



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

XI Fórum micológico

Alicante 16 de diciembre de 2023



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

XI Fórum Micológico

Alicante 16 de diciembre de 2023

ÍNDICE DE CONTENIDO

Bienvenida	3
Programa resumido.....	4
Programa detallado	5
RESÚMENES	9
Ponencias invitadas	
▪ Apocalipsis fúngico.....	9
▪ Molecular diagnosis in Medical Mycology	10
Mesas redondas	
▪ MR1. Hongos fantásticos y dónde encontrarlos.....	11
▪ MR2. Micosis y micotoxinas.....	13
▪ MR 3. Hongos y Pulmón.....	19
Comunicaciones orales.....	26
Indicaciones sobre Alicante y la Facultad de medicina.....	35



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

Bienvenida

Bienvenidos a la celebración de la 11ª edición del Fórum Micológico. Como sabéis, este es un evento organizado por la Asociación Española de Micología, especialmente dirigido a jóvenes micólogos.

Se trata de una jornada científica presencial y con acceso telemático simultáneo especialmente diseñada para compartir conocimientos y experiencias en micología básica y médica humana y animal.

El evento constará de tres mesas redondas propuestas y organizadas por investigadores jóvenes, y dos sesiones de comunicaciones orales. Además, contaremos con una conferencia invitada de una investigadora senior y un cierre especial, con una charla de introducción seguida de una discusión abierta con un experto en un campo específico de la micología.

Animamos a asistir y a participar, especialmente a los jóvenes micólogos y micólogas, pero también a los investigadores senior que hacen que la discusión científica que se genera en el fórum tenga un importante carácter formativo. De hecho, las ediciones anteriores han sido acreditadas como actividades formativas por la Viceconsejería de Salud del Gobierno Vasco y del mismo modo está solicitada la acreditación para esta edición.

¡Bienvenidos al XI Fórum Micológico!

El comité organizador

Gemma Castellá. Universidad Autónoma de Barcelona

Manuel A. Rodríguez Iglesias. Universidad de Cádiz

Consuelo Ferrer Rodríguez. Universidad Miguel Hernández

Mª Francisca Colom Valiente. Universidad Miguel Hernández

INSCRIPCIÓN:

<https://docs.google.com/forms/d/1tXpqzyspxzX58Tw0uSdGmkkNI0tn9jcwXY2e7ry9j3c/edit?ts=6512945d>



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

XI Fórum Micológico

Fecha: 16 de diciembre de 2023. Celebración presencial y telemática simultáneamente

Sede: Sala de Grados de la Facultad de Medicina. Edificio Francisco Javier de Balmis. Primera Planta. Universidad Miguel Hernández. Campus de San Juan (Alicante)

Plataforma: *Google meet* (el enlace se facilita por correo electrónico a los inscritos)

PROGRAMA RESUMIDO

8:30 h. Registro

9:00 h. Inauguración de la Jornada. Bienvenida a cargo del comité organizador

9:15 – 10:30 h. Mesa redonda 1. *Hongos fantásticos y dónde encontrarlos*

10:30 h. Pausa café

11:00 - 12:00 h. Conferencia invitada: *Apocalipsis fúngica: Efecto del cambio climático en la emergencia de micosis invasoras.*

12:00 - 13:30 h. Comunicaciones orales I. Tema libre (10-15 minutos/presentación)

13:30 - 15:30 h. Comida

15:30 - 16:30 h. Mesa redonda 2. *Micosis y micotoxinas*

16:30 - 17:00 h. Pausa café

17:00 - 18:15 h. Mesa redonda 3. *Hongos y pulmón*

18:15 - 19:15 h. Comunicaciones orales II. Tema libre (10-15 minutos/presentación)

19:15 - 20:00 h. Conferencia-debate de clausura. *Molecular diagnosis in Medical Mycology*

20:00 h. Clausura del Fórum



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

PROGRAMA

8:30 h. Registro. Vestíbulo del Edificio Doctor Francisco Javier de Balmis. Facultad de medicina. Campus de Sant Joan d'Alacant.

9:00 h. Inauguración de la Jornada. Bienvenida a cargo del comité organizador

9:15 – 10:30 h. Mesa redonda 1. Hongos fantásticos y dónde encontrarlos

Moderador: *Daniel Guerra Mateo*. Estudiante predoctoral. Universitat Rovira i

Virgili Ponencias:

1. Tesoros sumergidos: Diversidad de ascomicetes en sedimentos marinos de lacosta de Tarragona

Daniel Guerra Mateo. Estudiante predoctoral. Universitat Rovira i Virgili

2. Análisis de biodiversidad fúngica en suelo salino del Parque Natural de las Bardenas Reales

Alan Omar Granados Casas. Estudiante predoctoral. Universitat Rovira i Virgili

3. Biodiversidad de hongos extremófilos en lagunas endorreicas de España.

María Barnés Guirado. Estudiante predoctoral. Universitat Rovira i Virgili

4. Manglares del Pacífico Colombiano: Un viaje a su diversidad fúngica revelada por metabarcoding

Mariana Restrepo Benavides. Estudiante predoctoral. Universitat Rovira i Virgili

10:30 h. Pausa café

11:00 - 12:00 h. Conferencia invitada

Apocalipsis fúngica: Efecto del cambio climático en la emergencia de micosis invasoras.

Alba Ruiz Gaitán. Microbióloga clínica. Investigadora emergente en el Hospital Universitario y Politécnico La Fe. Instituto de Investigación Sanitaria La Fe. Valencia

12:00 - 13:30 h. Comunicaciones orales I. Tema libre

CO.I.1. Pathogenic characterization of the new species, *Phialophora submersa* isolated from freshwater sediments in Spain.

Ana Fernández-Bravo, Youssef Ahmiane, Enrique Monzón, Marta Sanchis, Javier



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

Capilla, Josepa Gené.

CO.I.2. Estudio del proceso de adhesión e infección de hongos patógenos en su interacción con el huésped.

Carla Mariel Berosich, Luis Vicente Lopez-Llorca, Federico Lopez-Moya.

CO.I.3. Nuevas fuentes de antifúngicos marinos: derivados de la quitina de moluscos y extractos de algas clorófitas

Miguel Valverde-Urrea; María Francisca Colom-Valiente, Luisvi López-Llorca, y Federico López-Moya.

CO.I.4. Functional characterization of Iff adhesins in the cell wall of the emerging pathogen *Candida auris*.

Jesús Alberto Gómez Navajas, María Alvarado, María Teresa Blázquez Muñóz, Emilia Gómez Molero, Katherine Miranda Cadena, Elena Eraso, Piet de Groot.

13:30 - 15:30 h. Comida

15:30 - 16:30 h. Mesa redonda 2. Micosis y micotoxinas

Moderadora: *Leyna Díaz Álvarez*. Profesora sustituta posdoctoral.
Universitat Autònoma de Barcelona

Ponencias:

1. Mutaciones del gen ERG11 y resistencia antifúngica en *Malassezia pachydermatis*

Leyna Díaz Álvarez. Profesora sustituta post-doctoral. Universitat Autònoma de Barcelona

2. Unraveling the identification of *Trichophyton* strains isolated from animals

Kaitlyn Parra. Estudiante predoctoral. Universitat Autònoma de Barcelona

3. Ocratoxina A y *Aspergillus* sección *Nigri* en viñedos

Júlia Marqués Espuga. Estudiante predoctoral. Universitat Autònoma de Barcelona

16:30 - 17:00 h. Pausa café



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

17:00 - 18:15 h. Mesa redonda 3. Hongos y pulmón

Moderadora: *Violeta Esteban Ronda*. Estudiante predoctoral. Universidad MiguelHernández de Elche.

Ponencias:

1. Levaduras lipofílicas y microbioma pulmonar

Violeta Esteban Ronda. Estudiante predoctoral. Universidad Miguel Hernández de Elche

2. *Pneumocystis jirovecii* como miembro del microbioma pulmonar

Beatriz Gálvez Martínez. Estudiante predoctoral. Universidad Miguel Hernández de Elche

3. Histoplasmosis en Europa: ¿Enfermedad autóctona o importada?

Javier Guzmán Martínez. Médico interno residente de 5º año. Servicio de Medicina Interna. Hospital Universitario San Juan de Alicante

4. Aspergilosis en pacientes trasplantados

María Nieves Balaguer Cartagena. Facultativo especialista de Neumología. Hospital Universitario y Politécnico La Fe

18:15 - 19:15 h. Comunicaciones orales II. Tema libre (10-15 minutos/presentación)

CO.II.1. Patología y nicho ecológico de agentes de micetoma en Turkana. Noroeste de Kenia

Esther Sáez Bañuz, Ester García Graciá, John Ekai Lochuke; Carmen Hernández; Consuelo Ferrer, M^a Francisca Colom.

