosa Hernández Oriola** - Comparación de metagenómica de segunda y tercera generación para la vigilancia epidemiológica en aguas residuales

10:00 - **Carla Perpiñá Gómez** - Optimización de la detección de virus emergentes en aguas del Parque Natural de la Albufera

10:05 - **Laura Migliorato** - Caracterización y abundancia de indicadores fecales y *Vibrio* spp. asociados a microplásticos marinos

10:10 - **5 minutos de preguntas**

10:15 - **Merit del Rocío Mora Ruiz** - Microorganismos en pausa: estudio de tiempos extendidos para análisis microbiológicos en agua

10:20 - **Emma González Rosales** - Influencia de la temperatura en la replicación de distintas cepas de IPNV

10:25 - **Anicet R. Blanch Gisbert** - Medio cromogénico para la enumeración de *Escherichia coli* y coliformes totales en muestras de agua de 100 mL: validación de un nuevo kit basado en NMP como alternativa a la norma ISO 9308-2

10:30 - **Paula Suárez** - Evaluación de *Pseudomonas* spp. e indicadores bacteriológicos de la calidad del agua en lagunas de alta montaña de los Andes venezolanos

10:35 - **5 minutos de preguntas**

10:40-11:15

Patrocinadores + Foto de grupo

11:15-11:45

Café

11:45-13:15

B3 - Diversidad microbiana

- 11:45 - **Pablo Sánchez Fernández** - Profiling the Arctic sea ice microbiome with in situ long-read metagenomics
12:00 - **Enrique Monzón Vázquez** - Explorando la diversidad de Microascaceae en sedimentos fluviales de la cuenca mediterránea
12:15 - **Ana Isabel López Archilla** - Microbial Diversity and Function in Microbial Mats of Inland Shallow Saline Lakes in Spain
12:30 - **Cintha Cristina Bravo Morocho** - Impactos del cambio global en el microbioma y el funcionamiento del sedimento fluvial y del suelo de ribera en ríos temporales.

Flash talks

- 12:45 - **Morgane Blanot Goosens** - (Paleo)metagenómica oceánica: buscando respuestas de los microorganismos al cambio climático.
12:50 - **Víctor López Maroto** - Metabarcoding and Metagenomic Profiling of Microbial Communities in Las Tablas de Daimiel National Park (Spain).
12:55 - **Isabel Martínez Moreal** - Patrones de diversidad y redes ecológicas microbianas en floraciones del Océano Austral mediante ADN ambiental
13:00 - **Diego Esteban Jiménez Lalana** - Unraveling halophilic community structure and resilience through ASV-level correlation networks
13:05 - **Daniel Guerra Mateo** - Sedimentos marinos: una fuente de nuevos linajes fúngicos con interés biotecnológico
13:10 - **5 minutos de preguntas**

13:15-14:15

Comida

14:15-15:30

B4 - Virus

- 14:15 - **Nieves María Navarrete López** - Los pili tipo IV incrementan el encuentro con fagos en cianobacterias marinas
14:30 - **Álvaro Sánchez Carabantes** - Los pili tipo IV moldean las interacciones depredador–presa en las redes tróficas microbianas marinas
14:45 - **Manuel Martínez García** - ¿Son los obeliscos marinos una reminiscencia de la vida temprana en la tierra?
15:00 - **Gabriel Roscales García** - Arquitectos del Microbioma Antártico: Estrategias de Supervivencia y Reprogramación Viral en el Océano Austral

Flash talks

- 15:15 - **Beatriz Diez Moreno** - Diversidad viral e interacciones virus–hospedero en tapetes microbianos del campo geotermal El Tatio, Chile
15:20 - **Jaime Alcorta Loyola** - Relaciones virus-hospedador persistentes en comunidades predominantemente endémicas a lo largo del ciclo urbano del agua en el sureste de España
15:25 - **5 minutos de preguntas**

15:30-16:00

Café

16:00-17:30

Visita guiada al MNCN

17:30-18:00

B5 - Interacciones microorganismos-huésped

Flash talks

17:30 - **Sergio Poyatos Iglesias** - Descripción del microbioma de *Salpa thompsoni* en un Océano Austral en transformación

17:35 - **Samira Reinoso Rodríguez** - Eventos de mortalidad de *Arca noae* en el delta del río Ebro: Potenciales patógenos asociados y microbioma.

17:40 - **Marta Miñarro Rodríguez** - El hospedador, el ambiente y la filogenia estructuran el microbioma cutáneo de los anfibios de Palawan (Filipinas).

