



XVI CONGRESO NACIONAL DE MICOLOGÍA



LIBRO DE COMUNICACIONES

#77 - Póster

Queratitis Corneal: Análisis Clínico Y Microbiológico En Un Hospital Terciario (2010-2024)

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Alba Ruiz Gaitan, Antonio Rego Sobrido, Leticia Castellano S, Paula Muñoz Brell, Pedro Urquiza Suárez, Javier Peman Garcia, Jose Luiz Lopez Hontangas

Hospital La Fe, Valencia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción: La queratitis infecciosa es una causa importante de ceguera corneal en todo el mundo, originada por patógenos bacterianos, fúngicos, virales o protozoarios. Factores de riesgo incluyen traumatismo ocular, lentes de contacto y cirugías corneales previas.

Materiales y Métodos: Se realizó un estudio retrospectivo de las muestras de raspado corneal analizadas en el Servicio de Microbiología del Hospital La Fe (2010 -2014). Se recopilaron datos demográficos, factores de riesgo, tratamientos y evolución clínica.

Resultados: Se analizaron un total de 1.233 cultivos. De estos, 22 (1,8%) presentaron crecimiento fúngico, 401 (32,5%) para bacterias y en 810 (65,7%) no se evidencio crecimiento. *Fusarium* spp. (36,4%) fue el hongo más frecuente, seguido de *Candida* spp. (31,8%) y *Aspergillus* spp. (13,6%). Otros aislamientos menos frecuentes incluyeron *Cryptococcus albidus*, *Alternaria* spp y *Penicillium* spp. Los principales factores de riesgo asociados a la queratitis fúngica fueron las intervenciones oculares previas como trasplante corneal (27,3%), el uso de lentes de contacto (18,2%) y enfermedades sistémicas como diabetes mellitus e inmunosupresión (22,7%). En el 22,7% de los casos no se identificaron factores de riesgo. El tratamiento principal fue voriconazol (63,6%), seguido de anfotericina B (45,5%) y natamicina combinada con antibióticos en coinfección bacteriana. Se observó resolución en 40,9%, pero el 22,7% tuvo secuelas visuales y el 18,2% requirió cirugía. Las infecciones bacterianas fueron más frecuentes, con *Staphylococcus spp* (45,1%) como el patógeno predominante, seguido de *Pseudomonas aeruginosa* (19,0%), y otros patógenos (21%).

Conclusiones: i) La queratitis corneal presenta un amplio espectro etiológico; ii) Las infecciones fúngicas fueron menos frecuentes que las bacterianas, pero con mayor necesidad de tratamiento antifúngico prolongado y cirugía; iii) El diagnóstico microbiológico temprano mejora el pronóstico y reduce la necesidad de cirugía.

#76 - Oral

Explorando Mecanismos Sinérgicos Antifúngicos: Extractos Vegetales Y Péptidos Como Terapias Emergentes Contra *Candida Spp.*

09 - Sensibilidad antifúngica

Claudia M Parra Giraldo¹, Yerly Vargas Casanova², Luis Fernando Quejada Sanchez², Geison Modesti Costa², Raquel Martinez Lopez³, Lucía Monteoliva Diaz³

1. Universidad Europea de Madrid, Madrid, España
2. Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia
3. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La resistencia a los antifúngicos convencionales y la toxicidad asociada a estos tratamientos constituyen desafíos críticos en el manejo de infecciones causadas por *Candida spp.*, especialmente en pacientes inmunocomprometidos. En este trabajo, se presentan los hallazgos más recientes sobre alternativas terapéuticas basadas en el uso de compuestos naturales, como extractos vegetales y péptidos antimicrobianos, mediante un enfoque integral que combina microbiología, proteómica y análisis bioinformáticos.

El extracto etanólico de hojas de *Anacardium occidentale* y el péptido R-1-R, derivado de la lactoferrina bovina, fueron evaluados por sus efectos antifúngicos individuales y en combinación con extractos de *Bidens pilosa*. Ambos compuestos demostraron ser altamente efectivos para inhibir el crecimiento de *Candida albicans* y *C. auris*, incluyendo cepas resistentes a fluconazol, con un marcado impacto en la prolongación del tiempo de duplicación celular y la alteración de procesos fundamentales como la biosíntesis de membrana, el transporte celular y la respuesta al estrés oxidativo.

Los estudios revelaron que estos tratamientos inducen la acumulación de especies reactivas de oxígeno (ROS), estrés en el retículo endoplasmático y disfunción mitocondrial, lo que desencadena daño significativo en la superficie celular y pérdida de viabilidad fúngica. De manera particular, la combinación del péptido R-1-R con extracto de *B. pilosa* mostró un efecto sinérgico, regulando a la baja proteínas clave en procesos críticos, lo que evidencia la potencia terapéutica de estrategias combinatorias.

Estos hallazgos resaltan el potencial de compuestos naturales como herramientas terapéuticas innovadoras frente a infecciones fúngicas invasivas, ofreciendo perspectivas prometedoras para abordar el problema de la resistencia antifúngica y avanzar hacia el diseño de tratamientos más efectivos y seguros.

#75 - Póster

Influencia De La Adenilato Ciclasa En La Expresión De Pdr Y Su Papel En La Resistencia A Los Azoles En Rhizopus Microsporus.

09 - Sensibilidad antifúngica

Laura Camuña Pardo¹, Javier Capilla Luque¹, Marta Sanchis Talón¹, Carlos Lax Molina², Victoriano Garre Mula²

1. Universitat Rovira i Virgili, Reus, España
2. Universidad de Murcia, Murcia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Influencia de la adenilato ciclasa en la expresión de pdr y su papel en la resistencia a los azoles en Rhizopus microsporus.

La mucormicosis por *R. microsporus* se asocia a una tasa de mortalidad cercana al 100% según los factores predisponentes de los pacientes y su elevada resistencia a los fármacos antifúngicos. Un posible mecanismo de resistencia es la actividad de bombas de eflujo catalizada por la superfamilia de transportadores ABC (ATP binding cassette). Hemos identificado 6 genes en *R. microsporus* que codifican para transportadores PDR (pleiotropic drug resistance), una subfamilia de transportadores ABC, cuya expresión se ve modificada por la adenilato ciclasa (AC). Mediante CRISPR-Cas9 se generaron mutantes simples y dobles mutantes defectivos en las enzimas AC (adcy) 1 y 2 con el objetivo de valorar su papel en la expresión de PDRs, la adquisición de resistencias a azoles y tolerancia al estrés celular. Para ello se estudió la susceptibilidad antifúngica siguiendo la metodología de CLSI-M38. La tolerancia al estrés celular se evaluó mediante crecimiento radial en medios suplementados con distintos compuestos. Tras la exposición continuada a concentraciones crecientes de posaconazol (PSZ) e itraconazol (ITZ), se generaron aislados de las cepas resistentes a ambos compuestos, se cuantificó la tasa de resistencias adquiridas y se cuantificó la expresión de los genes pdr mediante PCR semicuantitativa antes y después de la exposición a los azoles. Las cepas mostraron las mismas concentraciones mínimas inhibitorias y no se observaron diferencias significativas en la resistencia al estrés. Sin embargo, se observó un mayor desarrollo de colonias resistentes a ITZ en la cepa adcy1 y a PSZ en la cepa adcy2. El pdr1 mostró una sobreexpresión en respuesta a ambos azoles siendo mayor en el caso del ITZ. Aunque de forma preliminar, nuestros resultados indican que los pdr estudiados parecen estar implicados en distintos grados en la resistencia a éstos azoles.

Análisis Transcriptómico De Los Mecanismos De Degradación De Lignocelulosa En Hongos White Rot Y Brown Rot

01 - Micología aplicada a la biotecnología

Idoia Jiménez^{1,2}, Manuel Alfaro^{1,2}, Edurne Garde^{1,2}, Ana Fernández-Morales^{1,2}, Jusdin Ruiz-Umaña^{1,2}, Gumer Pérez^{1,2}, Anna Lipzen³, Kathleen Lail³, Diane Bauer³, Kerrie Barry³, Igor V. Grigoriev^{3,4}, Lucía Ramírez^{1,2}, Antonio G. Pisabarro^{1,2}

1. Institute for Multidisciplinary Research in Applied Biology (IMAB), Pamplona, España
2. Universidad Pública de Navarra (UPNA), Pamplona, España
3. DOE Joint Genome Institute, Lawrence Berkeley National Laboratory, Berkeley, CA, USA, Berkeley, Estados Unidos
4. Department of Plant and Microbial Biology, University of California Berkeley, Berkeley, CA 94598 USA, Berkeley, Estados Unidos

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los hongos degradadores de madera desempeñan un papel esencial en los ecosistemas al descomponer la lignocelulosa, la compleja estructura de las paredes celulares de las plantas. Entre ellos, los hongos de podredumbre blanca (WRF) y marrón (BRF) poseen estrategias distintas para esta tarea. Los WRF emplean enzimas oxidativas para descomponer completamente lignina y celulosa, mientras que los BRF se centran en la degradación de celulosa mediante la reacción de Fenton, preservando la lignina. Para estudiar sus adaptaciones a diferentes fuentes de carbono, se analizaron los transcriptomas de tres especies de WRF—*Phanerochaete chrysosporium*, *Heterobasidion irregulare* y *Pleurotus ostreatus*—y dos de BRF—*Fomitopsis schrenkii* y *Rhodonia placenta*—cultivadas en medios con glucosa y madera de chopo como únicas fuentes de carbono. Los WRF mostraron una sobreexpresión de genes relacionados con el metabolismo y transporte de carbohidratos, destacando su amplio repertorio enzimático, que incluye celulasas y enzimas ligninolíticas (AA3_1, AA9, GH6, GH7). Un hallazgo clave fue que las enzimas de la familia GH16 se sobreexpresaron en las cinco especies al cultivarlas en madera, indicando su papel central en la degradación de lignocelulosa. En los BRF, la GH16 presentó niveles de transcripción más altos que en los WRF, sugiriendo una adaptación clave a su estrategia degradativa. La ausencia de GH6 y GH7 en los BRF sugiere que GH16 pudo haber evolucionado antes que estas celulasas especializadas. Esta investigación resalta los caminos evolutivos divergentes de WRF y BRF, proporcionando información valiosa sobre sus mecanismos de degradación de lignocelulosa, con implicaciones para mejorar la producción de biocombustibles.