CO.II.2. Three is a crowd.

Ignacio Boira, Violeta Esteban, Eusebi Chiner.

CO.II.3. *MATCH fungal Dx*: solución diagnóstica global para el tratamiento de las infecciones fúngicas invasivas.

Avelina Moreno-Ochando, Laura López-López, Rafael Susín Carmona, Carlos E. Fernández-García, José A. Picó-Monllor, R. Alín Tobares Colman, Adrián H. Teruel.

19:15 - 20:00 h. Conferencia-debate de clausura. Exposición breve, seguida de un tiempo dedicado a atender preguntas de la audiencia y debatir sobre el tema, con un gran experto.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

Tema de debate: *Molecular diagnosis in Medical Mycology*

Ferry Hagen. Investigador senior y líder del grupo de Micología Médica en el *Westerdijk Fungal Biodiversity Institute* (CBS-KNAW. Utrech, Países Bajos)

20:00 h. Clausura del Fórum



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

RESÚMENES

PONENCIA INVITADA

Apocalipsis fúngica: Efecto del cambio climático en la emergencia de micosis invasoras

Alba Ruiz Gaitán. Microbióloga clínica. Investigadora emergente en el Hospital Universitario y Politécnico La Fe. Instituto de Investigación Sanitaria La Fe. Valencia

El cambio climático constituye un desafío global con consecuencias de amplio alcance para la salud humana. Los impactos de las variaciones climáticas son amplios, afectando el medio ambiente, la economía y la salud humana. En este contexto, se ha observado un aumento preocupante en la incidencia de enfermedades infecciosas, particularmente las fúngicas, que afectan tanto a humanos como a animales, dando lugar a la aparición de nuevos hongos patógenos y brotes epidémicos.

Un ejemplo destacado es *Candida auris*, un hongo patógeno multirresistente identificado por primera vez en Japón en 2009. Desde entonces, ha experimentado una rápida propagación global, generando brotes nosocomiales en más de 45 países. La singularidad de *C. auris* radica en la aparición simultánea e independiente de cinco clados genéticamente distintos en tres continentes. Aunque el origen preciso de *C. auris* aún no se comprende completamente, se ha sugerido el papel del calentamiento global como un factor contribuyente. La termotolerancia de este hongo, en comparación con otras especies filogenéticamente relacionadas, respalda la hipótesis de su adaptación a entornos más cálidos, posiblemente originándose en humedales o ecosistemas oceánicos. La propagación global podría haberse facilitado mediante el transporte por aves migratorias, estableciendo la colonización humana a través de transmisiones interespecíficas en zonas rurales y su posterior presencia en entornos sanitarios.

Esta perspectiva resalta la necesidad de un enfoque multidisciplinario que integre el cambio climático en las políticas y la planificación de la salud. Además, resalta la importancia del enfoque "One Health" para comprender adecuadamente las nuevas pandemias y la emergencia de nuevos patógenos. Este enfoque reconoce la interdependencia entre la salud humana, la salud



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

animal y el medio ambiente, subrayando la necesidad de abordar estas cuestiones de manera integrada.

Conclusiones

- El cambio climático es una amenaza creciente para la salud humana.
- El aumento de las enfermedades fúngicas es un ejemplo del impacto negativo del cambio climático en la salud.
- El enfoque "One Health" es una herramienta esencial para comprender y prevenir la emergencia de nuevos patógenos.

PONENCIA DEBATE DE CLAUSURA

Molecular diagnostics in medical mycology

Ferry Hagen. Westerdijk Fungal Biodiversity Institute (Utrecht). Institute for Biodiversity and Ecosystem Dynamics, University of Amsterdam (Amsterdam). Department of Medical Microbiology, University Medical Center Utrecht (Utrecht). The Netherlands

Over the past twenty years, molecular diagnostics has played an increasingly important role in medical microbiology. The development of molecular assays mainly focused on common pathogens, leaving a prominent role for viral and bacterial pathogens. The positioning of mycology in the molecular diagnostic field has been more challenging given the issues surrounding nucleic acid extraction, assay development, and the costs versus benefits of setting up molecular assays. It is not surprising that common fungal pathogens, like *Aspergillus fumigatus* and *Candida* have received the attention of commercial diagnostic companies. What is the current state of molecular fungal diagnostics, what are the diagnostic gaps and how to overcome them? What steps need to be taken to bring an in-house developed test to the market? What is the future of molecular fungal diagnostics? Is next generation sequencing the holy grail? And what about regulations versus innovation in diagnostics. Enough starting points for further discussion about the future of molecular fungal diagnostics!



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

MESA REDONDA 1: Hongos fantásticos y dónde encontrarlos

M1.P1. Sunken riches: Ascomycete diversity in marine sediments from the Mediterranean coast (Tarragona)

Daniel Guerra-Mateo¹, Josepa Gené^{1,2}, Vladimir Baulin^{2,3} and José F. Cano-Lira^{1,2}

¹Unitat de Micologia i Microbiologia Ambiental, Facultat de Medicina i Ciències de la Salut, Universitat Rovira i Virgili, 43201 Reus. ²Institut Universitari de Recerca en Sostenibilitat, Canvi Climàtic i Transició Energètica (IU-RESCAT), Universitat Rovira i Virgili, 43007 Tarragona. ³Física i Cristal·lografia de Materials, Escola Tècnica Superior d'Enginyeria Química, Universitat Rovira i Virgili, 43007 Tarragona, España

The Mediterranean Sea represents a hot spot of biodiversity, where coastal areas comprise the most diverse communities of organisms, in particular, those located on the western side of the basin due to its proximity to the Atlantic Ocean. In this context, the Tarragona province (Catalonia, Spain) represents an interesting area for diversity, ranging from the industrialized city of Tarragona to the protected Ebro Delta National Park. Little is known about fungal diversity in these areas. Therefore, this work aimed to determine the diversity of ascomycetes in marine sediments from the coasts of the Tarragona province through a polyphasic culture-dependent approach. Sediments were collected at 6, 13, 20, and 27 m of depth in two beaches (Miracle and Arrabassada) in the surrounding area of Tarragona City and in the delta of the Ebro River. The culture media used for the isolation were: DRBC, PDA supplemented with cycloheximide, and two additional media made with seawater in their composition, OA and MEA 3%. We have recovered 529 strains that represent 46 families, 79 genera, and 145 species. The families Aspergillaceae, Bionectriaceae and Microascaceae were the most detected across the three areas sampled. However, each one provided a different fungal community with exclusive taxa, including rare and putative novel species. The Miracle Beach was characterised by species of *Exophiala* and *Queenslandipenediella*, the Arrabassada Beach by *Scedosporium* species, and the Ebro Delta by plant-associated species. In addition, we discuss the performance of the different culture media. This work suggests that the coasts of Tarragona comprise a diverse fungal community, which diversity is only beginning to be elucidated.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

M1.P2. Análisis de la biodiversidad fúngica en una muestra de suelo salino del Parque Natural y Reserva de la Biosfera de las Bardenas Reales (España) mediante metabarcoding

Alan Omar Granados-Casas, Alberto Miguel Stchigel Glikman, José Francisco Cano-Lira

Universitat Rovira i Virgili, Unidad de Micología y Microbiología Ambiental, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud

En los últimos años se han llevado a cabo en todo el mundo diversos estudios sobre la diversidad microbiana de ambientes extremos. No obstante, tan solo unos pocos se han centrado en analizar su biodiversidad fúngica. Las Bardenas Reales es un Parque Natural y Reserva de la Biosfera situado en las provincias de Navarra (mayoritariamente) y Aragón (España), el cual destaca por su elevada biodiversidad de flora y fauna, su singularidad geológica y su paisaje semiárido. Debido a que frecuentemente sus suelos presentan una elevada salinidad, el objetivo del presente trabajo fue el de estudiar la biodiversidad de sus hongos halotolerantes y halofílicos mediante *metabarcoding*, empleando como marcadores las regiones ITS1 e ITS2 del ADN ribosomal. Consecuentemente, se identificaron un total de 2036 *amplicon sequence variants* (ASVs), pero solo 665 de dichas ASVs fueron identificadas a nivel del reino (32% del total). La asignación taxonómica a nivel de phylum se distribuyó en 9 phyla, siendo Ascomycota el phylum más abundante. A nivel de género, se identificaron un total de 271 diferentes, siendo los de mayor prevalencia *Neocamarosporium*, seguido de *Symmetrospora* y *Cladosporium*. También, se lograron identificar diferentes taxones halotolerantes. Los análisis de biodiversidad fúngica mediante *metabarcoding* no mostraron diferencias significativas entre los marcadores moleculares empleados (ITS1 e ITS2). Este trabajo representa el primer estudio sobre biodiversidad fúngica en suelos salinos de las Bardenas Reales mediante una técnica cultivo-independiente.