17:45 - **Eva Sanjuan Caro** - RtxA de *Vibrio vulnificus*: de los dominios tóxicos a la tormenta de citoquinas

17:50 - **5 minutos de preguntas**

B6 - Mecanismos evolutivos que moldean los microorganismos

18:00-18:30

18:00 - **Asunción Turpín Gómez** - Vías evolutivas y flexibilidad ecológica en genomas altamente reducidos dentro de la familia Nanosalinaceae

18:15 - **Alicia López Campos** - Variaciones alelicas y modularidad de clusters de genes actúan como cuellos de botella no lineales para la emergencia de cholera

Desde las
18:30

Evento social - Megatercio

Día 12 de Junio

09:00-10:00

C1 - Resistoma de medios acuáticos

09:00- **Alejandro Rodríguez-Gijón** - El rol de los genomas microbianos como centinelas de la calidad del agua en la ría de Vigo

09:15 - **Ona Costa Parés**- Recarga gestionada de acuíferos mediante barreras reactivas como estrategia sostenible para la reutilización del agua y la reducción de ARGs

09:30 - **Pamela Jael Colman Vega** - Socioeconomic inequalities structure urban wastewater microbiomes and resistomes

09:45 - **Carles Borrego Moré** - Detección del nuevo gen npmC que confiere resistencia a aminoglicósidos en aguas residuales y purines de España

10:00-11:00

C2 - Ciclos biogeoquímicos

10:00 - **Pedro Romero Tena** - Anaerobic oxidation of methane supports a minimal microbial community in a Subsurface Biofilm at Ginsburg Mud Volcano

10:15 - **Cristian Villena** - Rol de la fotosíntesis anoxigénica en el ciclo del carbono

10:30 - **Albert Bosch** - Prevalence and activity of nitrogen-fixing bacteria from the deep ocean

10:45- **Laura Gomez-Consarnau** - Más allá de la clorofila: integración de la fotoheterotrofia basada en proteorodopsinas en el ciclo del carbono

11:00-11:30

Café

11:30-12:00

Asamblea

12:00-13:30

C3 - Simbiosis y organización funcional del microbioma en animales acuáticos

12:00 - **Marta Turón Rodrigo** - Phagocytosis of microbial symbionts supports embryonic nutrition in the sponge *Halichondria panicea*

12:15 - **Almudena Álvarez Fernández** - Un filo, dos mundos: contrastes en el microbioma de esponjas marinas y esponjas de agua dulce

12:30- **Víctor Blasco Birlanga** - Bajo la túnica: microbiota y virus de las comunidades de ascidias

12:45 - **Alicia Prior** - Exploring the functionality of the Antarctic krill microbiome

13:00 - **Iker Irisarri Aedo** - Skin microbiome reflects habitat divergence in amphibious combtooth blenny fish (*Teleostei*, *Blenniidae*)

13:15 - **Irene de Sosa Carrasco** - Microbioma en oligoquetos: una perspectiva macroevolutiva de hábitats y especies

13:30-14:30

Comida

14:30-15:30

C4 - Contaminantes emergentes y su interacción con los microorganismos

- 14:30 - **María Vila Costa** - Relación entre la estructura de las comunidades microbianas y el destino de los contaminantes marinos
- 14:45 - **Elena Fernández González** - Antibióticos y microplásticos: efecto de un vertido medioambientalmente relevante sobre comunidades microbianas acuáticas
- 15:00 - **María Fernández Altimira** - Celdas de electrólisis microbianas como herramienta de biorremediación de contaminantes orgánicos y bioproducción de hidrógeno en medio marino
- 15:15 - **Núria Márquez Puchol** - Estudio de las comunidades microbianas de agua y sedimentos marinos en Bahía Margarita, Antártida

15:30-16:00

C5 - La genómica como herramienta en la microbiología acuática

- 15:30 - **María Álvarez Arévalo** - Exploración genómica de *Pseudoalteromonas*: nuevas rutas hacia metabolitos con potencial antitumoral
- 15:45 - **Marc Gost Palmer** - Infiriendo relaciones causales en redes microbianas marinas

16:00-16:30

Café

16:30-17:45

C5 - La genómica como herramienta en la microbiología acuática

- 16:30 - **Alba Mata González** - Explorando el papel ecológico y funcional de las vesículas extracelulares bacterianas a lo largo del estuario del Río Guadalquivir
- 16:45 - **Carmen Molina Pardines** - Exploración del pangenoma ambiental de microorganismos marinos mediante metagenómica de lecturas largas
- 17:00 - **Silvia González Ancinas** - Prokaryotic Diversity and Microbial Metal Sentinels in Antarctic Lagoon Sediments
- 17:15 - **Carlos Rodríguez Osorio** - Más allá del hallazgo original: proliferación global de los plásmidos VBR1 revelada mediante búsqueda actualizada de GenBank y análisis retrospectivo de colecciones históricas
- 17:30 - **Juan Pierella Karlusich** - Integración de genotipos, morfotipos y seascapes satelitales en comunidades de plancton costero del sur de Florida, EE. UU.