#72 - Oral

Caracterización De Nuevas Funciones De Las Ferritinas Humanas Y De Soja A Través De Su Expresión Heteróloga En El Modelo Microbiano *Saccharomyces Cerevisiae*

03 - Micología molecular

Nuria Pujol Carrión, Maria Ángeles De La Torre Ruiz

Universitat de Lleida-IRBLleida, Lleida, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

El hierro es un micronutriente esencial para todas las células, es un cofactor de múltiples proteínas que participan en procesos vitales como la respiración, metabolismo lipídico, traducción, biogénesis de aminoácidos, reparación de DNA etc. Alteraciones en su metabolismo están asociadas al desarrollo de diversas patologías y su exceso provoca estrés oxidativo debido a las reacciones de Fenton y Haber-Weiss (1,2). Las ferritinas son proteínas globulares que se autoensamblan en macroestructuras denominadas nanocajas presentes en todos los seres vivos, excepto en algunos hongos, como es el caso de las levaduras. Catalizan la oxidación de Fe^{2+} a Fe^{3+} que es almacenado como un núcleo mineral bioseguro, evitando así el efecto oxidativo antes citado provocado por el hierro libre. Son verdaderos almacenes de hierro biodisponible (2). En este trabajo utilizamos *Saccharomyces cerevisiae* como un sistema heterólogo, en donde expresamos las ferritinas humanas (H y L) y de soja (H1 y H2) (3) con el objetivo de estudiar y caracterizar nuevas funciones moleculares y bioquímicas relacionadas con el metabolismo del hierro, el estrés oxidativo y el daño en el DNA. Nuestros resultados muestran diferencias entre las ferritinas humanas y las de soja en relación con su estabilidad y degradación dependiente de hierro, pero también evidencian funciones conservadas en relación a la protección frente a estrés oxidativo provocado por H_2O_2 hierro y frente a roturas en la doble cadena (DSB) del DNA debido al daño oxidativo. Gracias a la utilización de *S. cerevisiae* como sistema de expresión heteróloga modelo, hemos podido caracterizar nuevas funciones de interés biotecnológico además de una elevada conservación funcional entre ferritinas animales y vegetales.

1. Sudarev et. al. 2022. Int J Biol Macromol. 2023. 224:319-343.

2. Koppenol, W.H. and Hider, R.H. (2019). Free Radic Biol Med 133: 3–10.

3. Pujol et. al. 2022. Microb Biotechnol. 15 (5):1525-1541.

BIOPROSPECCIÓN EN EXUDADOS FÚNGICOS, UTILIZANDO COMO MODELO A *Omphalotus Olearius* (DC.) Singer

01 - Micología aplicada a la biotecnología

Jusdin Ruiz-Umaña^{1,2}, Gumer Pérez^{1,2}, Oihane Simón^{1,2}, Edurne Garde^{1,2}, Idoia Jiménez^{1,2}, María Isabel Calvo^{3,4}, Antonio G. Pisabarro^{1,2}, Lucia Ramírez^{1,2}

1. Universidad Pública de Navarra (UPNA), Pamplona, España
2. Institute for Multidisciplinary Research in Applied Biology (IMAB), Pamplona, España
3. Universidad de Navarra, Pamplona, España
4. Departamento de Farmacia y Tecnología Farmacéutica., Pamplona, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La gutación fúngica es un fenómeno caracterizado por la exudación activa de agua y sustancias disueltas, principalmente metabolitos secundarios “SM” y proteínas, esenciales para adaptación y supervivencia del hongo en su entorno. En el laboratorio la producción de una cantidad variable de estos exudados depende de la composición del medio de cultivo y la temperatura de incubación, entre otros. En la industria el estudio y producción de exudados y sus SM en basidiomicetos no se ha desarrollado tanto como en ascomicetos. Atendiendo esta situación, el estudio se enmarca en el *screening* guiado por actividad de los de exudados producidos a partir de aislados de basidiomicetos recolectados en los bosques navarros. Para ello, en una primera fase se construyó un protocolo de aislamiento, optimización del cultivo y búsqueda de actividad antioxidante, antimicrobiana y larvívica, utilizando exudados obtenidos *in vitro* a partir de cultivos de *Omphalotus olearius* en agar Sabouraud y agar YEPD (extracto de levadura, peptona y dextrosa) y agar SMY (sacarosa, extracto de malta y extracto de levadura). Estos ensayos preliminares muestran que, los exudados producidos en los medios agar Sabouraud y agar YEPD presentan actividad antioxidante. Por su parte, los exudados obtenidos en agar SMY (sacarosa, extracto de malta y extracto de levadura) inhiben el crecimiento de cepas de *Staphylococcus epidermidis*, *S. aureus*, *Bacillus subtilis* y *Micrococcus luteus*. Además, se observó que el exudado en SMY ralentizan el desarrollo del ciclo biológico de *Spodoptera littoralis* disminuyendo más del 50% del peso de las larvas (día 14) y de las crisálidas (día 19). Estos resultados marcan un inicio potencialmente prometedor, abriendo la opción de ampliar el número de basidiomicetos aislados y caracterizar las moléculas, presentes en los exudados, desde los puntos de vista funcional, molecular y genético.

#69 - Póster

Análisis De Las Interacciones Entre El Genoma Nuclear Y Mitocondrial En Cepas De *Pleurotus Ostreatus*

01 - Micología aplicada a la biotecnología

Edurne Garde^{1,2}, Gumer Pérez^{1,2}, Jusdin Ruiz-Umaña^{1,2}, Idoia Jiménez^{1,2}, Antonio G. Pisabarro^{1,2}, Lucía Ramírez^{1,2}

1. Institute for Multidisciplinary Research Institute in Applied Biology (IMAB), Pamplona, España
2. Public University of Navarra (Upna), Pamplona, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Pleurotus ostreatus es un hongo filamentoso comestible de amplia distribución, con valor nutricional y propiedades biotecnológicas de interés. En su ciclo de vida, los monocariontes pueden donar o aceptar otro núcleo. Cuando un monocarionte puede tanto aceptar como donar su núcleo, se producen los denominados cruces bidireccionales. Esta situación puede generar una incompatibilidad entre los genomas nuclear y mitocondrial, y ocurrir una esterilidad en el parental considerado masculino. La composición mitocondrial del monocarionte que acepta el núcleo es la que se transmite al nuevo dicarionte. Las mitocondrias son responsables de la respiración celular y juegan un papel esencial en la respuesta al estrés. Para analizar la interacción entre el núcleo y las mitocondrias, y cómo esta interacción puede afectar al crecimiento y la aptitud de la cepa, obtuvimos cepas dicarióticas con la misma composición nuclear, pero con diferentes tipos mitocondriales. Utilizamos monocariontes de crecimiento rápido (F) y lento (S) derivados del parental N001, que contenían las mismas mitocondrias (n) y se cruzaron con un tester (T) que contenía mitocondrias diferentes (t). De esta manera, se obtuvieron dicariontes con la misma composición nuclear pero diferentes contextos mitocondriales: F x T y S x T con mitocondria n o t. Las cepas se cultivaron bajo estrés abiótico variando las fuentes de carbono y la temperatura. Además, se caracterizó la producción. En los dicariontes de crecimiento rápido, no se encontraron diferencias en la velocidad de crecimiento entre las cepas atendiendo a la herencia mitocondrial. Sin embargo, una de las cepas que derivaba de un parental de crecimiento lento mostró diferencias significativas en la velocidad de crecimiento y en la producción atendiendo a la herencia mitocondrial, demostrando así la interacción entre el genoma nuclear y mitocondrial, y su efecto en la velocidad de crecimiento y en la producción de los cuerpos fructíferos.

#68 - Oral

El Micetoma: Una Enfermedad Tropical Desatendida En Kenia

08 - Micosis cutáneas y superficiales

María Francisca Colom Valiente^{1,2}, John Ekai Lochuke³, Mary Atieno Ogutu³, Consuelo Ferrer Rodríguez¹, Carmen Hernández Pérez^{4,2}

1. Universidad Miguel Hernández, Sant Joan D'Alacant, España
2. Cirugía en Turkana, Lodwar, Kenia
3. Lodwar County and Referral Hospital, Sant Lodwa, Kenia
4. Hospital Clínico San Carlos, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

El micetoma, una de las micosis declaradas por la OMS como Enfermedad Tropical Desatendida (OMS. Asamblea General 2016), es una infección crónica devastadora del tejido celular subcutáneo que de forma lenta va implicando la piel y estructuras profundas, incluyendo musculatura y huesos. La ONG Cirugía en Turkana detectó una alta incidencia de la enfermedad en sus campañas en Turkana, por lo que en 2019 se inició un estudio sistemático con recogida de casos y muestras. Hasta 2024, la prevalencia estimada del proceso en Turkana es de 1,94 casos por 100.000 habitantes y año, lo que se considera similar a otras regiones de África oriental en las que es muy prevalente, como Sudán. Los casos estudiados se distribuyen en todos los subcondados y, aunque es la única región de Kenia en la que se ha reportado la enfermedad, sospechamos que esto se debe a falta de asistencia sanitaria. Por el momento tenemos 102 casos diagnosticados, con 22 pacientes en tratamiento y seguimiento. La mayoría (79%) se dan en hombres y en población joven (media 33 años). La zona más afectada son los pies, aunque registramos casos en manos, cadera, cabeza, y otros. La identificación etiológica es compleja y hasta el momento, un 21% son actinomicetomas, producidos por *Streptomyces somaliensis* y *Cellulosimicrobium cellulans* como agentes más importantes, estos suelen responder bien al tratamiento con cotrimoxazol solo o combinado con amikacina. El resto de los identificados (30%) son eumicetomas que responden de forma irregular al tratamiento con azoles, siendo el más eficaz el itraconazol, pero del que tenemos muy baja disponibilidad en Kenia, y siempre con un alto coste. Los agentes causales más frecuentes son *Madurella mycetomatis*, *Madurella fahalii*, especies de *Aspergillus*, *Subramaniula*, *Chaetomium* y *Cladosporium*. Además del problema físico y de salud que ocasiona el micetoma, la enfermedad es altamente estigmatizante para los pacientes, lo que genera un alto impacto psico-social en los mismos.

Análisis De La Resistencia A Antifúngicos En Infecciones Fúngicas Invasivas En Tres Hospitales: Proyecto FunResNet

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Samuel Cano Pascual^{1,2}, Laura Alguacil Cuéllar¹, Manuela Aguilar Guisado^{2,3}, Anastasiia Hrynzovska¹, Pablo Jorge Monjas^{2,4}, Teresa Nebreda Mayoral^{2,4}, Zaira Palacios Baena^{2,5}, Maite Ruiz Pérez De Pipaón^{2,3}, Ana Isabel Suárez Barrenechea⁵, Óscar Zaragoza Hernández^{1,2}, Ana Alastruey Izquierdo^{1,2}, En Nombre Del Proyecto Funresnet De Ciberinfec²

1. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, España
2. Centro de Investigación Biomédica en Red, CIBERINFEC Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
3. Hospital Virgen del Rocío, Sevilla, España
4. Hospital Clínico de Valladolid, Valladolid, España
5. Hospital Virgen de la Macarena, Sevilla, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las infecciones fúngicas invasivas (IFIs) son infecciones diseminadas causadas por hongos, principalmente de los géneros *Candida* y *Aspergillus*. En el tratamiento de las IFIs se emplean tres familias de antifúngicos: azoles, polienos y equinocandinas. La resistencia a estos fármacos es un problema de salud pública al alza reconocido por autoridades sanitarias como la OMS y CDC. Analizar la resistencia a antifúngicos de IFIs probadas y probables de 3 centros hospitalarios españoles. Se incluyeron las cepas aisladas de pacientes con infecciones probadas por levaduras (n=94) y probadas y probables por hongos filamentosos (n=54) de tres hospitales terciarios españoles entre marzo y noviembre de 2024. Se identificaron mediante la secuenciación de regiones informativas y la sensibilidad a antifúngicos por el método EUCAST.