M1.P3. Biodiversidad de hongos extremófilos en lagunas endorreicas de España

María Barnés Guirado.

Universitat Rovira i Virgili. (Tarragona)

Endorheic lagoons are mostly transient water bodies that can be considered extreme environments both because they regularly experience massive water loss that concentrate the



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

solutes, thus becoming salt lakes, and because they are usually located in arid or semi-arid regions. These particularities along with the fact that there are almost no publications related to the biodiversity of fungi that inhabit these lagoons make them an interesting subject of study.

In this work, we studied the diversity of an endorheic lagoon complex, Las Saladas de Sástago-Bujaraloz (Zaragoza, Spain), and the diversity of the only permanent endorheic lagoon in Europe, the Laguna Salada de Chiprana (Zaragoza, Spain). We collected water, soil, salt crust (if available), and sediment samples and processed them first by filtering the water samples through 0.45 µm pore diam. filtering membranes, then placing the membranes in Petri dishes containing potato dextrose agar (PDA), PDA plus 10% NaCl, malt extract agar (MEA) plus potassium acetate, MEA plus salty water or MEA plus glycerol and G18 and incubating the plates at 15 °C and 37 °C. Then, we processed the soil, salt crust, and sediment samples by sprinkling the sample over Petri dishes containing the culture media mentioned before and incubating the sprinkled dishes at 15 °C and 37 °C as well. A total of 325 isolates for Las Saladas de Sástago-Bujaraloz and 82 isolates for Laguna Salada de Chiprana were obtained, representing 36 and 18 genera, respectively. Here, we present the diversity recovered from these lagoons by using culture-dependent techniques as well as a new genus and species, *Dactyliodendromyces holomorphus*.

M1.P4. Mangroves of the Colombian Pacific: A journey into their fungal diversity unveiled by metabarcoding.

Mariana Restrepo Benavides^{1,2} Felipe Báez-Aguirre¹, Ana Fernández-Bravo², Silvia Restrepo³, Marcela I. Guevara-Suarez¹

¹Applied Genomics Research Group, Vicerrectoría de Investigación y Creación, Universidad de los Andes, Bogota, Colombia. ²Unit of Microbiology, Department of Basic Health Sciences, Faculty of Medicine and Health Sciences, IISPV, University Rovira i Virgili, 43201 Reus, Spain

³Laboratorio de Micología y Fitopatología, Departamento de Ingeniería Química y de Alimentos, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

The mangrove ecosystem plays an essential role in regulating biological and biochemical processes crucial for the stability of coastal and benthic marine environments. These coastal systems not only act as natural barriers against extreme weather events, protecting adjacent areas, but also play a crucial role in mitigating climate change by storing substantial amounts of



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

carbon. The unique biodiversity they harbor, both in flora and fauna, contributes to the sustainability of fisheries and the preservation of marine diversity.

Despite microorganisms being key players in soil-function interactions in mangroves, the understanding of fungal diversity, in particular, remains limited, as studies tend to focus predominantly on bacteria.

This study aims to address this knowledge gap by exploring the diversity of mangrove sediment along the Pacific coast of Colombia through metabarcoding, using Oxford Nanopore technology. The methodology involves sequencing amplicons of approximately 6 kb, including regions such as the Small Subunit Ribosomal RNA (SSU rRNA), the Internal Transcribed Spacer regions (ITS1 and ITS2), and the Large Subunit Ribosomal RNA (LSU rRNA). Subsequently, library preparation and sequencing were carried out using the GridION platform.

Sixteen sediment samples were collected during the sampling process, with the objective of determining fungal diversity in this environment. Data analysis revealed the presence of 2 Phyla and approximately 50 genera, highlighting the taxonomic richness in this ecosystem. According to the Chao1 index, a notable homogeneity in richness among samples was observed, indicating a uniform distribution of species. In contrast, diversity, assessed by the Shannon index, showed less homogeneous patterns, signaling variability in the relative abundance of species.

MESA REDONDA 2: Micosis y micotoxinas

M2.P1. Mutaciones del gen *ERG11* y resistencia antifúngica en *Malassezia pachydermatis*.

Leyna Díaz, Gemma Castellá, M. Rosa Bragulat, F. Javier Cabañes.

Grupo de Micología Veterinaria. Departamento de Sanidad y de Anatomía Animales. Universitat Autònoma de Barcelona. Bellaterra, España.

Las levaduras de la especie *Malassezia pachydermatis* son parte de la microbiota normal de la piel de diversas especies animales, sin embargo, bajo determinadas circunstancias pueden actuar como patógenos oportunistas causando procesos patológicos como otitis y/o dermatitis. Habitualmente, estas patologías se tratan de forma eficaz mediante la administración de antifúngicos azoles como ketoconazol o



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

itraconazol. Pese a ello, en algunas ocasiones se han descrito casos de animales que parecen no responder correctamente al tratamiento. Algunos estudios han relacionado la resistencia a los azoles en *M. pachydermatis* con mutaciones en el gen ERG11. Cabe destacar que no existe ningún método estandarizado para evaluar la susceptibilidad de *M. pachydermatis* frente a los antifúngicos.

En este estudio, se seleccionaron un total de 89 cepas de *M. pachydermatis* obtenidas de diferentes casos clínicos de otitis y/o dermatitis en perros y gatos, incluyendo asimismo cepas aisladas de animales sanos de diferentes especies (perro, gato, cerdo, vaca y caballo). Se evaluó la sensibilidad de todas las cepas frente a cuatro antifúngicos (itraconazol, ketoconazol, fluconazol y anfotericina B) mediante la técnica de difusión en disco. Además, la sensibilidad al itraconazol de una selección de 17 cepas se evaluó mediante la técnica del E-test. Para ambos métodos, se utilizó el medio Mueller-Hinton suplementado con un 2% de glucosa y azul de metileno. Las siembras se realizaron a partir de suspensiones igualadas a la concentración 1 de la escala McFarland. Las placas se incubaron a 35°C y se realizaron lecturas a las 48, 72 y 96 horas. En base a los resultados obtenidos se seleccionaron 30 cepas para realizar su tipificación multilocus utilizando los genes D1/D2, ITS, CHS2 y β -tubulina. Finalmente, se secuenció el gen ERG11 de la misma selección de cepas.

Los resultados demostraron que la mayoría de las cepas evaluadas fueron sensibles a los cuatro antifúngicos seleccionados. Únicamente dos cepas presentaron una ausencia total de zona de inhibición frente al fluconazol y la anfotericina B, y una sola cepa presentó una MIC aumentada al itraconazol. En este estudio todas las cepas que presentaron una reducción de la sensibilidad a los antifúngicos fueron obtenidas de casos clínicos de otitis y/o dermatitis. Por otro lado, el estudio de las secuencias del gen ERG11 reveló una elevada variabilidad de secuencias y un total de 23 sustituciones de aminoácidos, de las cuales solamente dos han sido previamente descritas. Estos datos demuestran que las mutaciones de la secuencia del gen ERG11 son un fenómeno habitual. Asimismo, se detectaron tres sustituciones deletéreas (A302T, G459D y G461D) previamente



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

asociadas con resistencia a los azoles en estas levaduras. El análisis multilocus identificó un total de 25 genotipos y se observó una correlación entre determinados genotipos y el número de mutaciones en el gen ERG11. Algunas de las mutaciones del gen ERG11 observadas, se asociaron con una reducción en la sensibilidad de las cepas frente a los azoles. Serán necesarios más estudios para desentrañar el papel de estas mutaciones en la susceptibilidad frente a los antifúngicos.

M2.P2. Unraveling the identification of *Trichophyton* strains isolated from animals.

Kaitlyn Parra, F. Javier Cabañes, Gemma Castellá

Grupo de Micología Veterinaria. Departamento de Sanidad y de Anatomía Animales.
Universitat Autònoma de Barcelona. Bellaterra, España.

