

## D1

### Distribución de agentes de micosis subcutáneas en suelos y plantas del Estado de Puebla, México

Alejandra Paula Espinosa Taxis, Miriam Díaz Hernández, Patricia Jiménez Morales y Fabiola Avelino Flores

*Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Puebla, México. E-mail: alejandra.espinosa@correo.buap.mx*

Los hongos y actinomicetos microscópicos, como agentes asociados a infecciones en el ser humano, se encuentran ampliamente distribuidos en la naturaleza. Con la finalidad de conocer la distribución natural de los principales agentes etiológicos de micosis subcutáneas y actinomicetoma en el estado de Puebla, se realizó el aislamiento de los microorganismos responsables a partir de suelo y plantas de doce municipios sitios en los cuatro puntos cardinales. De cada municipio se recogieron 50 muestras de plantas y 50 muestras del suelo asociado a la planta respectiva. Se tomó 1 g de muestra, que fue mezclado con 9 ml de agua destilada estéril para, posteriormente, hacer diluciones 1:10, 1:100 y 1:1000. De cada dilución, 500 µl fueron inoculados en tubos de agar dextrosa Sabouraud con y sin antibióticos, incubando a 28 °C durante un tiempo máximo de treinta días. La identificación se realizó considerando las características morfológicas macro y microscópicas, pruebas bioquímicas, así como la obtención de la fase levaduriforme, y la amplificación y secuenciación del gen de la calmodulina para los aislamientos de *Sporothrix*. De las 1200 muestras procesadas, se obtuvieron 501 aislamientos, de los cuales 315 fueron hongos (133 de suelo y 182 de plantas) y 186 actinomicetos (122 de suelo y 64 de plantas). Los microorganismos aislados en mayor proporción fueron los agentes de cromoblastomicosis (*Fonsecaea pedrosoi* y *Cladophialophora carrionii*), de esporotricosis (*Sporothrix schenckii* y *Sporothrix mexicana*) y de actinomicetoma (*Nocardia brasiliensis* y *N. otitidis-caviarum*). En este estudio se observó una correlación muy aproximada entre la abundancia de los agentes causantes de micosis subcutáneas y de actinomicetoma en suelos y plantas del estado de Puebla, y la frecuencia con que esas patologías son reportadas en la literatura mexicana.

## D2

### ¿Qué podemos hacer para conservar la diversidad de hongos saproxilicos en nuestros bosques?

Nerea Abrego<sup>1</sup>, Esti Sarrionandia<sup>1</sup>, Izaro Errasti<sup>1</sup> e Isabel Salcedo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biología y Ecología Vegetal (Botánica), Facultad de Ciencia y Tecnología,  
Universidad del País Vasco/ Euskal Herriko Unibertsitatea, UPV/EHU, PO Box 644-48080, Bilbao,  
Spain. E-mail: nerea.abrego@ehu.es

La diversidad de hongos que habitan en la madera muerta (*sensu lato*, saproxilicos) está disminuyendo drásticamente debido a los efectos de las prácticas forestales. Las causas principales de esta disminución son la pérdida de hábitat a nivel del sustrato, así como la pérdida de hábitat a nivel del área de masa forestal. En el presente trabajo hemos analizado cómo las comunidades de hongos saproxilicos responden a los cambios producidos por la explotación forestal. Para ello, hemos comparado la diversidad y composición de la comunidad fúngica de hongos saproxilicos entre bosques con diferentes tipos de gestión (bosques bajo una gestión conservacionista y bosques que actualmente se gestionan para la producción de madera). Basándonos en estos resultados, proponemos algunas pautas para una gestión del bosque sostenible, que ayude a la conservación de la diversidad de hongos saproxilicos.

Nuestros resultados demuestran que muchos de estos hongos están altamente especializados en el tipo de sustrato en el que fructifican (en términos de dimensiones y grado de descomposición), por lo que la pérdida de determinados tipos de restos leñosos en los bosques manejados afecta directamente a este grupo de especies especialistas. Este resultado resalta la importancia de conservar una máxima variedad de sustratos en los bosques explotados. A nivel de bosque, la cantidad de luz que penetra en el mismo también influye en el tipo de comunidad fúngica, sugiriendo que los cambios microclimáticos son factores importantes que determinan la diversidad de estos hongos. De acuerdo a este resultado concluimos que para conservar la diversidad de hongos saproxilicos es importante evitar crear claros artificiales dentro de la masa forestal, o crear nuevos bordes. Otro factor que afecta a la comunidad de hongos saproxilicos es la proximidad espacial, por lo que la conectividad y configuración espacial de los bosques son otros de los factores a tener en cuenta.