Se incluyeron 54 hongos filamentosos y 94 levaduras. *Aspergillus* spp. fue el género predominante (n=50) dentro de las IFIs causadas por hongos filamentosos, destacando *Aspergillus fumigatus* (n=26, 48%) como principal agente causal, se identificaron 3 aislados del género *Fusarium* y un mucoral. Una cepa de *A. fumigatus* fue resistente a azoles (2%). El género *Candida* (incluyendo *Nakaseomyces glabratus* y *Pichia kudriavzevii*) se aisló en 91 de los 94 casos de levaduras incluidos. *C. albicans* (n=25, 25,6%), *Nakaseomyces glabratus* (n=25, 25,6%) y *C. parapsilosis* (n=21, 22,3%) fueron las especies más frecuentes. Nueve *C. parapsilosis* fueron resistentes a los azoles (42.9%) y una cepa resistente a anidulafungina. Se encontraron 5 cepas de *N. glabratus* resistentes a fluconazol, y dos resistentes a equinocandinas.

Candida y *Aspergillus* representaron más del 95% de las infecciones fúngicas del estudio. *C. albicans*, *N. glabratus* y *A. fumigatus* fueron las especies más frecuentes. La resistencia a azoles fue baja en *A. fumigatus* pero elevada en *C. parapsilosis*.

#66 - Póster

Caracterización Biológica Y Proteómica De Un Aislado Clínico De *Candida Albicans* Resistente A Azoles.

03 - Micología molecular

Julio Jesús Estrada Valbuena¹, Raquel Martínez López¹, Claudia Marcela Parra Giraldo²

1. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España
2. Universidad Europea de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida albicans es un hongo oportunista responsable de infecciones que van desde cuadros superficiales hasta sistémicas en pacientes inmunocomprometidos. El tratamiento principal incluye azoles, siendo la resistencia a estos antifúngicos un desafío creciente en la práctica clínica. Este estudio compara un aislado clínico resistente a azoles (*C. albicans* PUJ256) con la cepa de referencia SC5314, evaluando diferencias en susceptibilidad antifúngica, crecimiento, filamentación y perfil proteómico. Se determinaron las concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) utilizando tiras Etest®. PUJ256 presentó CMIs significativamente más altas frente a fluconazol, voriconazol, itraconazol y posaconazol, confirmando su resistencia. Ambas cepas mostraron un tiempo de generación de 2 horas; sin embargo, PUJ256 exhibió una fase de latencia más prolongada y absorbancias más bajas en la fase estacionaria. La filamentación se evaluó en medios Spider, Sabouraud + 0.04% SDS y YPD. SC5314 mostró mayor invasión en Spider, colonias rugosas en YPD y crecimiento sin filamentación en Sabouraud + 0.04% SDS. En contraste, PUJ256 no filamentó, formó colonias lisas y no creció en Sabouraud + 0.04% SDS. El análisis proteómico identificó 1896 proteínas, de las cuales 196 fueron exclusivas de PUJ256 y 95 de SC5314. PUJ256 mostró una sobreexpresión de proteínas asociadas con actividad oxidoreductasa, respiración mitocondrial y biogénesis de la pared celular, lo que explica las diferencias fenotípicas observadas. La resistencia a azoles en *C. albicans* PUJ256 está asociada no solo a una mayor CMI, sino también a cambios fenotípicos y proteómicos que impactan su capacidad de crecimiento, filamentación y morfología. Estas adaptaciones, incluyendo la sobreexpresión de proteínas implicadas en funciones mitocondriales y de la pared celular, podrían ser clave para mantener la viabilidad en condiciones adversas, destacando la necesidad de investigar estas vías como posibles objetivos terapéuticos.

#65 - Oral

Resistencia A Azoles En Candida Parapsilosis: Resultados De Un Estudio Multicéntrico En 22 UCIs Españolas.

09 - Sensibilidad antifúngica

Laura Alguacil Cuéllar¹, Anastasiia Hrynzovska¹, Samuel Cano Pascual^{1,2}, Raquel García Ortega¹, Óscar Zaragoza Hernández^{1,2}, Rafael Zaragoza Crespo³, Cruz Soriano Cuesta⁴, Ana Alastruey Izquierdo^{1,2}, Grupo De Estudio Prefucrí-Gteis-Semicuyuc^{1,2,3,4}

1. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
2. Centro de Investigación Biomédica en Red, CIBERINFEC Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
3. Unidad de Cuidados Intensivos, Hospital Universitario Dr. Peset, Valencia, España
4. Unidad de Cuidados Intensivos, Hospital Universitario Ramón y Cajal, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida parapsilosis es un importante agente de infecciones nosocomiales y colonizador frecuente de tejidos humanos. Presenta una susceptibilidad reducida a equinocandinas y es sensible a polienos y azoles. Sin embargo, en los últimos años se han reportado brotes crecientes de cepas resistentes a azoles. El grupo de estudio PREFUCI-GTEIs-SEMICUYC analizó la colonización por hongos en pacientes ingresados en Unidades de Cuidados Intensivos (UCIs) de 22 centros hospitalarios españoles. Se realizaron 2 cortes puntuales los días 30/01/24 y 07/05/24, incluyendo un total de 790 pacientes. Se tomaron muestras con hisopos cutáneos y orales (pacientes no intubados) o cutáneos y aspirados traqueales (pacientes intubados) y se analizó el crecimiento de hongos en las mismas.

Las muestras se sembraron en CHROMagar Candida y se incubaron hasta 2 semanas a 30°C. Las placas se revisaron diariamente y cada morfotipo se subcultivó en agar Sabouraud.

La identificación se realizó mediante secuenciación de la región ITS y se estudió el perfil de sensibilidad antifúngica según el protocolo EUCAST E.DEF 7.2. Además, se utilizó PCR dúplex a tiempo real para detectar las mutaciones Y132F y G458S en el gen *ERG11* de cepas resistentes a azoles de *C. parapsilosis*.

De los 765 aislados analizados, 117 (15%) *C. parapsilosis* se identificaron en 20 hospitales. El 35% (n=41) eran resistentes a azoles: todas a fluconazol y voriconazol; 11 de ellas también a posaconazol y 4 además a itraconazol. Las cepas resistentes provinieron de 4 hospitales: 37 tenían la mutación Y132F, 2 la G458S y en 1 no se detectaron estas mutaciones.

Se han identificado un número significativo de cepas de *C. parapsilosis* resistentes a azoles. El principal mecanismo de resistencia es la mutación Y132F del gen *ERG11*, aunque también se detectaron cepas G458S y sin mutaciones. La presencia de cepas resistentes en UCIs del sistema nacional de salud subraya la necesidad de conocer su prevalencia y establecer mecanismos de control.

#64 - Oral

Cromoblastomicosis: ¿de Endemia A Epidemia?

10 - Casos clínicos

María Verónica Gómez Bisogno¹, Fernando Gómez Daza², **Dilia K. Martínez Méndez**³

1. Universidad de Carabobo, Valencia, Venezuela
2. Laboratorio de Micología y Enfermedades Tropicales, Valencia, Venezuela
3. Unidad de Inmunología Nola Montiel, Maracaibo, Venezuela

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Cromoblastomicosis: ¿de endemia a epidemia?

La cromoblastomicosis (CBM) es una infección fúngica profunda localizada de la piel y el tejido celular subcutáneo de evolución crónica, causada por hongos dematiáceos (negros).

Se describe el caso de un paciente masculino de 68 años, proveniente de una población rural, con diagnóstico de Leishmaniasis cutánea y tratamiento intralesional con glucantime, sin mejoría clínica que acude a consulta con lesión en placa de áreas eritematosas y pardo violáceas de bordes bien definidos y pápulas satélites.

Las características macro y microscópicas del cultivo, la epidemiología y los hallazgos clínicos de la lesión confirmaron el diagnóstico de CBM por *Fonsecaea pedrosoi*, agente de difícil manejo terapéutico. La CBM es una enfermedad que dejó de ser endémica, de evolución tórpida incluida entre las enfermedades desatendidas, por ello el reporte de casos presenta una excelente oportunidad para refrescar los conocimientos.

DERMATOMICOSIS CAUSADAS POR HONGO NO DERMATOFITO

08 - Micosis cutáneas y superficiales

Alicia Arnaiz Nieva¹, David Sánchez Ramos¹, Josefina Ayats Ardite¹, M^a Ángeles Domínguez Luzón^{1,2,3}, **Mercè Aguilar Sánchez¹**

1. Servicio de Microbiología, Hospital Universitario de Bellvitge, Barcelona, España
2. Departamento de Patología y Terapéutica Experimental. UB., Barcelona, España
3. CIBER de Enfermedades Infecciosas. ISCIII, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Neoscytalidium spp. es un hongo filamentoso no dermatofito de crecimiento rápido, agente de micosis en plantas y humanos de distribución mundial, endémico en regiones tropicales. Es un patógeno primario de onicomiosis, onicodistrofias, onicolisis y dermatomicosis, por su capacidad de producir queratinasas. Se incluyen dos especies: *N. hyalinum* y *N. dimidiatum*, siendo este último un hongo dematiáceo.

El objetivo del estudio es conocer las características y epidemiología de las infecciones producidas por *Neoscytalidium* spp. en nuestro entorno.

Las muestras de piel y faneras para estudio de micosis se sembraron en agar Sabouraud gentamicina y cloranfenicol (SGC2) y agar Dermasel (cicloheximida)©. *Neoscytalidium* spp. solo creció en agar SGC2. La identificación se realizó por características macroscópicas, microscópicas, espectrometría de masas y, en algunos casos, secuenciación de la región ITS.

Entre 2012 y 2024, se aisló *Neoscytalidium* spp. en muestras de 7 pacientes: 5 ungueales, 1 cutánea, y en un caso no pudo conocerse el origen. En seis pacientes se identificó *N. dimidiatum* y en uno *N. hyalinum*. Las cepas de *N. dimidiatum* presentaron abundante micelio, algodonoso y negruzco, que en *N. hyalinum* fue blanquecino. Microscópicamente se observaron gruesas hifas, septadas formando arthroconidias características (forma de “barril”).

Aunque los 7 pacientes residían en nuestra área, 3 procedían de Colombia, 2 de Perú y 1 de Paraguay. Todos presentaron dermatomicosis de muy larga evolución, tratados con ciclopirox y/o terbinafina. Es importante considerar el aislamiento de *Neoscytalidium* spp. en muestras de pacientes originarios de áreas tropicales y residentes en nuestro entorno. Al ser un hongo sensible a la cicloheximida podría interpretarse como un contaminante si se desconoce su epidemiología. Se recomienda realizar siempre el examen microscópico de los aislamientos. El tratamiento es complicado, ya que suele ser resistente a fluconazol, ketoconazol e itraconazol.

#62 - Oral

Infección Fúngica Invasora Por Hongos Filamentosos En UCI: Significación De Los Aislamientos Microbiológicos Y Factores Predisponentes.

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Concepción López Gómez, Andrés Carrillo López, Sara Sanz Sanz, Mónica Ariza Samper, Belén Lambán Per, Antonio Rezusta López

Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Se analizan todos los casos de aislamientos de hongos filamentosos en pacientes de UCI de un hospital universitario de tercer nivel, obtenidos de forma prospectiva en un periodo de 4 años (2020-2024).

En total hubo 214 aislamientos únicos en 169 episodios considerándose infección en 52 (31%). Fueron 44 aspergilosis (85%), 5 mucormicosis (10%), y un 5% de infecciones por otros hongos.