Dermatophytosis, also commonly referred to ringworm or tinea, is caused by the group of keratinophilic fungi called dermatophytes which produce a superficial infection on hair, skin, and nails. Members of the *Trichophyton* genus are one of the most common agents of dermatophytosis in humans and other animals with sixteen species in the genus being pathogenic. Until recently, identification of these pathogens was based mainly on the macro- and micromorphology of isolates and their physiological characteristics. With the introduction of molecular methods, the phylogeny and identification of the dermatophytes has shifted greatly in recent years.

The aim of the present study was to characterize the isolates of the genus *Trichophyton* recovered from animals of the culture collection of the Veterinary Mycology group from Universitat Autònoma de Barcelona by conducting a retrospective genetic analysis. A total of seventy isolates were analyzed. The strains were phenotypically identified as belonging to the *Trichophyton* genus (*T. mentagrophytes*, *T. equinum* and *T. verrucosum*) and primarily were obtained from animals with clinical manifestation of dermatophytosis. The strains were collected between 1984 to 2019 and included different animal species: cat (n=1), chamois (n=1), chinchilla (n=8), dog (n=13), ferret



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

(n=1), guinea pig (n=10), horse (n=8), rabbit (n=22), cow (n=2) and one unknown but of animal origin (n=1). Additionally, three strains isolated from humans were included. The strains were reanalyzed using Sanger sequencing of the universal fungal barcode sequence, the internal transcribed spacer (ITS) region. The phylogenetic analysis was conducted by neighbor-joining method using MEGA11 software.

Strains phenotypically identified as *T. mentagrophytes*, 49 remains as *T. mentagrophytes* and 14 strains were reclassified as belonging to *T. benhamiae* complex. From that initial assessment, strains phenotypically identified a *T. equinum* and *T. verrucosum* remains unchanged. The strains belonging to *T. benhamiae* complex were identified as *T. benhamiae*, *T. japonicum*, and *T. europaeum*. In addition to the species identification, strains identified as *T. mentagrophytes* were classified into five different genotypes: *T. interdigitale* genotype I, *T.mentagrophytes/ T.interdigitale* II*, *T.mentagrophytes* III*, *T.mentagrophytes* IV and *T.mentagrophytes* XXIV.

Our study showed that strains recovered from chinchillas and rabbits were mainly identified as *T. mentagrophytes* genotype III*, although genotype XXIV was also found. All the strains isolated from guinea pigs belonged to the *T. benhamiae* complex, being *T. europaeum* the most common species. Most of the strains recovered from dogs belonged to three different genotypes of *T. mentagrophytes* (II*, III*, and IV) although *T. japonicum* and *T. europaeum* were also recovered. Most of the strains recovered from horse were identified as *T. equinum* whereas strains from a cow were identified as *T. verrucosum*. The present study documents the species diversity among Trichophyton isolates of animal origin. However, there is a need for further investigation including more strains from different animal species and the use of other molecular markers than ITS region. This will increase the robustness of the phylogenetic analysis and will help to define species boundaries.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

M2.P3. Ocratoxina A y *Aspergillus* sección *Nigri* en viñedos

Júlia Marquès, Gemma Castellá, M. Rosa Bragulat, F. Javier Cabañes.

La ocratoxina A (OTA) es una micotoxina producida por diferentes especies del género *Penicillium* y *Aspergillus* que se encuentra en gran cantidad de sustratos tales como el café, los frutos secos, los cereales o las uvas. La OTA tiene efectos nefrotóxicos, hepatotóxicos, inmunosupresores y está clasificada por la IARC como carcinógeno del grupo 2B. Por este motivo, la legislación europea ha limitado su concentración en productos alimenticios tales como el vino y derivados de la uva a 2µg/kg.

En las uvas, la OTA se produce a causa de la infección por cepas toxígenas de la sección *Nigri* de *Aspergillus*. Aunque *A. carbonarius* es la principal especie productora de OTA en uvas, la sección *Nigri* contiene otras especies ocratoxígenas como *A. niger* y *A. welwitschiae*. Los hongos de esta sección se encuentran como saprófitos en el suelo de los viñedos y, a través del aire, sus esporas pueden depositarse en las uvas. Una vez ahí, mediante la piel dañada, pueden infectar la baya y producir OTA. Algunos estudios han demostrado que los últimos 20 días de maduración de la uva son cruciales para la síntesis de OTA.

En nuestro laboratorio realizamos un estudio durante la temporada 2012-2013 en cuatro viñedos de diferentes zonas de Cataluña. Se tomaron muestras de aire y suelo en las diferentes estaciones del año y muestras de uva durante la vendimia. En total se analizaron 64 muestras de suelo, 32 de aire y 1.600 uvas. Se aislaron todas las cepas identificadas morfológicamente como pertenecientes a *Aspergillus* sección *Nigri* y se evaluó su capacidad ocratoxígena. Además, se seleccionaron un total de 176 cepas representativas de cada grupo de muestreo para ser identificadas mediante la secuenciación del gen de la calmodulina.

En todas las muestras de uva se aislaron cepas de la sección *Nigri* con un nivel de contaminación que osciló entre el 48% el 78% dependiendo del año. También se detectó



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

su presencia en el 95% las muestras de suelo y el 90% de las muestras de aire. En suelo y aire, el agregado *A. niger* fue el más aislado seguido de las especies uniseriadas y de *A. carbonarius*, que representó menos del 2%. En uva, tanto en el año 2012 como 2013, el agregado *A. niger* fue el más aislado en todas las regiones, seguido de *A. carbonarius* (22%) y de las especies uniseriadas. En el agregado *A. niger* la especie predominante fue *A. tubingensis* (52,6%) seguida de *A. welwitschiae* (26,3%) y *A. brasiliensis* (18,8%). Menos de un 1% de cepas fueron identificadas como *A. niger*. Entre las especies uniseriadas, *A. uvarum* fue la especie predominante. Todas las cepas de *A. carbonarius* produjeron OTA mientras que ninguna de las especies uniseriadas fue capaz de producir esta micotoxina y sólo 3 cepas del agregado *A. niger*, identificadas como *A. welwitschiae*, produjeron OTA. Todas estas cepas no ocratoxígenas pertenecientes a *Aspergillus* sección *Nigri* son susceptibles de ser empleadas como agentes de biocontrol frente cepas ocratoxígenas de *A. carbonarius* para reducir los niveles de OTA en uva.

Este estudio ha estado financiado por el Ministerio de Economía, Industria y Competitividad (PID2020-116152RB-I00).

MESA REDONDA 3: Hongos y pulmón

M3.P1. Levaduras lipofílicas y microbioma pulmonar

Violeta Esteban Ronda^{1,2}; Pablo Gilabert², Consuelo Ferrer², Beatriz Gálvez³, Eusebi Chiner¹, María Francisca Colom².

¹Department of Respiratory Medicine, San Juan de Alicante University Hospital, 03550 Alicante, Spain.

²Medical Micology Laboratory, Department of Plant Production and Microbiology, Institute for Healthcare and Biomedical Research of Alicante (ISABIAL), Campus of San Juan de Alicante, University Miguel Hernández, 03550 Alicante, Spain. ³Department of Respiratory Medicine, Vinalopó University Hospital, 03293 Elche, Alicante, Spain.

Introduction: The lower airway has a mycobiome which plays an important role in maintenance, homeostasis and immunomodulation. Pulmonary surfactant has a lipid composition, being dipalmitoyl-phosphatidylcholine (DPPC) the most abundant component. Previous works described five fungal species that constitute the core mycobiome. These are *Rhodotula*



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

mucilaginosa, *Candida parapsilosis*, *Naganishia albida*, *Cryptococcus neoformans s.l.* and *Malassezia restricta*, being the latter lipophilic, lipo-dependent and the one with the highest number of sequences. However, its viability in culture has not been demonstrated as it does not grow on conventional media.

Objective: to determine the affinity of *Malassezia* species and other yeasts of the pulmonary mycobiome, for lung surfactant lipids.

Material and methods: prospective experimental study carried out in the Mycology laboratory of the Miguel Hernández University (Alicante, Spain).

Culture experiments were performed with 21 yeasts strains, many of them described as components of the pulmonary mycobiome, and 16 culture media of different lipidic composition. Among the media, the MLNA composition was modified (MLNA 2, NM1 and NM2) and new media (M1-M11) were created, consisting of a commonly nutrient base (Base Medium) with addition of 10 different lipids.

To obtain fresh cultures, yeasts of *Malassezia* were grown on MLNA and non-*Malassezia* on conventional medium (Sabouraud).