17:45-18:45

Clausura y entrega de premios

20:30-22:30

Cena de Gala

Ponentes

(por orden alfabético)

Ponente	Título	Sesión	Día	Hora	Charla
Alba Mata González	Explorando el papel ecológico y funcional de las vesículas extracelulares bacterianas a lo largo del estuario del Río Guadalquivir	C5	12/06/2026	16:30	10 min
Albert Bosch	Prevalence and activity of nitrogen-fixing bacteria from the deep ocean	C2	12/06/2026	10:30	10 min
Alejandro Rodríguez-Gijón	El rol de los genomas microbianos como centinelas de la calidad del agua en la ría de Vigo	C1	12/06/2026	9:00	10 min
Alicia López Campos	Variaciones alelicas y modularidad de clusters de genes actúan como cuellos de botella no lineales para la emergencia de cholera	B6	11/06/2026	18:15	10 min
Alicia Prior	Exploring the functionality of the Antarctic krill microbiome	C3	12/06/2026	12:45	10 min
Almudena Álvarez Fernández	Un filo, dos mundos: contrastes en el microbioma de esponjas marinas y esponjas de agua dulce	C3	12/06/2026	12:15	10 min
Álvaro Sánchez Carabantes	Los pili tipo IV moldean las interacciones depredador–presa en las redes tróficas microbianas marinas	B4	11/06/2026	14:30	10 min
Ana Alexandra da Costa Ribeiro	Estudio de los cambios estacionales en la microbiota del mejillón en las rías gallegas: herramienta para la vigilancia sanitaria	A1	10/06/2026	17:15	5 min
Ana Isabel López Archilla	Microbial Diversity and Function in Microbial Mats of Inland Shallow Saline Lakes in Spain	B3	11/06/2026	12:15	10 min
Anicet R. Blanch Gisbert	Medio cromogénico para la enumeración de Escherichia coli y coliformes totales	B2	11/06/2026	10:25	5 min
Asunción Turpín Gómez	Vías evolutivas y flexibilidad ecológica en genomas altamente reducidos dentro de la familia Nanosalinaceae	B6	11/06/2026	18:00	10 min
Beatriz Diez Moreno	Diversidad viral e interacciones virus–hospedero en tapetes microbianos del campo geotermal El Tatio, Chile	B4	11/06/2026	15:15	5 min
Carla Perpiñá Gómez	Optimización de la detección de virus emergentes en aguas del Parque Natural de la Albufera	B2	11/06/2026	10:00	5 min
Carles Borrego Moré	Detección del nuevo gen npmC que confiere resistencia a aminoglicósidos en aguas residuales y purines de España	C1	12/06/2026	9:45	10 min
Carlos Rodríguez Osorio	Más allá del hallazgo original: proliferación global de los plásmidos VBR1 revelada mediante búsqueda actualizada de GenBank y análisis retrospectivo de colecciones históricas	C5	12/06/2026	17:15	10 min
Carmen Molina Pardines	Exploración del pangenoma ambiental de microorganismos marinos mediante metagenómica de lecturas 10 mins	C5	12/06/2026	16:45	10 min
Carmina Rodríguez Fernández	Resistencia antimicrobiana en bacterias psicrófilas de aguas costeras antárticas: evidencia de resistomas en ecosistemas extremos	A1	10/06/2026	17:20	5 min
Cintha Cristina Bravo Morocho	Impactos del cambio global en el microbioma y el funcionamiento del sedimento fluvial y del suelo de ribera en ríos temporales	B3	11/06/2026	12:30	10 min