El 79% de las infecciones se presentaron en pacientes con insuficiencia respiratoria aguda grave (IRAG) de los cuales un 22% no tenían factores predisponentes. El 100% de los pacientes sin IRAG presentaban factores predisponentes. Se reflejan en tabla 1

En conclusión, el 31% de los aislamientos microbiológicos fueron significativos. El 67% de los pacientes infectados presentaba factores predisponentes definidos por FUNDICU para pacientes de UCI, frente al 31% que presentaba criterios predisponentes “clásicos” (EORTC)

Se debe orientar el diagnóstico activo de IFI en pacientes con IRAG y en los que presenten factores predisponentes.

Grandes quemados y legionelosis pueden ser factores predisponentes, siendo el 67% de los casos sin otros factores.

Tabla 1. Factores predisponentes de infección fúngica invasora.

Factores predisponentes EORTC 2020			Factores predisponentes FUNDICU 2024		
Tipo	Nº episodios	% agregado	Tipo	Nº episodios	% agregado
SI	16	31%	SI	35	67%
Transplante renal	4	TOS 11.5%	COVID 19	20	Neumonía vírica 52%
Transplante pulmonar	1		COVID 19 cáncer	1	
Transplante corazón	1		COVID 19 hepatopatía	2	
Transplante médula	1		COVID 19 VIH hepatopatía	1	
LMA	2	Neoplasia hematológica	gripe A	3	
LLC	2	10%	cáncer	3	
Inmunosupresores	2	Inmunosupresores 25%	cáncer hepatopatía	1	cáncer 10%
corticoides dosis altas >3 semanas	2	corticoides dosis altas >3 semanas	hepatopatía	2	Hepatopatía 11,5%

		4%			
Diabetes ins. dep. mal controlada (mucormicosis)	2	DMID mal controlada (mucormicosis) 4%	EPOC	2	EPOC 4%
NO	36	69%	NO	17	33%
TOTAL	52 episodios		TOTAL	52 episodios	
SIN FACTORES PREDISPONENTES	9 episodios (17%)				
	4 grandes quemados				
	2 legionelosis				
	3 procesos sépticos bacterianos				

Hongo Filamentoso Atípico Causante De Otitis Media Crónica: Reporte De Un Caso Clínico

10 - Casos clínicos

Alfredo Maldonado-Barrueco¹, Eduardo Rubio-Mora¹, Claudia Sanz-González¹, Inmaculada Quiles-Melero¹, Ana Alastruey-Izquierdo², Laura Alcazar-Fuoli², Julio García-Rodríguez¹

1. Servicio de Microbiología y Parasitología. Hospital Universitario La Paz-Carlos III-Cantoblanco, Madrid, España
2. Laboratorio de Referencia de Micología. Centro Nacional de Microbiología, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Varón de 16 años, natural de España, con cuadro de otalgia izquierda de características inflamatorias de 2 meses de evolución. Es valorado en otorrinolaringología solicitando TC y RM de cráneo. En la RM se aprecia estenosis del canal auditivo externo izquierdo con ocupación de oído medio en relación a cambios inflamatorios sin colesteatoma. Por ello, se llevó a cabo toma de biopsia timpánica para estudio microbiológico. Previamente el paciente fue tratado con ciprofloxacino 3mg/mL sin éxito terapéutico. El diagnóstico diferencial fue de tumor timpánico vs. otitis infecciosa. Tras 5 días de incubación de la muestra en medio Sabouraud, sangre, y Czapek creció un hongo filamentoso a 30°C y 37°C. A la lupa se observaron peritecios con ostiolo sobre un cuello corto. La identificación macroscópica presuntiva pertenecía al género *Microascus* spp. (forma anamorfa de *Scopulariopsis* spp.) Mediante secuenciación masiva de la región ITS 1/2 utilizando MinION™ (ONT[®], UK) se llegó a la identificación de *Microascus cinereus* (orden Microascales, familia Microascaceae). Se realizó prueba de sensibilidad antifúngica (Tabla 1). Se realizó (1->3)beta-D-glucano (BDG) (Wako[®], Fujifilm, Japón) <7pg/mL. El paciente fue tratado con anfotericina B 1mg/kg/día durante 7 días con suspensión por el incremento del nivel de creatina. Además, se llevaron a cabo dos intervenciones con desbridamiento de material inflamatorio. La IFI causada por *Microascus cinereus* es una entidad clínica poco documentada debido al dudoso valor patógeno de este microorganismo. Sin embargo, el crecimiento de este hongo filamentoso en una muestra estéril en ausencia de otros patógenos da lugar a una IFI probada. La multiresistencia asociada al género *Microascus* spp. dificulta su tratamiento requiriendo abordaje quirúrgico. Los nuevos antifúngicos podrían presentar opciones terapéuticas útiles, aunque su uso requiere ensayos clínicos futuros. La determinación de BDG no resulta útil en el diagnóstico de esta entidad.

Tabla 1: sensibilidad de *Microascus cinereus* mediante el método de microdilución de EUCAST

Tabla 1

Antifúngico	CMI*
Anfotericina B	>16
Itraconazol	>8
Voriconazol	>8
Posaconazol	>8
Isavuconazol	>8

Terbinafina	>16
Caspofungina	>16
Micafungina	>2
Anidulafungina	>4
Olorofilm	0.125
Fosmanogepix	0.03

CMI: concentración mínima inhibitoria (mg/L) siguiendo protocolo de EUCAST 2008. Ausencia de puntos de corte para M. cinereus*

#60 - Oral

La Proteína Alcohol Deshidrogenasa Como Diana Terapéutica En Candida Auris: Evaluación Del Potencial Antimicrobiano Del Anticuerpo Monoclonal Ca37

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Oier Rodriguez Ereñaga¹, Maialen Areitio¹, Lucia Abio Dorronsoro¹, Leire Aparicio Fernandez², Leire Martin Souto², Idoia Buldain², Javier Pemán³, Beñat Zaldibar⁴, Aitor Rementeria¹, **Aitziber Antoran¹**, Andoni Ramirez Garcia¹

1. Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España
2. Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España
3. Dpto. de Microbiología, Hospital Universitario y Politécnico La Fe, Valencia, España
4. Grupo de Investigación CBET, Departamento de Zoología y Biología Celular Animal, Facultad de Ciencia y Tecnología, Centro de Investigación en Biología y Biotecnología Marinas Experimentales PIE, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida auris es un patógeno emergente multirresistente capaz de generar brotes nosocomiales asociados a una alta mortalidad. Por ello, la Organización Mundial de la Salud lo incluyó en 2022 en la lista de hongos de prioridad máxima. Nuestro grupo ha generado un anticuerpo monoclonal contra la proteína alcohol deshidrogenasa (Adh) de *Candida albicans*, denominado Ca37, con actividad antimicrobiana frente a este hongo. Dado que la Adh de *C. albicans* muestra alta homología con la Adh de otras especies del género, incluida *C. auris*, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de Ca37 contra *C. auris in vitro e in vivo*.

Mediante electroforesis bidimensional, Western blot e identificación por espectrometría de masas, se confirmó que Ca37 reconoce la Adh de *C. auris*. Los ensayos *in vitro* demostraron que Ca37 inhibe significativamente el crecimiento de cinco aislamientos clínicos de *C. auris*, con tasas de inhibición del 42 al 74 %. Además, el anticuerpo mejoró la fagocitosis mediada por macrófagos RAW 264.7, incrementando el porcentaje de fagocitosis y el índice fagocítico en las primeras horas de incubación. La eficacia *in vivo* se evaluó en modelos de *Galleria mellonella* y ratones. En *G. mellonella*, el tratamiento Ca37 aumentó la supervivencia promedio en un día respecto al grupo no tratado, mostrando un efecto comparable al antifúngico micafungina. En ratones, Ca37 mejoró el bienestar general y retrasó la aparición de síntomas neurofisiológicos. Aunque no se observaron diferencias significativas en el peso de los ratones ni en la carga fúngica en órganos, los tratados con el anticuerpo mostraron tendencia a presentar menor carga en cerebro y riñones.

En conclusión, el anticuerpo Ca37 demostró potencial terapéutico tanto *in vitro* como *in vivo* frente a *C. auris*, lo que señala a la Adh como diana potencial terapéutica y al Ca37 como una alternativa que debe ser estudiada en profundidad para su posible uso en el tratamiento de las infecciones causadas por este hongo.

Caracterización De Cepas De Candida Parapsilosis Resistentes A Fluconazol Sin Mutaciones En El Gen ERG11 Aisladas En Una UCI Pediátrica

09 - Sensibilidad antifúngica

Elena López Peralta¹, Manuel Monsonis Cabedo², Cristina Esteva Afonso^{2,3}, Eneritz Velasco Arnaiz⁴, Meritxell Cubero Gonzalez², Mireia Urrea Ayala^{5,6}, Iolanda Jordan Garcia^{7,8,3,9}, Julia Gotzens Bersch⁴, Clàudia Fortuny Guasch⁴, Laura Alcázar Fuoli^{1,10}, Óscar Zaragoza Hernández^{1,10}

1. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
2. Laboratorio de Microbiología, Hospital Sant Joan de Déu, Barcelona, España
3. Consorcio de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
4. Servicio de Enfermedades Infecciosas, Hospital Sant Joan de Déu, Barcelona, España
5. Área de Seguridad Clínica, Hospital Sant Joan de Déu, Barcelona, España
6. Programa de Vigilancia de Infecciones Nosocomiales de Cataluña (VINCat), Barcelona, España
7. Servicio de Cuidados Intensivos Pediátricos, Hospital Sant Joan de Déu, Barcelona, España
8. Grupo de Investigación en Trastornos Inmunológicos y Respiratorios en el Paciente Pediátrico Crítico, Instituto de Investigación Sant Joan de Déu, Barcelona, España
9. Universidad de Barcelona, Barcelona, España
10. Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBERINFEC-CB21/13/00105), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida parapsilosis es una levadura oportunista que puede persistir durante largos periodos de tiempo en superficies, equipos médicos y manos del personal sanitario, facilitando su transmisión y aparición de brotes hospitalarios. Esta levadura es una de las principales causas de candidemia en neonatos. En los últimos años, ha aumentado la dispersión de clones resistentes a los azoles que portan mutaciones en la proteína Erg11 (principalmente Y132F), lo que complica su tratamiento.

En este trabajo se ha caracterizado un brote de *C. parapsilosis* resistente a azoles en la UCI pediátrica del Hospital Sant Joan de Deu (Barcelona, España) y comparado con cepas sensibles aisladas de la misma unidad en el mismo periodo de tiempo. Para ello, se realizó el genotipado mediante análisis de microsatélites, así como la identificación de mutaciones en el gen *ERG11* seguido de la secuenciación completa del genoma (Illumina). Por último, se estimó el número de copias del gen *ERG11* mediante PCR a tiempo real.

El análisis de microsatélites determinó que todas las cepas resistentes presentaban el mismo genotipo y diferente a las cepas sensibles, lo que sugiere la existencia de una dispersión clonal. Estas cepas presentaron resistencia no solo a fluconazol, sino también al resto de azoles. Las cepas resistentes no portaban ninguna mutación en el gen *ERG11*. Al analizar la secuencia del genoma completo, se observó que el gen *ERG11* tenía un aumento en la cobertura de lecturas de 6-7 veces en las cepas resistentes, lo que se confirmó mediante la PCR en tiempo real. Además, se identificó la mutación N1132D la bomba de flujo Cdr1, la cual se ha asociado a resistencia al fluconazol.