The modified MLNA medium MLNA2 (MLNA+DPPC), NM1 (substitution of DPPC for tween 60) and NM2 (substitution of DPPC for glycerol monostearate) were used to test the viability of *Malassezia* strains in the presence of lung lipids. Apart from these preliminary experiments, all strains were grown on M1-M11 on surface of solid media, in wells dug in solid media (3-5mm) and liquid media in microtiter plates.

Results: The addition of DPPC to MLNA media resulted in increased growth of *Malassezia* yeasts. Cultures on solid and liquid media show that the lipids of pulmonary surfactant have a great influence on the development of all strains of the genus *Malassezia* and on many other yeasts constituents of the mycobiome, not previously considered as lipo-dependent, but that show some lipo-tolerance or even lipo-affinity. For the group of *Candida* and related species, *Nakaseomyces glabrata* and *Candida parapsilosis* are the two species that showed a good growth on media with pulmonary lipids, while *Pichia kudriavzevii* has the lower growth rate on lung lipids among all the tested species. For the *Cryptococcus* group of yeasts, they showed a scarce development on lipids compared to their growth on the standard medium (SDA). Except



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

for *C. deuterogattii* and *Naganishia albida*, that showed similar growth on surfactant and DPPC than on SDA. Other species like *Trichosporon cutaneum*, *Rhodotorula mucilaginosa* and *Wickerhamomyces anomalus*, showed a moderate good development on pulmonary lipids.

Conclusions: Lung surfactant lipids allow optimal development of *Malassezia* species including *M. restricta*, as well as other yeasts species described as important members of the Lower Respiratory Tract mycobiome. Therefore, pulmonary lipids can be the main determinant of the composition of the mycobiome of the LRT.

This study was supported by the Spanish Society of Pneumology and Thoracic Surgery (Reference project 1134/2020) and by the Valencian Society of Pulmonology (Young researcher grant 2021).

M3.P2. *Pneumocystis jirovecii* como miembro del microbioma pulmonar

Beatriz Gálvez Martínez^{1,2}; Violeta Esteban^{2,3}; Consuelo Ferrer²; Jose Norberto Sancho-Chust³; Eusebi Chiner³; Beatriz Amat¹; Maria Francisca Colom²

¹Servicio de Neumología, Hospital Universitario del Vinalopó. 03293, Elche. ²Laboratorio de micología médica. Departamento de Producción Vegetal y Microbiología. Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL). Universidad Miguel Hernández, 03550, Alicante. ³Servicio de Neumología, Hospital Universitario San Juan ,03350, Alicante.

Pneumocystis jirovecii es un hongo patógeno oportunista que afecta frecuentemente a pacientes con síndrome de inmunodeficiencia adquirida (SIDA) y pacientes inmunodeprimidos por otras razones.

Provoca una neumonía (*Pneumocystis pneumonia*) que presenta alta tasa de morbimortalidad asociada.

Se trata de un hongo extracelular, ubicuo, unicelular y se considera atípico debido a la imposibilidad de conseguir su cultivo in vitro y por su falta de respuesta a los tratamientos clásicos frente a otros hongos. Desde el punto de vista estructural, *Pneumocystis* presenta colesterol en su membrana y carece de ergosterol en ella, lo que le confiere su resistencia natural a Anfotericina B y otros antifúngicos como los azoles.

Pneumocystis pertenece a una familia de organismos que tienen una alta especificidad de huésped, de manera que la especie que infecta a los humanos (*Pneumocystis jirovecii*) no puede



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

infectar a la rata y viceversa. Tiene además un tropismo único por el pulmón, donde existe principalmente como un patógeno alveolar sin invadir el huésped.

La transmisión de *Pneumocystis* no se comprende completamente ni se ha identificado su nicho ambiental. Durante décadas la teoría de la reactivación de una infección latente por *Pneumocystis* era bastante popular. Ahora hay evidencia de que la transmisión entre personas es el modo más probable de adquirir nuevas infecciones.

Para la detección de este hongo por biología molecular se utiliza como diana la subunidad mayor mitocondrial del ARN ribosomal (rRNA). Esta diana es diferente a la utilizada para la detección de la mayoría del resto de hongos, donde se suelen emplear las regiones ITS. Este hecho es importante para comprender por qué este hongo no aparece como parte del microbioma pulmonar en los estudios realizados hasta la fecha.

Presentamos los resultados obtenidos en el estudio del microbioma pulmonar de 97 pacientes sin criterios de inmunosupresión ni infecciones o tratamiento antimicrobiano reciente, que presentaban indicación de realización de broncoscopia por motivo no infeccioso. Se obtuvieron muestras de lavado broncoalveolar (LBA) y se muestreó también el polvo doméstico de sus domicilios. Las muestras fueron sometidas a extracción de DNA y secuenciación de alto rendimiento mediante *barcoding* del ITS para obtener el perfil de microbioma. Adicionalmente, se realizó la amplificación de las secuencias del mtRNA de *Pneumocystis jirovecii* mediante PCR anidada y qPCR.

En las muestras de ambiente no se detectó *Pneumocystis* en ninguna de ellas. En cuanto a las de LBA, obtuvimos una prevalencia de colonización por *Pneumocystis jirovecii* en nuestros pacientes de 7,22%.

Los estudios de colonización de *Pneumocystis jirovecii* muestran tasas de prevalencia que varían de un 8 a un 40%. Nuestro estudio queda próximo al límite inferior, pero es importante considerar el tipo de población estudiada. La mayoría de nuestros pacientes no se incluyen en los grupos de patología pulmonar descritos como de mayor riesgo para la colonización por *Pneumocystis* (Fibrosis Quística o Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica), lo que da coherencia a nuestros resultados. Por otra parte, la presencia de *P. jirovecii* no ha podido asociarse a ningún perfil de microbioma de los obtenidos en estos pacientes.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

El estudio ha sido financiado por la Fundación Española del Pulmón RESPIRA, de la Sociedad Española de Neumología y Cirugía Torácica (SEPAR 1134/2020)

M2.P3. Aspergilosis en pacientes trasplantados

Maria Nieves Balaguer Cartagena,

Neumología. Hospital Universitario La Fe. Valencia.

Epidemiología

Las infecciones por hongos son una causa importante de morbimortalidad en el trasplante pulmonar (TP). Aproximadamente el 15-35% de los receptores sufren infecciones fúngicas, y las producidas por mohos (*Aspergillus*, *Scedosporium* y mucorales) son relevantes por su frecuencia o gravedad. La incidencia de Aspergilosis invasiva (AI) en el TP es la más elevada entre los receptores de trasplante de órganos.

La mayor susceptibilidad a las infecciones por hongos de los receptores de TP se produce como consecuencia de la continua exposición ambiental a las esporas o conidias, y a la incapacidad del injerto para su adecuada eliminación como consecuencia de los cambios posquirúrgicos que se producen en el pulmón.

Los mohos del género *Aspergillus* son la causa más frecuente de infección fúngica en los receptores de TP. Se estima que alrededor del 6% de los receptores (rango entre 3-15%) desarrollan una aspergilosis, con una incidencia anual del 3,8%. Entre un 3-14%, serán principalmente *Aspergillus Fumigatus*. El 58% de estas infecciones son traqueobronquitis o infecciones de anastomosis bronquiales, el 32% aspergilosis pulmonar invasiva (API) y el 22% infecciones diseminadas con afectación extrapulmonar.

La infección por *Aspergillus* es frecuente en los 6 primeros meses postrasplante, cuando los cambios en el injerto son especialmente relevantes y la intensidad de la inmunosupresión es mayor.

Factores de Riesgo

La presencia de uno de los siguientes factores de riesgo, supone alto riesgo de IFI: isquemia temprana de las vías respiratorias, colonización de *Aspergillus* previa al trasplante y



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

colonización por *Aspergillus* durante el primer año postrasplante.

Otros a tener en cuenta, inducción con Timoglobulina o Alemtuzumab, trasplante unipulmonar, infección por CMV, rechazo o mal control de inmunosupresión e hipogammaglobulinemia (IgG <400mg/dL).

Alrededor del 30% de los receptores de TP presentan colonización de la vía aérea por *Aspergillus*. En los receptores con fibrosis quística, el porcentaje de colonización puede ser mayor y son más frecuentes las formas traqueobronquiales que las invasivas.

Formas clínicas

Las formas clínicas se pueden dividir en cuatro:

- Colonización *Aspergillus Fumigatus*, post inmediato 20-30%.
- ABPA (exclusiva de FQ, anecdóticos).
- Infecciones anastomosis / traqueobronquitis con una mortalidad 25%.
- IFIs (pulmonares y diseminadas) con una mortalidad del 67-82%.