Cristian Villena	Rol de la fotosíntesis anoxigénica en el ciclo del carbono	C2	12/06/2026	10:15	10 min
Daniel Guerra Mateo	Sedimentos marinos: una fuente de nuevos linajes fúngicos con interés biotecnológico	B3	11/06/2026	13:05	5 min
Diego Esteban Jiménez Lalana	Unraveling halophilic community structure and resilience through ASV-level correlation networks	B3	11/06/2026	13:00	5 min
Diego Rey Varela	Cure4Aqua: Desarrollo y evaluación de una vacuna híbrida bivalente frente a la necrosis nerviosa viral	A2	10/06/2026	19:15	10 min
Elena Fernández González	Antibióticos y microplásticos: efecto de un vertido medioambientalmente relevante sobre comunidades microbianas acuáticas	C4	12/06/2026	14:45	10 min
Elena Hernández del Amo	Dinámica temporal de comunidades microbianas marinas en partículas modelo	A1	10/06/2026	17:10	5 min
Elisabet Alacid Fernández	From pathobiome to parasite epidemiology: linking scales in harmful protist ecology within a Mediterranean shellfish aquaculture system	A2	10/06/2026	18:00	10 min
Emma González Rosales	Influencia de la temperatura en la replicación de distintas cepas de IPNV	B2	11/06/2026	10:20	5 min
Enrique Monzón Vázquez	Explorando la diversidad de Microascaceae en sedimentos fluviales de la cuenca mediterránea	B3	11/06/2026	12:00	10 min
Esther Díaz Arinero	Efecto de la preincubación térmica en la detectabilidad de Vibrio spp. en aguas marinas y residuales del Mediterráneo	A1	10/06/2026	17:05	5 min
Eva Sanjuan Caro	RtxA de Vibrio vulnificus: de los dominios tóxicos a la tormenta de citoquinas	B5	11/06/2026	17:50	5 min
Eva Teira	Facilitative interaction between the toxigenic dinoflagellate Alexandrium minutum and its associated bacteria	B1	11/06/2026	9:30	10 min
Gabriel Roscales García	Arquitectos del Microbioma Antártico: Estrategias de Supervivencia y Reprogramación Viral en el Océano Austral	B4	11/06/2026	15:00	10 min
Iker Irisarri Aedo	Skin microbiome reflects habitat divergence in amphibious combtooth blenny fish (Teleostei, Blenniidae)	C3	12/06/2026	13:00	10 min
Irene de Sosa Carrasco	Microbioma en oligoquetos: una perspectiva macroevolutiva de hábitats y especies	C3	12/06/2026	13:15	10 min
Isabel Ferrera Ceada	Perspectivas metagenómicas sobre las floraciones de cianobacterias en una laguna costera eutrofizada, el Mar Menor	B1	11/06/2026	9:00	10 min
Isabel Martínez Moreal	Patrones de diversidad y redes ecológicas microbianas en floraciones del Océano Austral mediante ADN ambiental	B3	11/06/2026	12:55	5 min
Jaime Alcorta Loyola	Relaciones virus-hospedador persistentes en comunidades predominantemente endémicas a lo largo del ciclo urbano del agua en el sureste de España	B4	11/06/2026	15:20	5 min
Javier Dubert	Immune Priming Reshapes the Microbiota and Modulates Pathogen Dynamics in the Manila clam	A2	10/06/2026	19:00	10 min
Javier Ortiz Rivero	Urban effluents override desiccation legacy and reshape bacterial diversity and composition in stream biofilms	A1	10/06/2026	17:00	5 min
Juan Pierella Karlusich	Integración de genotipos, morfotipos y seascapes satelitales en comunidades de plancton costero del sur de Florida, EE. UU.	C5	12/06/2026	17:30	10 min
Júlia Grande Martí	Impacto de los contaminantes orgánicos antropogénicos sobre las comunidades microbianas del Mar Báltico	A1	10/06/2026	16:45	10 min
Laura Gomez-Consarnau	Más allá de la clorofila: integración de la fotoheterotrofia basada en proteorodopsinas en el ciclo del carbono	C2	12/06/2026	10:45	10 min
Laura Migliorato	Caracterización y abundancia de indicadores fecales y Vibrio spp. asociados a microplásticos marinos	B2	11/06/2026	10:05	5 min