Nuestros resultados indican el riesgo de expansión de clones que portan varios mecanismos de resistencia a los azoles, lo que resalta la importancia de monitorizar la presencia de clones resistentes en los hospitales para llevar a cabo medidas preventivas que eviten su diseminación.

#58 - Póster

Caracterización De Los Anticuerpos Monoclonales Cg26 Y B9E Frente A Las Diferentes Especies Del Género Candida De Relevancia Clínica

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Ander Díez Villalba, Katherine Miranda Cadena, Mireia Herboso Ruiz, Inés Arrieta Aguirre, M^a Dolores Moragues Tosantos, Giulia Carrano .

UPV/EHU, Leioa, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las levaduras representan la cuarta causa de infecciones nosocomiales en hospitales españoles, siendo *Candida* el género más prevalente. Dentro del género, *C. albicans* es la especie más comúnmente aislada en pacientes y presenta dos serotipos, A y B. Además de *C. albicans* y las especies del grupo críptico *C. dubliniensis* y *C. africana*, otras especies de *Candida* también son responsables de infecciones invasivas, como *C. glabrata* y sus especies crípticas (*C. nivariensis* y *C. bracarensis*), *C. tropicalis*, *C. parapsilosis*, *C. krusei*, *C. guilliermondii* y *C. auris*. En las últimas décadas, especies como *C. auris* y *C. glabrata* han adquirido mayor relevancia debido a su creciente prevalencia y resistencia a los antifúngicos. El objetivo es evaluar la reactividad de los anticuerpos monoclonales (AcM) Cg26 y B9E frente a diversas especies del género *Candida*. En este estudio, la reactividad de ambos AcM se evaluó mediante inmunofluorescencia indirecta (IFI), aglutinación y análisis por Western blot (WB), utilizando extractos de pared celular de diversas especies de *Candida*. Los AcM Cg26 y B9E mostraron una reactividad similar y consistente en los ensayos de aglutinación e IFI con *C. albicans* serotipo A, *C. dubliniensis*, *C. africana* y *C. tropicalis*, pero no reaccionaron con *C. albicans* serotipo B ni con especies del complejo *C. parapsilosis*. Dentro del complejo *C. glabrata*, ninguno de los AcM reconoció *C. glabrata* ni *C. bracarensis*, pero sí reaccionó con *C. nivariensis*. Además, Cg26 reaccionó de manera intensa con *C. auris*. En conclusión, Cg26 y B9E no reaccionaron con *C. albicans* serotipo B, pero sí con las otras especies del complejo *C. albicans*. Los AcM no mostraron reactividad con *C. glabrata* ni con *C. bracarensis*, pero ambos reconocen *C. nivariensis*, lo que destaca la variabilidad antigénica dentro de esta especie críptica. Además, Cg26 reaccionó con *C. auris*, subrayando su utilidad potencial frente a esta levadura multirresistente emergente.

Pruebas Microbiológicas Actuales Y Rendimiento Diagnóstico De Las Infecciones Fúngicas En Pacientes Hematológicos Hospitalizados

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Patricia Monzo Gallo¹, Christian Teijon Lumbreras¹, Tommaso Francesco Aiello¹, Antonio Gallardo Pizarro¹, Mariana Chumbita Chumbita¹, Emmanuelle Gras Gras², Olivier Peyrony Peyrony³, Marta Bodro Marimont¹, Sabina Herrera Fernandez¹, Jose Antonio Martinez Martinez¹, Ana Del Rio¹, Mateu Espasa Soley¹, Alex Soriano Viladomiu¹, Francesc Marco Reverté¹, Carolina Garcia Vidal¹

1. Hospital Clinic de Barcelona, Barcelona, España
2. Institut Pierre Louis d'Épidémiologie et de Santé Publique, Paris, Francia
3. Hôpital Saint Louis, Paris, Francia

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Este estudio tuvo como objetivo proporcionar una visión general de la situación actual de petición de pruebas microbiológicas dirigidas a infecciones fúngicas invasivas (IFI) y sus tasas de positividad, con el propósito de identificar áreas de mejora en la gestión diagnóstica. Estudio de cohortes retrospectivo y observacional de todos los pacientes hematológicos ingresados en un hospital terciario entre enero de 2020 y julio de 2022. Describimos todas las IFI probadas o probables diagnosticadas en la cohorte, utilizando como definición los criterios de EORTC-MSG. Un total de 3.310 pacientes hematológicos fueron ingresados durante el período del estudio, en el cual se realizaron 13.476 pruebas microbiológicas para descartar infección fúngica. La tabla 1 detalla las pruebas solicitadas junto con su tasa de positividad. Las pruebas más solicitadas fueron los hemocultivos (58.2%), seguidos del antígeno de galactomanano (AGA) en suero (25.3%), muestras respiratorias recogidas de esputo, lavado broncoalveolar (LBA) y aspirado traqueal (8.9%) y otras muestras. La prueba con la tasa de positividad más alta fue el betaglucano (20%), seguida de las biopsias (8.8%). El resto tuvo tasas de positividad inferiores al 4%. En general, 157 muestras resultaron positivas, lo que permitió diagnosticar a 50 pacientes que desarrollaron 51 episodios de IFI. Las IFI diagnosticadas con mayor frecuencia fueron aspergilosis invasiva, candidiasis y pneumocistosis. Las pruebas microbiológicas que proporcionaron la mayoría de los diagnósticos fueron las muestras respiratorias (36.3%), seguidas del AGA en suero y LBA (35.9%), hemocultivos (15.9%), betaglucano en suero (8.9%) y biopsias (8.3%). Las tasas de positividad actuales de las pruebas microbiológicas dirigidas a infecciones fúngicas en nuestra cohorte son muy bajas. Adaptar las solicitudes microbiológicas a nuestra epidemiología y escenario clínico actuales debería ser un objetivo importante para reducir solicitudes innecesarias.

Tabla 1. Datos de muestras y tasas de positividad/negatividad

Tipo de muestra	N. muestras (%)	Tasa de positividad: N (%)	Tasa de negatividad: N (%)
Hemocultivos y cultivos endovasculares	7785 (58.2%)	30 (0.4%)	7755 (99.6%)
AGA en sangre	3381 (25.3%)	58 (1.7%)	3323 (98.3%)
Muestras respiratorias	1194 (8.9%)	39 (3.3%)	1155 (96.7%)
Cultivos en líquido estéril	272 (2.0%)	3 (1.1%)	269 (98.9%)

Otros	237 (1.8%)	18 (7.6%)	219 (92.4%)
Cultivos de biopsia	210 (1.6%)	17 (8.1%)	193 (91.9%)
AGA en BAL	177 (1.3%)	13 (7.3%)	164 (92.7%)
Betaglucano en sangre	120 (0.9%)	20 (16.7%)	100 (83.3%)

Relación Entre El Perfil Genético Y La Producción De Biomarcadores En El Paciente Con Aspergilosis Pulmonar Invasora: Nuevas Perspectivas Diagnósticas.

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Laura Alcazar fuoli^{1,2}, Raul Viedma Blanco¹, Leticia Bernal Martínez¹, María Ángeles Jiménez Sousa^{3,2}, María José Buitrago Serna^{1,2}

1. Laboratorio de referencia e investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología (CNM), Instituto de salud Carlos III (ISCIII), Majadahonda, España
2. Centro de Investigación Biomedica en Red en Enfermedades Infecciosas, CIBERINFEC Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
3. Unidad de Infección Viral e Inmunidad, Centro Nacional de Microbiología (CNM), Instituto de Salud Carlos Madrid (ISCIII), Majadahonda, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

OBJETIVOS

La aspergilosis pulmonar invasora (API) presenta alta mortalidad en pacientes inmunodeprimidos cuyo diagnóstico clínico sigue siendo complicado. Este estudio analiza citoquinas y otros biomarcadores en suero y lavados broncoalveolares (LBA) de pacientes con infección por *Aspergillus fumigatus* y pacientes control. Además, investiga el perfil genético mediante el estudio de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) para determinar si ciertos SNPs podrían influir diferencialmente en los niveles de dichos biomarcadores.

MÉTODOS

Se utilizaron un total de 524 muestras de suero de pacientes con sospecha de API (casos y controles) y 82 LBA (34 pacientes con API y 48 controles). Las concentraciones de las citoquinas IL-1 β , IL-6, IL-8, IL-23, TNF- α , IL-10, IL-17A, IL-18 y los biomarcadores sTREM1 y PTX3 se cuantificaron por Luminex (Bio-plex, Bio-Rad) utilizando Human Premixed multi-Analyte kit (R&D Systems). El ADN de las muestras fue extraído mediante QIAAMP DNA minikit (Qiagen) y el genotipado de 18 SNPs se realizó en la plataforma Massarray (Agena Bioscience).

RESULTADOS

Se observaron concentraciones mayores de biomarcadores en las muestras de LBA que en los sueros. Se observaron concentraciones significativamente superiores de IL-1 β , IL-10, IL-6, IL-17A e IL-23 en los LBAs, así como de IL1 β , IL-17A, y sTREM1 en los sueros de pacientes con API, en comparación con las muestras control.

El análisis de las variantes genéticas mostró que los pacientes con el genotipo AG en rs1143627 y GA en rs16944 mostraron niveles significativamente superiores de IL-1 β .

CONCLUSIONES

El perfil de citoquinas relacionado con API puede obtenerse de muestras de suero y de LBA. La cuantificación de biomarcadores IL-23, IL-10, IL-17A, IL-6, IL-1 β , IL-8 y sTREM1 podría ayudar a mejorar el diagnóstico o predecir el pronóstico de pacientes con API. El análisis funcional mostró que los niveles de ciertas citoquinas estaban influenciados por variantes genéticas en el gen IL-1 β .

Prevalencia De La Resistencia A Azoles En Aislados Clínicos Y Ambientales De *Aspergillus Fumigatus*

13 - Epidemiología, vigilancia y salud pública

Anastasiia Hrynzovska Hrynzovska¹, Laura Alguacil Cuéllar¹, Ana Perez Ayala², Juan Carlos Soto-Debran⁻¹, Francisco Javier Sanchez Iñigo Javier³, Saul Garcia dos Santos³, Laura Alcazar-Fuoli^{-1,4}, Ana Alastruey Izquierdo^{1,4}

1. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, España
2. Servicio de Microbiología, Hospital Universitario 12 de Octubre, Madrid, España
3. Departamento de Contaminación atmosférica, Centro Nacional de Sanidad Ambiental, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, España
4. Centro de Investigación Biomedica en Red, CIBERINFEC Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción. La resistencia a los azoles en *Aspergillus fumigatus* es un problema creciente que se ha asociado con el uso de fungicidas en la agricultura. Esta resistencia representa un desafío significativo, debido al limitado número de antifúngicos disponibles en el ámbito clínico.

Objetivo. Evaluar la prevalencia de aislados de *A. fumigatus* resistentes a azoles en muestras clínicas y ambientales recolectadas en la región de Madrid entre 2022 y 2024, e identificar los mecanismos de resistencia asociados.

Materiales y métodos. Se analizaron 378 aislados clínicos y 446 aislados ambientales entre los años 2022 y 2024. Los aislados se identificaron mediante la secuenciación de beta-tubulina y se estudió la sensibilidad a azoles mediante el método EUCAST. Se secuenció el gen *cyp51A* de los aislados resistentes y se genotiparon los aislados resistentes y una parte de los sensibles mediante el método TRESPERG.