Diagnóstico

El diagnóstico de este tipo de infecciones es difícil ya que la detección es poco sensible. El aislamiento del hongo en cultivos de esputo está entre el 8 y el 34%, y el aislamiento en el BAL es positivo solo en el 62% de los casos. Esto conlleva un retraso en el diagnóstico y en el tratamiento. Los criterios diagnósticos incluyen hallazgos clínicos, radiológicos y además examen histopatológico. En ocasiones es muy difícil obtener una muestra histológica y por tanto el diagnóstico de infección comprobada es a veces una tarea muy difícil. Existen los criterios de EORT e ISHLT, estos un poco más flexibles, ya que sin confirmación histológica se pueden establecer criterios de infección.

Profilaxis

No hay una estrategia universal de actuación en materia de profilaxis. En TP existen 2 tipos de aproximaciones a la profilaxis antifúngica postrasplante inmediato: profilaxis universal, y profilaxis dirigida. Se ha demostrado que cualquier tipo de profilaxis es efectiva, pero por el momento ninguno se ha mostrado superior ni en la estrategia, ni en el fármaco ni en su



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

duración.

Tratamiento

Las guías internacionales recomiendan voriconazol o isavuconazol para el tratamiento de la infección fúngica invasiva por *Aspergillus*, especialmente en monoterapia y solo se recomiendan terapias combinadas ante aspergilosis graves, diseminadas y por otros mohos. No se recomienda la terapia primaria con Equinocandina. Si bien es cierto que se ha obtenido en ensayos clínicos en los que no han participado pacientes con FQ ni pacientes con trasplante pulmonar.

La monitorización de las concentraciones de los azoles es altamente indicada durante el tratamiento, estos fármacos al inhibir el metabolismo hay un alto riesgo de toxicidad, a tener en cuenta la reducción de más de un 50% de los inmunosupresores.

M2.P4. Histoplasmosis en Europa: ¿Enfermedad autóctona o importada?

Javier Guzmán Martínez¹, Elisabet Delgado¹, Jorge Peris¹, Francisco Jover¹, Pedro Esteve², Josep Vicente², José Miguel Seguí²

¹Department of Infectious Diseases, San Juan de Alicante University Hospital, 03550 Alicante, Spain.

²Department of Internal Medicine, San Juan de Alicante University Hospital, 03550 Alicante, Spain.

Introduction: Histoplasmosis is caused by the dimorphic fungus *Histoplasma capsulatum*. There are endemic regions in United States like Ohio and Mississippi river valleys as well as southern states, also Africa and Asia are continents where histoplasmosis is endemic. In Europe, this mycosis in humans is generally considered to be imported afflicting immigrants and travelers from endemic regions but also in recent years there has been an increase in the number of autochthonous infections.

Objectives: Review of the literature focusing on the epidemiology of histoplasmosis in Europe.

Material and methods: We conducted a review until November 2023 of case reports, case series and descriptive studies in Pubmed. Search terms included “Histoplasma”, “Histoplasmosis” and “Europe” as well as the corresponding MeSH (Medical SubjectsHeading) terms. The eligibility criteria were proven histoplasmosis in humans and animals, in geographical Europe, with no reported travel history out of geographical Europe, and availability of and abstract or full text



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

article.

Results: Since the 1950s, there have been repeatedly reported cases of autochthonous human histoplasmosis in Europe, namely patients from Italy, United Kingdom, Germany, Turkey, Switzerland, Spain and France. In endemic regions and sporadic cases, the exact exposure is difficult to pinpoint, as frequently symptoms are due to reactivation of the disease. Often the infections are asymptomatic, but a granulomatous inflammation results in pulmonary disease is possible. In immunocompromised patients, histoplasmosis can become disseminated and lead to considerable morbidity and mortality. The spread of HIV infection contributed to the increase of histoplasmosis, even if also sarcoidosis, lymphoproliferative malignancies, solid organ transplants and diabetes are underlying diseases. Common exposure settings were chicken coops or construction projects. Bird, bats, or their droppings were reported to be present in 77% of the outbreak settings, and workplace exposures were reported in half of the outbreaks.

Autochthonous origin can only be proven by phylogenetic analysis. This should be aimed in samples from humans, animals and the environment to elucidate the epidemiology of histoplasmosis in Europe by molecular techniques.

Conclusions:

Europe has been long suspected to be an endemic region for *Histoplasma capsulatum*. Some cases were described in France and particularly in Italy. The management of histoplasmosis can be challenging, especially in areas where physicians are less familiar with the recognition of the disease. Phylogenetic analysis should be aimed to connect the dots in order to better understand.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

COMUNICACIONES ORALES

CO.I.1. Pathogenic characterization of the new species, *Phialophora submersa* isolated from freshwater sediments in Spain

Ana Fernández-Bravo¹, Youssef Ahmiane¹, Enrique Monzón¹, Marta Sanchis¹, Javier Capilla¹, Josepa Gené^{1*}.

¹Unit of Microbiology, Department of Basic Health Sciences, Faculty of Medicine and Health Sciences, IISPV, University Rovira i Virgili, 43201 Reus, Spain

Phialophora submersa is a recently introduced species of black yeasts (*Chaetothyriales*), isolated from freshwater sediments in Catalonia (Spain). It is closely related to *P. americana*, a species found inhibiting soil and plant material, but it has been also described as a rare human pathogen able to cause subcutaneous infections. On the contrary, *P. verrucosa*, a species phylogenetically related and morphologically very similar to *P. americana* and *P. submersa*, has been found involved in numerous cases of human and animal infections, even with fatal outcomes. The purpose of this study is to characterize the pathogenic potential of *P. submersa* in relation to that of *P. americana* and *P. verrucosa*, as well as the susceptibility of this novel fungus to the antifungal drugs commonly used to treat fungal infections. For the pathogenic characterization, an *in vitro* study was performed using the mouse macrophage BALB/c cell line J774A.1. To determine the impact of the infection with different strains, *P. submersa* (n=2), *P. americana* (n=2) and *P. verrucosa* (n=1) on the macrophages, the intracellular survival and phagocytosis were studied, cell damage was measured by the release of lactate dehydrogenase (LDH) to the cell culture supernatant, and RT-qPCR analyzed the expression of a variety of genes related to the immune system. Also, eleven antifungals, including the novel antifungal Olorofim were used to evaluate the antifungal susceptibility patterns using CLSI M38-A2 method. The results showed that *P. submersa* induced greater phagocytosis by murine macrophages than the *P. verrucosa*, while the percentage was lower than that obtained after infection with *P. americana*. The results showed that the percentage of cell damage and intracellular survival was



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

higher after macrophage infection with *P. verrucosa* followed by *P. submersa* and *P. americana*. Also, the expression of genes related to immunity, such as the cytokines (TNF- α), chemokines (CCL3), and inflammasome genes (IL1- β) was higher after *P. verrucosa* infection, and similar between *P. submersa* and *P. americana*. In relation to the antifungal susceptibility patterns, the results were similar for the three species, showing susceptibility to azoles except for fluconazole, and echinocandins. Moderate resistance to flucytosine and amphotericin B was observed in strains of the three fungi. Meanwhile, the three *Phialophora* species showed high MIC values for Olorofim. In conclusion, this study provides new traits of the novel species *P. submersa* and the comparison of these characteristics with two known species as opportunistic pathogens. According to the results, *P. submersa* seems to present an intermediate pathogenic potential between *P. verrucosa* and *P. americana*, but more pathogenicity studies are still needed to confirm this affirmation.

CO.I.2. Estudio del proceso de adhesión e infección de hongos patógenos en su interacción con el huésped.

Berosich, Carla Mariel; Lopez-Llorca, Luis Vicente; Lopez-Moya, Federico

Laboratorio de Fitopatología – Departamento de Ciencias del Mar y Biología Aplicada-Universidad de Alicante (Alicante).

El proceso de patogenicidad de los hongos filamentosos requiere de una etapa clave como es la adhesión. En este trabajo hemos utilizado el hongo nematófago *Pochonia chlamydosporia* como modelo para estudiar este mecanismo. *Pochonia chlamydosporia* parasita principalmente huevos de nematodos. El proceso de adhesión viene determinado por la pared celular y la membrana del hongo patógeno así como algunas proteínas clave como las adhesinas. La pared celular fúngica está compuesta, mayoritariamente, por beta 1-3 glucanos (30-80%) y quitina o quitosano (1-15%). Con el fin de caracterizar el papel de la pared celular fúngica en los procesos de adhesión,



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

hemos estudiado protoplastos de *P. chlamydosporia* cepa 123 (Pc123). Para obtener protoplastos, son necesarias condiciones y enzimas que debiliten y rompan dicha pared. Hemos analizado el comportamiento de conidios y protoplastos durante los procesos de adhesión de Pc123 en huevos de *Meloidogyne javanica*. Además, hemos realizado un análisis filogenético de glicoproteínas que podrían estar involucradas en el proceso de adhesión e infección del huésped.

