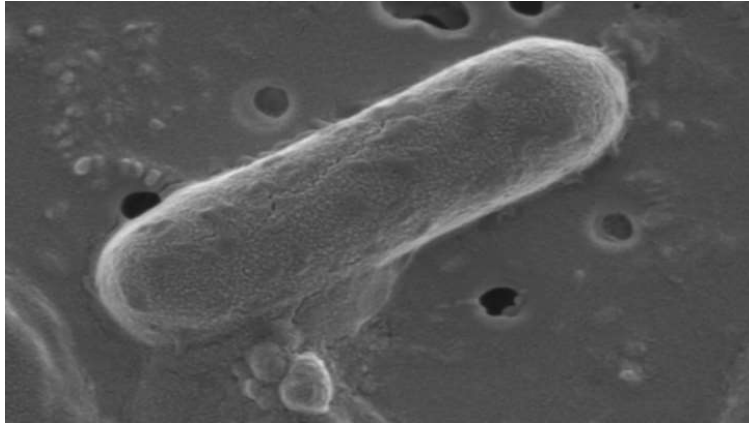


19/11/2020

***Thalassocella blandensis*: una nueva bacteria marina**



Un grupo de investigadores del Departamento de Genética y Microbiología de la UAB, en colaboración con otras instituciones españolas, han caracterizado una nueva bacteria marina de la familia *Cellvibrionaceae*. Su morfología, su forma de vida y su baja similitud genética con otros organismos de la misma familia la hacen candidata para ser incorporada a la lista de nuevos descubrimientos en el campo de la microbiología.

Image of scanning electron microscopy (SEM) showing the bacterium *Thalassocella blandensis* (source: Lucena et al 2020, Int J Syst Evol Microbiol 70, 1231-1239)

Describir los seres vivos con los que compartimos la Tierra es una tarea apremiante en un contexto de cambio global y extinciones masivas. En el caso de animales y plantas tenemos una idea aproximada del número total de especies, pero con los microorganismos nuestra ignorancia es enorme. Algunas estimaciones dicen que convivimos con 10^{12} especies de microorganismos y solamente hay descritos unos miles. Por eso, avanzar en la descripción de especies microbianas es un paso esencial en la buena dirección.

Investigadores del Departamento de Genética y Microbiología de la UAB, del Instituto de Ciencias del Mar (ICM-CSIC), del Centro Nacional de Biotecnología (CNB-CSIC) y de la Colección Española de Cultivos Tipo (CECT) – Universitat de València, han caracterizado un nuevo microorganismo que representa un nuevo género y una nueva especie de la familia de bacterias *Cellvibrionaceae*, dentro de la clase de las Gammaproteobacteria. Esta bacteria se aisló a partir de agua de mar superficial procedente de la Bahía de Blanes, en el Mar Mediterráneo, y por ello se propuso el nombre *Thalassocella blandensis* (*Thalassocella*: una

célula del mar, *blandensis*: perteneciente a Blande o Blanda, el nombre que los romanos utilizaban para la ciudad de Blanes).

Los miembros de la familia *Cellvibrionaceae* viven en ambientes marinos y poseen la capacidad de degradar una amplia variedad de compuestos polisacáridos, como la celulosa, el agar, el almidón o la quitina entre otros. Algunas de sus especies establecen relaciones simbióticas con moluscos o algas, o bien se han aislado de agua de mar costera, o de sedimentos. *T. blandensis* concretamente es una bacteria Gram-negativa, con forma de bacilo y móvil, debido a la presencia de un único flagelo en un extremo de la célula. Es estrictamente aeróbica y quimioorganoheterotrófica (significa que utiliza compuestos orgánicos para crecer). Es capaz de usar celulosa como única fuente de carbono y energía, pero también puede utilizar varios carbohidratos, ácidos orgánicos y aminoácidos. Es una bacteria mesófila (crece a temperaturas intermedias), neutrófila (requiere pH neutro) y moderadamente halófila, con un requerimiento absoluto de sodio y de magnesio para su crecimiento.

La secuenciación del genoma de *T. blandensis* mostró que tiene un tamaño de 6.085.336 pares de bases y confirmó la presencia de una gran variedad de genes con un amplio potencial de degradación de polisacáridos, tal y como exhiben otros miembros de la familia *Cellvibrionaceae*, tales como *Agarilytica rhodophyticola*, *Teredinibacter turnerae*, *Saccharophagus degradans* o *Agaribacterium haliotis*, que conforman un mismo clado junto a *T. blandensis*. Sin embargo, la baja similitud genética y fenotípica de dicho microorganismo con otras especies pertenecientes a este grupo indican que *T. blandensis* representa un nuevo género y una nueva especie dentro de la familia *Cellvibrionaceae*.

Olga Sánchez

Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Biociencias, Universitat Autònoma de Barcelona.

Olga.Sanchez@uab.cat

Referencias

Teresa Lucena, David R. Arahal, Isabel Sanz-Sáez, Silvia G. Acinas, Olga Sánchez, Rosa Aznar, Carlos Pedrós-Alió, María J. Pujalte. ***Thalassocella blandensis* gen. nov., sp. nov. A novel member of the family Cellvibrionaceae.** *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (2020) 70, 1231-1239. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003906>

[View low-bandwidth version](#)