Resultados. Se detectó resistencia a los azoles en el 3,40% de los aislados clínicos y el 10,98% de los ambientales. El principal mecanismo de resistencia fue la mutación TR34/L98H en el gen *cyp51A*, presente en el 30,77% de los aislados clínicos resistentes (n=4) y el 75,51% (n=37) de los aislados ambientales resistentes. El genotipado, reveló la existencia de genotipos compartidos entre aislados clínicos y ambientales.

Conclusiones. La resistencia a azoles en *A. fumigatus* es mayor en el aire ambiente que cepas clínicas. El principal mecanismo de resistencia es la mutación TR34/L98H en el gen *cyp51A*, pero hay un porcentaje elevado de cepas que no presenta mecanismos asociados a ese gen. Es importante vigilar la evolución de la resistencia a azoles en *A. fumigatus* y evaluar la necesidad de realizar estrategias de control en el ámbito de Una Salud.

Tabla 1. Prevalencia de *A. fumigatus* por localidad

	Aislados ambientales	Aislados clínicos	Total (100%)
Total <i>A. fumigatus</i>	446 (54%)	378 (46%)	824
<i>A. fumigatus</i> resistente (% of <i>A. fumigatus</i>)			
- WT	12 (2.69%)	9 (2.35%)	21
- TR34/L98H	37 (8.29%)	4 (1.05%)	41

Total <i>A. fumigatus</i> resistente (% of <i>A. fumigatus</i>)	49 (10.98%)	13 (3.40%)	62
--	--------------------	-------------------	-----------

#54 - Oral

Candida Albicans Aumenta La Capacidad Metastática Y La Activación De Vías Moleculares Relacionadas Con Procesos Inflamatorios Y La Reprogramación Metabólica En Células De Melanoma

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Leire Aparicio-Fernández¹, Nahia Cazalis-Bereicua¹, Maialen Areitio¹, Oier Rodriguez-Ereñaga¹, Lucia Abio-Dorronsoro¹, Aitor Benedicto², Joana Marquez³, Ana M. Aransay^{4,5}, Juan Anguita⁵, Leire Martin-Souto⁶, Idoia Buldain⁶, Aitor Rementeria¹, Aitziber Antoran¹, Andoni Ramirez-Garcia¹

1. Dpto. Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España
2. Dpto. Biología Celular e Histología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España
3. Dpto. Biología Celular e Histología, Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España
4. Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Hepáticas y Digestivas (CIBERehd), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
5. CIC bioGUNE - Centro de Investigación Cooperativa en Biociencias, Derio, España
6. Dpto. Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida albicans es un hongo patógeno oportunista que forma parte de la microbiota humana, colonizando habitualmente áreas como la cavidad oral, el tracto intestinal y la piel. Recientemente, diversos estudios han identificado una posible relación entre la presencia de este hongo y el desarrollo de cáncer y metástasis, particularmente en el colon y la cavidad oral. No obstante, se ha explorado muy poco su impacto directo sobre las células tumorales, y en el caso específico del melanoma, no existen investigaciones al respecto. Es por ello que el objetivo de este trabajo fue estudiar el efecto del hongo *C. albicans* sobre las células tumorales de melanoma *in vitro* e *in vivo*.

Primero, se evaluaron los efectos de *C. albicans* sobre el fenotipo pro-tumoral de las células de melanoma mediante ensayos *in vitro* que incluyeron migración celular, adhesión a células endoteliales, capacidad pro-angiogénica y proliferación celular, utilizando células de melanoma expuestas a *C. albicans*. En este sentido, todos los procesos, a excepción de la proliferación, mostraron un aumento significativo tras el contacto con el hongo, lo que indicaría el desarrollo de un fenotipo tumoral más agresivo. A continuación, se realizaron ensayos *in vivo* en ratones C57BL/6 inoculados intraesplénicamente con células de melanoma estimuladas con *C. albicans*. Tras dos semanas, los hígados extraídos de ratones inoculados con células previamente estimuladas con el hongo mostraron un aumento del área metastática. Por último, con el fin de entender las respuestas moleculares iniciadas, se llevó a cabo análisis de expresión génica por RNA-seq de las células de melanoma expuestas a *C. albicans*, revelando la sobreexpresión de genes vinculados a vías de señalización inflamatorias y de reprogramación metabólica.

En conclusión, *C. albicans* promueve cambios fenotípicos en las células tumorales de melanoma que conllevan una mayor capacidad pro-tumoral y metastática.

Control Exitoso De Un Brote De Hongos Filamentosos En Un Hospital De Tercer Nivel: Impacto De La Vigilancia Ambiental 24x7.

13 - Epidemiología, vigilancia y salud pública

Ramón Vela Fernández¹, Antonio J Alcántara Flor², Inmaculada Concepción Guerrero Lozano¹, María Victoria García Palacios², Manuel Antonio Rodríguez Iglesias¹

1. Microbiología Clínica - Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz, España
2. Medicina Preventiva y Salud Pública - Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

INTRODUCCIÓN

Los hongos filamentosos representan un riesgo significativo en ambientes hospitalarios, especialmente en áreas quirúrgicas. Pueden generar infecciones invasivas graves, particularmente en pacientes inmunodeprimidos. Una incidencia en la tubería de refrigeración del sistema de ventilación de quirófanos provocó un brote de hongos filamentosos en nuestro hospital.

METODOLOGÍA

Tras el incidente, además del estudio de vigilancia periódico, Medicina Preventiva realizó tomas de muestra de 1m³ de aire en zonas críticas (mesas de quirófano y rejillas de ventilación) con muestreador MAS 100® de todos los quirófanos afectados, siguiendo el Protocolo de la Sociedad Andaluza de Medicina Preventiva, Salud Pública y Gestión Sanitaria.

Se utilizó medio de Agar Sabouraud Cloranfenicol (BD) proporcionados y analizados de forma ininterrumpida por Microbiología Clínica. Se incubó a 37°C durante 7 días con lectura diaria según el Procedimiento de la Sociedad Española Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica.

RESULTADOS

Durante la duración del brote se analizó un total de 89 muestras de 19 quirófanos, de las cuales 43 resultaron positivas para hongos filamentosos. Como se ve en la Tabla 1, *Aspergillus* sp. y *Penicillium* sp. fueron los géneros predominantes.

Se paralizó la actividad quirúrgica, se reparó y desinfectó el sistema de ventilación, con posterior limpieza exhaustiva de las zonas afectadas. Estas acciones resultaron efectivas, controlando de forma escalonada el brote en un periodo de 4 semanas, con cultivos de control negativos para la reapertura por sectores.

CONCLUSIONES

- Las deficiencias estructurales comprometieron la bioseguridad de áreas críticas.
- Las medidas implementadas por Medicina Preventiva lograron controlar eficaz y rápidamente el brote.
- Una unidad de Microbiología Clínica 24x7, en coordinación con Medicina Preventiva, garantiza una vigilancia continua y permite actuar con rapidez frente a amenazas de la seguridad del paciente.

Tabla 1. Muestras ambientales ordenadas por Quirófano estudiado durante el brote. Resaltados se visualizan los cultivos de control negativos.

Zona de riesgo	Especialidad	Fecha de toma	Zona medida	Resultado definitivo
Quirófano 01	Cir. General	29/08/24	Mesa	Negativo

Quirófano 01	Cir. General	29/08/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 02	Cir. General	23/08/24	Mesa	<i>Aspergillus sp.</i> 10UFC/M3
Quirófano 02	Cir. General	23/08/24	Rejilla	<i>Aspergillus sp.</i> 5UFC/M3
Quirófano 02	Cir. General	03/09/24	Mesa	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril</i> 2ufc/m ³
Quirófano 02	Cir. General	03/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 02	Cir. General	09/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 02	Cir. General	09/09/24	Mesa	<i>Penicillium sp.</i> 1ufc/m ³
Quirófano 02	Cir. General	16/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 02	Cir. General	16/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 03	Cir. Pediátrica	26/08/24	Mesa	<i>Aspergillus sp.</i> 30UFC/M3 <i>Mucor sp.</i> 2UFC/M3
Quirófano 03	Cir. Pediátrica	26/08/24	Rejilla	<i>Aspergillus sp.</i> 60UFC/M3
Quirófano 03	Cir. Pediátrica	03/09/24	MESA	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril</i> 13ufc/m ³
Quirófano 03	Cir. Pediátrica	03/09/24	REJILLA	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril</i> 18ufc/m ³
Quirófano 03	Cir. Pediátrica	10/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 03	Cir. Pediátrica	10/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 04	Neurocirugía	22/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp.</i> 14Ufc/m ³
Quirófano 04	Neurocirugía	22/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp.</i> 15Ufc/m ³
Quirófano 04	Neurocirugía	03/09/24	REJILLA	Negativo
Quirófano 04	Neurocirugía	03/09/24	MESA	<i>Penicillium sp.</i> 1ufc/m ³
Quirófano 04	Neurocirugía	09/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 04	Neurocirugía	09/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 05	Maxilofacial	19/08/24	Mesa	<i>Aspergillus fumigatus</i> 2UFC/M3 <i>Penicillium sp.</i> 58UFC/M3
Quirófano 05	Maxilofacial	19/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp.</i> 60Ufc/m ³
Quirófano 05	Maxilofacial	27/08/24	Rejilla	<i>Aspergillus niger complex</i> 1UFC/M3
Quirófano 05	Maxilofacial	27/08/24	Mesa	<i>Hongo filamentosos en identificación</i> 5 UFC/M3
Quirófano 05	Maxilofacial	28/08/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 05	Maxilofacial	28/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp.</i> 1ufc/m ³
Quirófano 05	Maxilofacial	11/09/24	Mesa	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril</i> 1ufc/m ³
Quirófano 05	Maxilofacial	11/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 05	Maxilofacial	16/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 05	Maxilofacial	16/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 06	Oftalmología	19/08/24	Mesa	<i>Aspergillus sp.</i> 20UFC/M3
Quirófano 06	Oftalmología	19/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp.</i> 4Ufc/m ³
Quirófano 06	Oftalmología	23/08/24	Rejilla	<i>Aspergillus sp.</i> 7UFC/M3
Quirófano 06	Oftalmología	23/08/24	Mesa	<i>Aspergillus sp.</i> 9UFC/M3
Quirófano 06	Oftalmología	28/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp.</i> 1ufc/m ³
Quirófano 06	Oftalmología	28/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp.</i> 1ufc/m ³
Quirófano 06	Oftalmología	11/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 06	Oftalmología	11/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 07	Toco-Gine	19/08/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 07	Toco-Gine	19/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp.</i> 1ufc/m ³
Quirófano 07	Toco-Gine	28/08/24	Mesa	<i>Mucor sp.</i> 1 UFC/M ³
Quirófano 07	Toco-Gine	28/08/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 07	Toco-Gine	11/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 07	Toco-Gine	11/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 08	Urología	19/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp.</i> 3Ufc/m ³
Quirófano 08	Urología	19/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp.</i> 9Ufc/m ³
Quirófano 08	Urología	22/08/24	Mesa	<i>Rhizopus sp.</i> 1Ufc/m ³