CO.I.3. Nuevas fuentes de antifúngicos marinos: derivados de la quitina de moluscos y extractos de algas clorófitas

Valverde-Urrea, M¹; Colom-Valiente, M.F²; López-Llorca, L.V¹. y López-Moya, F¹

¹Laboratory of Plant Pathology, Multidisciplinary Institute for Environmental Studies (MIES) Ramon Margalef, Department of Marine Sciences and Applied Biology, University of Alicante, E-03080 Alicante, Spain. ²Laboratory of Medical Mycology, Faculty of Medicine, Miguel Hernández University, Sant Joan d'Alacant, Alicante, E-03550, Spain

Las infecciones por levaduras cada vez están cobrando más importancia en el ámbito de la salud pública. La expansión de algunas especies y sobre todo la aparición de cepas resistentes a numerosos fármacos han puesto en alarma al sistema sanitario. Estos factores hacen que sea necesario la búsqueda de nuevos fármacos para tratar las infecciones provocadas por levaduras. Una fuente de moléculas con actividad farmacológica son los recursos marinos. En este trabajo se caracterizaron dos extractos de clorófitas. Un extracto metanólico, que se compone principalmente de compuestos polares, del alga verde *Ulva fasciata* y un extracto de polisacáridos de *Codium* sp. Además, se evaluó el efecto antifúngico de una formulación de quitosano. Para ello se combinaron experimentos en medio de cultivo sólidos y líquidos, realizando cinéticas de crecimiento sobre diferentes especies de *Candida*, *Cryptococcus*, *Naganishia* y *Trichosporon*. El extracto de *U.fasciata* y *Codium* sp mostraron actividad fungistática principalmente sobre *Candida* spp. Por su parte el formulado de quitosano mostró gran capacidad fungistática y fungicida, dependiendo de la concentración, frente a *Cryptococcus deneoformans*, *Cr. tetragatti*, *Clavispora lusitaniae*, y *Candida*



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

parapsilosis. Al contrario, *C.albicans* mostró gran resistencia al formulado de quitosano. Los análisis metabolómicos del extracto de *Ulva fasciata* nos permitieron identificar moléculas antifúngicas ya descritas, así como otras biomoléculas con actividad farmacológica. Nuestros resultados ponen en valor los recursos marinos como nuevas fuentes de compuestos antifúngicos con aplicación para el control de levaduras patógenas humanas.

CO.I.4. Functional characterization of Iff adhesins in the cell wall of the emerging pathogen *Candida auris*

Jesús Alberto Gómez Navajas¹, María Alvarado¹, María Teresa Blázquez Muñoz¹, Emilia Gómez Molero¹, Katherine Miranda Cadena², Elena Eraso², Piet de Groot^{1,3}

¹Centro Regional de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Castilla-La Mancha (UCLM), Albacete; ²Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao; ³Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos y de Montes y Biotecnología (ETSIAMB), UCLM, Albacete.

Candida auris is an emergent pathogenic yeast that in recent years has developed into a global health threat, and is classified by the World Health Organization as a fungal pathogen of critical importance. *C. auris* is capable of causing dangerous systemic infections and features elevated persistence on clinical surfaces as well as a high rate of resistance to current antifungal treatments.

Our research team focuses on the cell wall of *C. auris*, as its role in primary host-pathogen interaction and biofilm formation is key to pathogenicity. Because its components are fungal specific, it also represents an important target for the development of new antifungal strategies. Through our genomic analysis pipeline, we have identified and classified genes encoding cell wall proteins of *C. auris*, and performed a structural analysis of the putative functional domains of Iff adhesins. The predicted structures show a high level of similarity to other fungal and bacterial proteins involved in adhesion, supporting a similar function for the Iff adhesins of *C. auris*.

These in silico data are accompanied by comparative proteomic studies of the cell wall under various growth conditions, which revealed an enrichment of the Iff family in *C.*



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

auris in contrast to their scarcity in the cell wall of *Candida albicans*. The abundant presence of the Iff adhesins in the cell wall suggests that they may play an important role in pathogenicity of *C. auris*.

Currently we are investigating these proteins through the generation and functional characterization of deletion mutants, focusing our studies mostly on adhesion, biofilm formation and other cell surface-related properties. Our preliminary phenotypic results show that deletion of the RBR3 gene, belonging to the Iff family, results in a significant decrease in cell adhesion and biofilm formation onto polystyrene, suggesting that Rbr3 may be a key component of *C. auris* pathogenesis and persistence.

C5. Patología y nicho ecológico de agentes de micetoma en Turkana. Noroeste de Kenia

Esther Sáez Bañuz¹, Ester García Graciá¹, John Ekai²; Carmen Hernández³; Consuelo Ferrer^{1,4}, M^a Francisca Colom^{1,4}

¹Laboratorio de Micología Médica, Universidad Miguel Hernández. Alicante (España). ²Medical Diagnosis Laboratory. Lodwar County & Referral Hospital, Lodwar (Turkana. Kenya). ³Hospital Universitario San Carlos. Universidad Complutense de Madrid (España). ⁴Grupo de investigación en Biomedicina Aplicada. Instituto de Investigación Sanitaria y Biomédica de Alicante (ISABIAL).

Mycetoma is one of the six Neglected Tropical Diseases that are prevalent in Turkana County (northwest Kenya). The aim of the study was to estimate the prevalence of mycetoma in the county, as well as to describe the main causative agents involved in the disease using methods affordable locally. Based on the data collected by the team of cooperative medicine *Cirugia en Turkana* (Surgery in Turkana), a specific study for mycetoma was started in February 2019. Patients with suspected mycetoma were studied at the Lodwar County Referral Hospital (LCRH). After informing the patient and obtaining their consent, clinical data were recorded, and lesions were examined with obtention of appropriate samples (mainly by biopsy). Biopsies were washed in sterile saline and cut into fragments and processed. Environmental samples were



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

collected from different areas of the county. These consisted mainly of trees, bushes and soil with detritus. Clinical and environmental samples were inoculated onto Sabouraud dextrose agar, malt extract agar and diluted nutrient agar plates. DNA was extracted from all the samples and subjected to PCR amplification of the ITS-5.8S and V4-V5 16S rRNA gene region for detection and identification of fungi and bacteria, respectively.

From February 2019 to February 2023, 82 patients were studied, and 50 environmental samples were collected. Most of patients were men (58, 70.73%) between 12 and 78 y.o. and half of them were herdsmen. Lesions were mainly located at the feet (87.48%) and most of the patients (64; 78.04%) reported typical discharge of grains in the exudate.

Culture of clinical samples yielded 38 fungal and bacterial putative causative agents. Culture and molecular methods allowed the identification of a total of 25 causative agents of mycetoma (30.48% of cases studied). Most of them (20) corresponded to fungi causing eumycetoma (80%) with *Madurella* (7; 28%) as the most prevalent genus, with two species involved (*M. mycetomatis* and *M. fahalii*); other genus and species included: *Aspergillus* (3; 12%), *Cladosporium*, *Fusarium*, *Acremonium*, *Penicillium*, and *Trichophyton*. Actinobacteria were detected 6.1% of the cases (5), as for example *Streptomyces somaliensis*, a known agent of mycetoma. *Cellulosimicrobium cellulans* was detected in two cases and considered as a new actinobacteria causing mycetoma.

The study of the environmental samples yielded 40 species identified out of 50 samples, where 12 corresponded to known causative agents of mycetoma (10 eumycotic agents and 2 species causing actinomycetoma). Species previously described in the literature such as *Madurella mycetomatis*, *A. flavus* and *Chaetomium* and some not previously described such as *Curvularia neoindica*, *Cellulosimicrobium cellulans* and *Cellulosimicrobium funkei* were identified. Samples from *Acacia nilotica*, the most abundant tree in the region, were the ones that offered more mycetoma agents.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

Therefore, this tree can be considered as the main ecological niche of mycetoma agents.

Although Kenya is geographically located in the mycetoma belt, to our knowledge this is the first report on mycetoma in this country from 1973, and the first one for Turkana County.