Mafalda González Sequeiros	Reordenamiento genómico del virus de la necrosis nerviosa en adaptación al aumento de la temperatura	A2	10/06/2026	19:20	10 min
Manuel Martínez García	¿Son los obeliscos marinos una reminiscencia de la vida temprana en la tierra?	B4	11/06/2026	14:45	10 min
Marc Gost Palmer	Infiriendo relaciones causales en redes microbianas marinas	C5	12/06/2026	15:45	10 min
María Álvarez Arévalo	Exploración genómica de Pseudoalteromonas: nuevas rutas hacia metabolitos con potencial antitumoral	C5	12/06/2026	15:30	10 min
María Fernández Altimira	Celdas de electrólisis microbianas como herramienta de biorremediación de contaminantes orgánicos y bioproducción de hidrógeno en medio marino	C4	12/06/2026	15:00	10 min
María Vila Costa	Relación entre la estructura de las comunidades microbianas y el destino de los contaminantes marinos	C4	12/06/2026	14:30	10 min
Marta Carolina Afonso Lages	Alteraciones en la microbiota de la almeja <i>Ruditapes philippinarum</i> en respuesta a factores de estrés ambiental	A2	10/06/2026	18:15	10 min
Marta Miñarro Rodríguez	El hospedador, el ambiente y la filogenia estructuran el microbioma cutáneo de los anfibios de Palawan (Filipinas)	B5	11/06/2026	17:40	5 min
Marta Turón Rodrigo	Phagocytosis of microbial symbionts supports embryonic nutrition in the sponge <i>Halichondria panicea</i>	C3	12/06/2026	12:00	10 min
Merit del Rocío Mora Ruiz	Microorganismos en pausa: estudio de tiempos extendidos para análisis microbiológicos en agua	B2	11/06/2026	10:15	5 min
Miguel Balado Dacosta	Detección in vivo del sideróforo piscibactina: implicaciones para el desarrollo de sensores en acuicultura	A2	10/06/2026	18:45	10 min
Morgane Blanot Goosens	(Paleo)metagenómica oceánica: buscando respuestas de los microorganismos al cambio climático	B3	11/06/2026	12:45	5 min
Nieves María Navarrete López	Los pili tipo IV incrementan el encuentro con fagos en cianobacterias marinas	B4	11/06/2026	14:15	10 min
Nuria Fernández González	Identificación de biomarcadores microbianos asociados a proliferaciones fitoplanctónicas en sistemas de afloramiento costero	B1	11/06/2026	9:15	10 min
Núria Márquez Puchol	Estudio de las comunidades microbianas de agua y sedimentos marinos en Bahía Margarita, Antártida	C4	12/06/2026	15:15	10 min
Ona Costa Parés	Recarga gestionada de acuíferos mediante barreras reactivas como estrategia sostenible para la reutilización del agua y la reducción de ARGs	C1	12/06/2026	9:15	10 min
Pablo Sánchez Fernández	Profiling the Arctic sea ice microbiome with in situ long-read metagenomics	B3	12/06/2026	11:45	10 min
Pamela Jael Colman Vega	Socioeconomic inequalities structure urban wastewater microbiomes and resistomes	C1	12/06/2026	9:30	10 min
Paula Suárez	Evaluación de <i>Pseudomonas</i> spp. e indicadores bacteriológicos de la calidad del agua en lagunas de alta montaña de los Andes venezolanos	B2	11/06/2026	10:30	5 min
Pedro Romero Tena	Anaerobic oxidation of methane supports a minimal microbial community in a Subsurface Biofilm at Ginsburg Mud Volcano	C2	12/06/2026	10:00	10 min
Rafael María Bargiela Bargiela	Colonización de plásticos por comunidades microbianas durante la transición desde las aguas residuales de una planta de tratamiento al mar	A1	10/06/2026	16:30	10 min
Rosa Hernández Oriola	Comparación de metagenómica de segunda y tercera generación para la vigilancia epidemiológica en aguas residuales	B2	11/06/2026	9:55	5 min
Rosa María Araujo Boira	Presencia de <i>Legionella</i> spp. y <i>L. pneumophila</i> en sistemas de tratamiento biológico de aguas residuales urbanas	B2	11/06/2026	9:45	5 min



Samira Reinoso Rodríguez	Eventos de mortalidad de Arca noae en el delta del río Ebro: Potenciales patógenos asociados y microbioma	B5	11/06/2026	17:35	5 min
Sergio Poyatos Iglesias	Descripción del microbioma de Salpa thompsoni en un Océano Austral en transformación	B5	11/06/2026	17:30	5 min
Silvia González Ancinas	Prokaryotic Diversity and Microbial Metal Sentinels in Antarctic Lagoon Sediments	C5	11/06/2026	17:00	10 min
Soraya Fraga Pampín	Paralelismos funcionales entre la fotobacteriosis de la lubina y la infección crónica por Mycobacterium tuberculosis	A2	10/06/2026	18:30	10 min
Víctor Blasco Birlanga	Bajo la túnica: microbiota y virus de las comunidades de ascidias	C3	12/06/2026	12:30	10 min
Víctor López Maroto	Metabarcoding and Metagenomic Profiling of Microbial Communities in Las Tablas de Daimiel National Park (Spain)	B3	11/06/2026	12:50	5 min
Victòria Dávila	Prevalencia de genes de resistencia a colistina en el agua residual de cinco ciudades españolas	B2	11/06/2026	9:50	5 min
Zamira Soto Varela	Exploración del potencial biotecnológico de Priestia flexa para la restauración de manglares bajo condiciones de hipersalinidad	B5	11/06/2026	17:45	5 min



GRACIAS!