Quirófano 08	Urología	22/08/24	Rejilla	<i>Rhizopus sp. 2Ufc/m³</i>
Quirófano 08	Urología	28/08/24	Mesa	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril 2 UFC/m³</i>
Quirófano 08	Urología	28/08/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 08	Urología	11/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 08	Urología	11/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 09	Traumatología	22/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp. 21Ufc/m³</i>
Quirófano 09	Traumatología	22/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp. 6Ufc/m³</i>
Quirófano 09	Traumatología	03/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 09	Traumatología	03/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 10	Traumatología	22/08/24	Mesa	<i>Aspergillus sp. 12UFC/M3</i> <i>Aspergillus niger 1UFC/M3</i>
Quirófano 10	Traumatología	22/08/24	Rejilla	<i>Aspergillus sp. 14UFC/M3</i>
Quirófano 10	Traumatología	03/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 10	Traumatología	03/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 11	ORL	19/08/24	Mesa	<i>Aspergillus fumigatus 1UFC/M3</i> <i>Aspergillus niger 3UFC/M3</i>
Quirófano 11	ORL	21/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 11	ORL	11/09/24	Mesa	1 <i>Penicillium sp.</i> 2 UFC/m ³
Quirófano 11	ORL	17/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 12	Cir. Plástica	19/08/24	Mesa	<i>Aspergillus sp. 40UFC/M3</i>
Quirófano 12	Cir. Plástica	23/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 12	Cir. Plástica	11/09/24	Mesa	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril 1ufc/m³</i>
Quirófano 12	Cir. Plástica	17/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 13	Cir. Vascular	21/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 14	Torácica	30/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 15	Cir. Cardíaca	26/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 16	Cir. Cardíaca	21/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 16	Cir. Cardíaca	22/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 17	Polivalente/vascular	19/08/24	Mesa	<i>Aspergillus fumigatus 2UFC/M3</i> <i>Penicillium sp. 2UFC/M3</i>
Quirófano 17	Polivalente/vascular	26/08/24	Mesa	<i>Penicillium sp. 9Ufc/m³</i>
Quirófano 17	Polivalente/vascular	29/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 17	Polivalente/vascular	11/09/24	Mesa	<i>Hongo filamentosos de micelio esteril 1ufc/m³</i>
Quirófano 17	Polivalente/vascular	15/09/24	Mesa	15 ufc <i>Penicillium</i>
Quirófano 17	Polivalente/vascular	17/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 18	Toco-Gine	29/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 18	Toco-Gine	29/08/24	Rejilla	<i>Penicillium sp. 1ufc/m³</i>
Quirófano 18	Toco-Gine	02/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 18	Toco-Gine	02/09/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 19	Traumatología	23/08/24	Mesa	Negativo
Quirófano 19	Traumatología	23/08/24	Rejilla	Negativo
Quirófano 19	Traumatología	09/09/24	Mesa	Negativo
Quirófano 19	Traumatología	09/09/24	Rejilla	Negativo

Identificación De Antígenos De *Scedosporium Boydii* Expresados En Un Medio Que Mimetiza La Mucosidad Respiratoria De Pacientes Con Fibrosis Quística

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Lucia Abio Dorronsoro¹, Leire Martin Souto², Oier Rodriguez Erenaga¹, Maialen Areitio¹, Leire Aparicio Fernandez², Maria Teresa Martin Gomez³, Aitziber Antoran¹, Aitor Rementeria¹, Idoia Buldain², Andoni Ramirez Garcia¹

1. Dpto. Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España
2. Dpto. Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España
3. Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las especies de los géneros *Scedosporium* y *Lomentospora* son patógenos emergentes que ocupan el segundo lugar, después de *Aspergillus*, entre los hongos filamentosos más frecuentes en causar colonizaciones crónicas en las vías respiratorias de pacientes con fibrosis quística (FQ). Sin embargo, su detección depende principalmente del cultivo de muestras respiratorias, una técnica de baja sensibilidad y especificidad que requiere tiempos prolongados de incubación, lo que resulta en un diagnóstico tardío.

Con el objetivo de identificar nuevas dianas específicas para el serodiagnóstico de *Scedosporium/Lomentospora* en pacientes con FQ se realizó un estudio inmunoproteómico. Se analizó el extracto proteico total de *S. boydii* crecido en el medio de cultivo *Synthetic Cystic Fibrosis sputum Medium* (SCFM), que simula las condiciones de mucosidad de las vías respiratorias de estos pacientes. Los antígenos fueron detectados por triplicado mediante Western blot empleando sueros de pacientes con FQ clasificados en tres grupos según el resultado del cultivo de esputo: pacientes con cultivos positivos para *Scedosporium/Lomentospora* (Scedo+), pacientes con cultivos positivos para *Aspergillus* (Asp+) y pacientes control con cultivos negativos para ambos hongos.

Los resultados mostraron que las IgG de los sueros Scedo+ reconocieron más de 90 antígenos de *S. boydii*. Tras comparar los patrones de reconocimiento de los tres grupos de sueros, se detectaron entre 25 y 40 antígenos específicos del grupo Scedo+. Los antígenos comunes en las tres réplicas se seleccionaron y los más inmunoreactivos fueron identificados mediante espectrometría de masas. Además, se llevó a cabo un análisis *in silico* para determinar las funciones y localizaciones celulares de las proteínas identificadas.

En conclusión, los antígenos identificados son proteínas con potencial para ser utilizadas como dianas en el desarrollo de herramientas diagnósticas específicas para *Scedosporium/Lomentospora* en pacientes con FQ.

#51 - Póster

Tesoros Fúngicos En Suelos Salinos: Una Mirada Preliminar A La Biodiversidad Del Parque Natural Y Reserva De La Biosfera De Las Bardenas Reales (España).

02 - Micología ambiental

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

Universitat Rovira i Virgili, Reus, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

En los últimos años, los estudios sobre diversidad microbiana en ambientes extremos se han incrementado. Sin embargo, un número limitado se han focalizado en hongos microscópicos. Las Bardenas Reales, una región semiárida localizada en Navarra, presenta condiciones únicas por su geología y alta salinidad en algunos suelos, lo que la convierte en un entorno ideal para investigar hongos halotolerantes y halofílicos. El presente estudio tuvo como objetivo el realizar una prospección preliminar sobre la biodiversidad de hongos halotolerantes y halofílicos mediante la técnica metabarcoding, comparando sus comunidades fúngicas entre los meses de julio y diciembre del 2023, mediante secuenciación de las regiones ITS1 e ITS2 del ADN ribosomal. Se identificaron 3,177 variantes de secuencias de amplicón (ASVs), de las cuales el 40.60 % (1,290 ASVs) tan solo pudieron ser clasificadas a nivel de reino. La asignación taxonómica a nivel de filo incluyó nueve grupos, siendo Ascomycota, Basidiomycota y Chytridiomycota los filos más representados. Adicionalmente, se identificaron un total de 441 géneros, siendo *Neocamarosporium*, *Trichophaeopsis* y *Symmetrospora* los más abundantes. Aproximadamente 20 taxones fueron clasificados como halotolerantes. El análisis de alfa diversidad reveló un alto índice de diversidad de especies, pero con dominancia de pocas especies. Finalmente, el análisis de beta diversidad mostró diferencias significativas para la biodiversidad obtenida con ITS1 e ITS2, aunque no se observaron diferencias significativas en la biodiversidad entre los meses analizados. Este estudio representa el primer análisis de la biodiversidad fúngica en suelos salinos de las Bardenas Reales mediante una técnica cultivo-independiente.

#50 - Póster

Onygenales Marinos? Diversidad, Capacidad De Adaptación Y Distribución Global De Nuevos Taxones

02 - Micología ambiental

Daniel Guerra Mateo, José F. Cano Lira, Josepa Gené Díaz

Universitat Rovira i Virgili, Reus, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los *Onygenales* son un grupo de ascomicetes muy versátil. Muchos son capaces de causar infecciones en humanos y animales, pero su hábitat natural es el suelo donde degradan celulosa y queratina. Sin embargo, otros se caracterizan por ser osmotolerantes o capaces de degradar quitina. El medio marino, con un 3.5% de concentración salina y donde la quitina es el polisacárido más abundante, tiene un gran potencial de albergar *Onygenales*, pero su presencia en este medio está poco estudiada. Este trabajo pretende describir la diversidad de *Onygenales* cultivables a partir de sedimentos marinos y evaluar su adaptación a este ambiente. Para ello, se colectaron sedimentos de hasta 27 m de profundidad en las desembocaduras de los ríos Ebro, Llobregat y Ter, además de dos playas del litoral tarraconense. Las cepas se aislaron usando los medios DRBC, PDA con cicloheximida, OA y MEA3%. Tras la identificación polifásica de las cepas, se comprobó su biodistribución con el portal *GlobalFungi* y se evaluaron las siguientes pruebas fisiológicas: osmotolerancia en MEA con NaCl al 3.5, 10, 15 y 20%, degradación de celulosa en Agar Celulosa Congo-Rojo, degradación de quitina en Agar Quitina y queratinofilia en pelo humano. Se aislaron 19 cepas de *Onygenales* de 12 especies conocidas de los géneros *Gymnascella*, *Gymnoascus*, *Narasimhella* y *Sporendonema*. Además de siete cepas de cuatro nuevas especies de *Malbranchea* (*M. parafilamentosa*, *M. sedimenticola*, *M. seminuda* y *M. sexualis*), y el nuevo género *Deilomyces*, tipificado por *D. minimus*. La distribución de todas estas especies en *GlobalFungi* resultó ser mayoritaria en ambientes terrestres y asociada a sustratos del suelo. Todas las cepas degradaron celulosa, la mayoría creció hasta 10% NaCl, solo *M. parafilamentosa* y *M. sexualis* degradaron quitina y ninguna degradó queratina. Con estos datos concluimos que los *Onygenales* recuperados en este trabajo son especies con hábitats esencialmente terrestres capaces de resistir en el medio marino.

#49 - Póster

Tiempo De Positividad De Los Hemocultivos En Pacientes Con Candidemia: ¿Una Nueva Herramienta Para Predecir La Mortalidad?

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Eduardo Rubio-Mora¹, Alfredo Maldonado-Barrueco^{1,2}, Claudia Sanz-González¹, Inmaculada Quiles-Melero¹, Julio García-Rodríguez¹

1. Servicio de Microbiología, Hospital Universitario La Paz, Madrid, España
2. IdiPAZ, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La candidemia, definida como la presencia de levaduras del género *Candida spp.* en sangre, está asociada a altos costes hospitalarios, con estancias prolongadas y alta mortalidad (35-70%).

Se ha llevado a cabo un estudio retrospectivo en un hospital terciario de Madrid (2022-2024), incluyendo a pacientes con diagnóstico de candidemia, con el objetivo de determinar si el tiempo de positividad del hemocultivo está relacionado con la mortalidad a los 15 y a los 30 días desde la extracción del hemocultivo. Para el análisis estadístico se ha utilizado el test U de Mann-Whitney con el programa SPSS versión 26 para Windows (IBM Corp., Armonk, NY, USA), y se ha considerado que hay diferencias estadísticamente significativas cuando el valor de $p < 0,05$.