This study received the financial support the financial support of the Generalitat Valenciana (<https://participacio.gva.es/va/ajudes-i-subvencions>) in two consecutive calls: 2019 (reference: SOLCIF/2018/0001) and 2020 (Reference: SOLCIF/2020/0005) and has been partially published in PLoS Neglected Tropical Diseases (PLoS NTD 17(8):e0011327.

<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011327><https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011327>

CO.II.2. Three is a crowd.

Ignacio Boira, Violeta Esteban, Eusebi Chiner.

Pulmonology Department. San Juan de Alicante University Hospital, Spain

A 43-year-old woman, without drug allergies, never smoker, with an allergic asthma and several hospital admissions in recent years for acute respiratory failure with ground glass infiltrates, bronchiectasis and severe airflow obstruction. She came to the emergency department with fever of 38°C, dyspnea and cough with white mucus. Chest X-ray showed a nodular lesion in the left upper lobe with volume loss associated with a glove finger image in the lateral projection (Figure 1). Antibiotic coverage was started with Meropenem 1g/8h and systemic corticosteroids (1mg/kg/day). Thoracic computed axial tomography (CT) showed central cystic bronchiectasis with a solid intracavitary lesion in the apicoposterior segment of the left upper lobe (LSI) and ground glass infiltrates pattern in the middle lobe (ML) and right lower lobe (RID) (Figure 2). Fibrobronchoscopy allowed the removal of multiple mucus plugs and bronchoaspirate and bronchoalveolar lavage (BAL) were performed in ML.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

Bacterial cultures were negative while fungal cultures showed growth of *Aspergillus fumigatus* (Figure 3). BAL cellularity showed 45% lymphocytes with CD/CD8 ratio: 0.75. The analytical study showed eosinophilia (700 cells/ μ L), elevated IgE 1690 IU/mL (0-100 IU/mL), IgG *Aspergillus fumigatus* 35.2 KU/L (0-0.35 KU/L) and IgE *Aspergillus fumigatus* 54.1 KU/L (0-0.35 KU/L). After meeting all the diagnostic criteria of the ISHAM group, a diagnosis of allergic bronchopulmonary aspergillosis (ABPA) with associated hypersensitivity pneumonitis (HN) and aspergilloma in LSI was established, starting voriconazole 200mg/12h for 6 months, systemic corticosteroids in a descending pattern for 8 weeks and was referred to thoracic surgery being dismissed. The patient presented a torpid evolution with several hospital admissions and biological treatment with dupilumab was initiated with clinical and radiological improvement.

Pulmonary aspergillosis is an infection caused by the inhalation of *Aspergillus fumigatus* spores presenting a wide spectrum of clinical and radiological manifestations. ABPA develops in asthmatic patients or cystic fibrosis, in which an exaggerated immunological response mediated by type I and III hypersensitivity reaction to *Aspergillus* colonization produces bronchial wall damage, bronchiectasis and pulmonary fibrosis. Characteristic features include mucosal impactions, radiological opacities and increased peripheral blood eosinophils (>500 cells/ μ L), IgE (>1000 IU/mL), IgG *Aspergillus fumigatus* and IgE *Aspergillus fumigatus*. In aspergilloma, a conglomerate of hyphae, mucin, fibrin and inflammatory cells is produced in a pre-existing lung cavity. It happens mainly in the upper lobes due to high oxygen concentrations and may produce hemoptysis. In early stages it may be mobile. Surgical treatment is performed in the presence of complications such as hemoptysis or ABPA. HN is produced by an inflammatory response to inhaled antigens mediated by CD8+ lymphocytes and IgG produced by plasma cells activated due to Th1 lymphocytes. It presents a bronchoalveolar lavage with a lymphocyte predominance with a decreased CD4/CD8 ratio and increased specific IgG.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

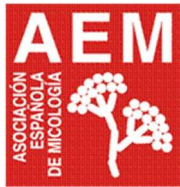
The coexistence in the same patient of three manifestations of pulmonary aspergillosis such as HN, ABPA and aspergilloma is an exceptional condition that requires individualized treatment.

CO.II.3. MATCH fungal Dx: solución diagnóstica global para el tratamiento de las infecciones fúngicas invasivas.

Avelina Moreno-Ochando¹, Laura López-López¹, Rafael SusínCarmona¹, Carlos E. Fernández-García¹, José A. Picó-Monllor^{1,2}, R. Alín TobaresColman¹, Adrián H. Teruel¹

¹MATCH Biosystems, S.L. Edificio Quórum IV, Universidad Miguel Hernández- Parque científico, Avd. de la Universidad s/n, 03202 Elche, España. ² Departamento de Farmacología, Pediatría y Química Orgánica, Facultad de Farmacia, Universidad Miguel Hernández (UMH), 03202 Elche, España.

MATCH es una startup biotech fundada en 2020, ubicada en el Parque Científico de la Universidad Miguel Hernández. Nos dedicamos al Diagnóstico rápido de infecciones en pacientes críticos y SEPSIS. Nuestra primera SOLUCIÓN DIAGNÓSTICA GLOBAL está enfocada en la necesidad creciente manifestada por la OMS de diagnóstico para Infecciones fúngicas invasivas como la candidiasis invasiva. Consistiendo en kits de diagnóstico capaces de reducir los tiempos de diagnóstico de 2-5 días y fiabilidad 50-60% (gold standard actual) a 2-5 horas y fiabilidad >95% (MATCH v.1.0 Global Dx Solution for Invasive Fungal Infections). Para esta aplicación, escogemos como plataforma tecnológica la PCR en tiempo real (por el momentum generado tras el CoVID) y adaptamos nuestras formulaciones para ofrecer una solución accesible, y fácil de usar.



Asociación Española de Micología

Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología
Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco
Barrio Sarriena, s/n, 48940 – Leioa (Vizcaya), España
Tel.: +34 94 601 3226, Fax: +34 94 601 3495
revista.iberoamericana-micologia@ehu.eus

SITUACIÓN DE LA SEDE Y TRANSPORTE

Localización de la Facultad de Medicina (Campus de San Juan/Hospital Universitario)

<https://www.google.es/maps/@38.3900036,-0.4229388,12.63z?hl=es>

LÍNEAS DE BUS

Línea 23. Alicante sur y centro – Hospital de San Juan

<https://alicante.vectalia.es/wp-content/uploads/sites/2/2019/02/Linea-23-v6.pdf>

Línea 11H. Alicante norte (gran vía – Hospital de San Juan)

<https://alicante.vectalia.es/linea/linea-11h-virgen-del-remedio-hospital-de-sant-joan/#linea=11H>

Línea 38. Alicante Playa de San Juan – Hospital de San Juan

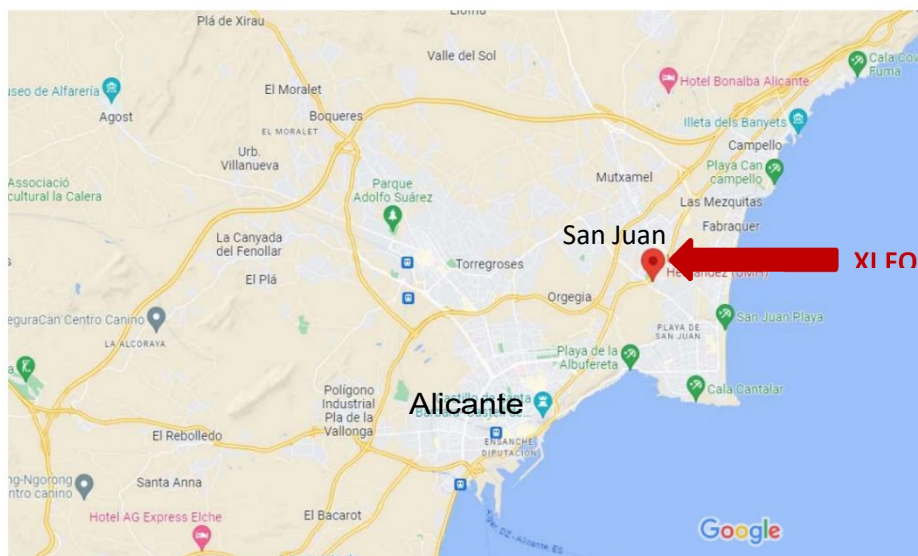
<https://alicante.vectalia.es/wp-content/uploads/sites/2/2019/01/Linea-38-v7.pdf>

Desde el pueblo de San Juan (*Sant Joan d'Alacant*) se puede ir andando a la Facultad de Medicina



Universidad Miguel Hernández (UMH)

La sede es en la Facultad de Medicina de la UMH



XI FORUM MICOLÓGICO