### D3

#### Comparison of the yeast community present in agrofood wastes through conventional methods and metagenomic analysis

Filipa Gonçalves, Daniela Bessa, Ricardo Franco-Duarte, Paula Sampaio, Dorit Schuller and Célia Pais

*Centro de Biologia Molecular e Ambiental (CBMA), Departamento de Biologia, Universidade do Minho, Braga, Portugal. E-mail: filipagoncalves.ba@gmail.com*

Microbial diversity in complex environments such as agrofood wastes can be of great importance but little is known about the communities inhabiting these environments. In this study we evaluated the yeast microbiome associated with 12 biowastes from transforming industries by conventional microbiology methods and metagenomic analysis.

Six hundred and eleven cultivable yeast isolates were recovered during small-scale fermentations and identified by sequencing of ITS1-5.8S-ITS2 region. For metagenomic analysis, partial ITS2 sequences were analysed by pyrosequencing (454 Life Sciences) and identified against SILVA database.

The predominant genera found by the culture-dependent approach were *Candida*, *Pichia*, *Geotrichum*, and *Wickerhamomyces*. Metagenomic analysis revealed, in addition, the presence of *Hanseniaspora*, *Rhodotorula*, *Saccharomyces*, *Torulaspota*, and *Kazachstania*. A significant percentage (17.6%) of sequences was only identified to the kingdom, phylum or family levels. However, as expected, higher yeast diversity was found by the metagenomic approach.

All yeast isolates were evaluated regarding their capacity to produce extracellular lipases and proteases. Activity of extracellular protease was detected in 159 isolates and lipase activity was detected in 243 of the isolates, while 55 isolates exhibited both. Among these, isolates of *C. tropicalis*, *C. humilis*, *C. sake*, *C. sojae*, *C. solani*, *P. fermentas*, *P. kudriavzevii* and *P. norvegensis* were the best producers. Studies are under development to evaluate their potential for biotechnological applications.

*Funding: This work was financially supported by TRANSBIO (FP7/2007-2013, no. 289603).*

#### D4

### Presencia del género *Alternaria* en el aire de Sevilla durante la primavera del año 2013

María Pineda-Roibas<sup>1</sup>, Arturo Sousa<sup>1</sup> y Julia Morales<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biología Vegetal y Ecología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, Sevilla, España. E-mail: mroibas84@gmail.com

Los muestreos aerobiológicos realizados en Sevilla han puesto de manifiesto que alrededor del 95% del total de partículas biológicas de origen vegetal presentes en la atmósfera corresponden a esporas de hongos, mientras que el 5% restante corresponde a granos de polen. Entre ellas, un grupo muy importante lo constituyen los conidios del género *Alternaria*, que son los más frecuentes después de los conidios del género *Cladosporium*, y con los que presenta alérgenos comunes. En este estudio se han realizado muestreos aerobiológicos viables y no viables junto con el método molecular de la PCR. Los muestreos aerobiológicos que se realizaron durante los meses de mayo y junio nos permitieron conocer la concentración de esporas de este género por m<sup>3</sup> de aire y cultivar y aislar las colonias obtenidas. La amplificación mediante PCR del gen 18S de las colonias de *Alternaria* nos ha permitido conocer cuáles fueron las especies de este género que aparecieron con mayor frecuencia. Las técnicas moleculares utilizadas son herramientas muy útiles para complementar los procedimientos usados tradicionalmente en aerobiología, y así poder determinar de una forma más precisa las especies fúngicas que nos rodean.

Durante el periodo de estudio se obtuvieron un total de 321 conidios/m<sup>3</sup> pertenecientes al género *Alternaria*. A partir de los conidios aislados del aire y cultivados se pudieron identificar, mediante métodos moleculares, 3 especies: *Alternaria alternata* con un porcentaje de incidencia entre el 60 y el 80%, seguida de *Alternaria tenuissima* que mostró un porcentaje entre el 13 y el 33 % y, por último, *Alternaria brassicae* con sólo el 6% de aparición. Estas especies son de gran interés porque son capaces de generar importantes pérdidas en agricultura, además de enfermedades en el ser humano.