Se ha incluido un total de 156 pacientes con candidemia, tanto adultos como pediátricos, con una mediana de edad de 71 años (IQR: 55-77). El análisis estadístico para la mortalidad a los 15 y a los 30 días mostró un resultado no significativo en ambos casos, con valores de $p=0,989$ y $p=0,099$, respectivamente. Cuando el análisis estadístico se realizó por especie, los resultados fueron no significativos para *C. albicans* (65 pacientes, $p=0,385$ para la mortalidad a los 15 días, y $p=0,924$ para la mortalidad a los 30 días), *C. parapsilosis* (41 pacientes, $p=0,115$ para la mortalidad a los 15 días, y $p=0,612$ para la mortalidad a los 30 días), *C. glabrata* (28 pacientes, $p=0,937$ para la mortalidad a los 15 días, y $p=0,088$ para la mortalidad a los 30 días) y *C. tropicalis* (9 pacientes, $p=0,380$ para la mortalidad a los 15 días, y $p=0,380$ para la mortalidad a los 30 días).

No se ha encontrado asociación estadísticamente significativa entre el tiempo de positividad de los hemocultivos con aislamiento de *Candida spp.* y la mortalidad a los 15 y a los 30 días.

Candida Parapsilosis Resistente A Fluconazol En El ámbito Hospitalario: Un Problema Creciente

09 - Sensibilidad antifúngica

Eduardo Rubio-Mora¹, Alfredo Maldonado-Barrueco^{1,2}, Claudia Sanz-González¹, Inmaculada Quiles-Melero¹, Óscar Zaragoza^{3,4}, Elena López^{3,4}, Julio García-Rodríguez¹

1. Servicio de Microbiología, Hospital Universitario La Paz, Madrid, España
2. IdiPAZ, Madrid, España
3. Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
4. Laboratorio de Referencia de Micología. Centro Nacional de Microbiología, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Históricamente, *Candida parapsilosis* se ha considerado sensible a fluconazol, pero desde 2018 se han informado brotes de cepas resistentes, asociados a altas tasas de mortalidad.

Se ha realizado un estudio observacional retrospectivo (2019-2024) en un hospital terciario de Madrid para determinar la prevalencia de *C. parapsilosis* resistente a fluconazol. La sensibilidad se evaluó utilizando tiras de gradiente de concentración (Fluconazole MIC Test Strip, Liofilchem, Roseto degli Abruzzi TE, Italia) y se confirmó mediante microdilución (Sensititre YeastOne, ThermoFisher Scientific, Massachusetts, Estados Unidos), siguiendo los puntos de corte EUCAST 2024. Además, se estudiaron mutaciones en el gen ERG11 en algunos aislados siguiendo el protocolo de Zaragoza *et al.*

Entre los años 2019-2021 no se identificó ningún aislado resistente a fluconazol. En el año 2022 se estudió la sensibilidad a fluconazol de los aislados de *C. parapsilosis* detectados en 31 pacientes, identificando 3 aislados resistentes (9.70%). En el año 2023 se estudió en los aislados de otros 31 pacientes, detectando 15 aislados resistentes (48.40%). En el año 2024, la sensibilidad a fluconazol se estudió en los aislados de 91 pacientes, identificando resistencia a fluconazol en 53 aislados (58%). La mediana de edad de los pacientes con aislados resistentes fue 57 años (IQR: 40-64), con un único caso pediátrico en una paciente hematológica. La mayoría de los pacientes eran críticos ingresados en las Unidades de Quemados o Cuidados Intensivos.

La mayoría de los aislados resistentes se detectaron en estudios de colonización, mientras que la muestra clínica más frecuente fue el hemocultivo. De los 37 aislados estudiados para mutaciones en ERG11, 36 presentaron la mutación Y132F, y solo uno la mutación G458S.

Desde 2019, se ha observado un incremento de aislados resistentes a fluconazol, en su mayoría de estudios de colonización.

#47 - Oral

Identificación De Compuestos Sinérgicos En Combinación Con Fluconazol De La Prestwick Chemical Library® Contra *Cryptococcus Neoformans*, *Nakaseomyces Glabratus* Y *Candida Auris*

09 - Sensibilidad antifúngica

Alba Torres Cano¹, Óscar Zaragoza Hernández^{1,2}

1. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España
2. Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBERINFEC-CB21/13/00105), Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

El tratamiento de las enfermedades fúngicas invasoras se basa principalmente en tres familias de antifúngicos: azoles, polienos y equinocandinas. Sin embargo, el desarrollo de resistencias y la aparición de especies con susceptibilidad reducida complican el manejo de estas infecciones, lo que supone un problema creciente de salud pública.

En nuestro estudio, evaluamos 1.520 compuestos, sin patentes y aprobados por la FDA, de la *Prestwick Chemical Library*®, para identificar compuestos sinérgicos en combinación con fluconazol. Este podría influir en el desarrollo de resistencias por su uso clínico y similitud estructural con azoles ambientales. Se incluyeron tres especies de levaduras seleccionadas por sus perfiles de susceptibilidad: *Cryptococcus neoformans*, caracterizada por su baja susceptibilidad al fluconazol y resistencia a las equinocandinas; *Nakaseomyces glabratus* (*Candida glabrata*), intrínsecamente menos susceptible a los azoles; y *Candida auris*, conocida por su multirresistencia.

En el ensayo de sinergia se identificaron 3 compuestos efectivos contra *C. neoformans* (ácido acetilsalicílico, bromuro de pinaverio y clorhidrato de tioridazina), 4 contra *N. glabratus* (cianidol, ácido risedrónico monohidratado, maleato de tegaserod y alendronato de sodio) y 5 contra *C. auris* (ibufenac, flurbiprofeno axetil, oxiglutación, atorvastatina y avermectina B1). A continuación, se realizó un ensayo de tablero de ajedrez para confirmar la sinergia, usando diferentes aislados clínicos. Se comprobó la actividad sinérgica del ácido acetilsalicílico y bromuro de pinaverio para *C. neoformans*; ácido risedrónico monohidratado y alendronato de sodio para *N. glabratus*; oxiglutación para *C. auris* y, por último, avermectina B1 y atorvastatina para las tres especies.

Los compuestos identificados representan candidatos prometedores para ampliar las opciones terapéuticas frente a infecciones fúngicas resistentes, aunque son necesarios estudios adicionales de toxicidad y seguridad.

La Peroxiredoxina Tsa1b De Candida Auris Contribuye En La Respuesta Al Estrés Oxidativo Y La Virulencia Durante La Infección

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Maialen Areitio¹, Oier Rodriguez-Erenaga¹, Leire Aparicio-Fernandez¹, Lucia Abio-Dorransoro¹, Nahia Cazalis-Bereicua¹, Leire Martin-Souto¹, Idoia Buldain¹, Beñat Zaldibar², Alba Ruiz-Gaitan³, Javier Pemán³, Salomé Leibundgut-Landmann^{4,5,6}, Aitor Rementería¹, **Aitziber Antoran**¹, Andoni Ramirez-García¹

1. Dpto. de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España
2. Grupo de Investigación CBET, Dpto. de Zoología y Biología Celular Animal, Facultad de Ciencia y Tecnología, Centro de Investigación de Biología y Biotecnología Experimental Marina PIE, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Leioa, España
3. Dpto. de Microbiología, Hospital Universitario y Politécnico La Fe, Valencia, España
4. Section of Immunology, Vetsuisse Faculty, University of Zürich, Zürich, Suiza
5. Institute of Experimental Immunology, University of Zürich, Zürich, Suiza
6. Medical Research Council, Centre for Medical Mycology, Department of Biosciences, Faculty of Health and Life Sciences, University of Exeter, Exeter, Reino Unido

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Desde la identificación de *Candida auris* en 2009, el tratamiento de las infecciones causadas por este hongo y su erradicación en entornos hospitalarios han supuesto un gran desafío. La dificultad para eliminar *C. auris* se debe, en gran parte, a su alta resistencia frente a estreses ambientales, como el estrés oxidativo, importante mecanismo tanto en la respuesta inmune del hospedador como en varios desinfectantes. Por ello, el objetivo fue analizar la respuesta de *C. auris* frente al estrés oxidativo y determinar el papel de la peroxiredoxina Tsa1b en su virulencia.

Para evaluar las alteraciones en la expresión génica y proteica de *C. auris* expuesta a 8 mM de H₂O₂ se realizaron análisis de PCR cuantitativa y electroforesis bidimensional, respectivamente. A través de espectrometría de masas, se identificaron varias proteínas diferencialmente expresadas bajo estrés oxidativo. La peroxiredoxina Tsa1b fue destacada como relevante en ambos análisis y se confirmó como antígeno mediante Western Blot utilizando sueros obtenidos de pacientes con infecciones diseminadas causadas por *C. auris*. En consecuencia, se generó una cepa mutante de delección de la proteína Tsa1b mediante la técnica CRISPR-Cas9, que fue caracterizada *in vitro* e *in vivo*. Los resultados mostraron que la cepa mutante era más susceptible a diversos estreses ambientales y presentaba una composición de la pared celular alterada. Además, la cepa de delección mostró menor supervivencia al ser co-incubada con macrófagos y células dendríticas, así como una disminución en la internalización llevada a cabo por las mismas. Finalmente, se observó una menor virulencia de la cepa de delección de *C. auris* en infecciones diseminadas en *Galleria mellonella* y ratones.

En conclusión, en este estudio se han identificado las proteínas clave implicadas en la respuesta al estrés oxidativo de *C. auris*, destacando la importancia de la peroxiredoxina Tsa1b en el desarrollo del proceso infeccioso causado por este patógeno fúngico.

#44 - Póster

Endoftalmitis Endógena Bilateral Por Candida Albicans: Desafío Diagnóstico Y Terapéutico

10 - Casos clínicos

Ramón Vela Fernández¹, Inmaculada Concepción Guerrero Lozano¹, Jose Antonio Pérez Paniego², Manuel Antonio Rodríguez Iglesias¹

1. Microbiología Clínica - Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz, España
2. Oftalmología - Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción

La endoftalmitis endógena es una rara afección secundaria a la diseminación hematógena de microorganismos hacia el globo ocular. *Candida albicans* es un patógeno significativo en este contexto, particularmente en pacientes con factores predisponentes como inmunosupresión o infecciones sistémicas.

Descripción del Caso

Se presenta un varón de 83 años, exfumador, hipertenso, con hiperplasia prostática benigna y operado de cataratas en ojo izquierdo, que ingresa por espondilodiscitis L4-L5 confirmada por RMN en contexto de fiebre, disuria, dolor lumbar irradiado a miembro inferior derecho y parestesias en extremidades inferiores.

Una biopsia vertebral percutánea identificó *Bacillus cereus*, iniciando tratamiento con linezolid intravenoso y ceftriaxona, además de añadir isoniacida profiláctica tras IGRA positivo. Es valorado por Oftalmología por panuveitis y endoftalmitis bilateral que tratan con vancomicina intravítrea pensando en *Bacillus cereus* como agente causal.

Su evolución es tórpida con amaurosis del ojo izquierdo y se realiza vitrectomía en ojo derecho. Se solicita a Microbiología cultivo y PCR de región 16S, ITS y micobacterias tuberculosas/no tuberculosas en humor vítreo, con resultado positivo a *Candida albicans* en cultivo y en secuenciación de la región ITS.

Revisando su histórico microbiológico, tuvo un episodio de candiduria no tratada dos meses previos al ingreso. Se instaura voriconazol y fluconazol intravenoso, con mejoría del dolor lumbar y recuperación visual parcial del ojo derecho.

Conclusiones

El aislamiento de *Candida albicans* en el humor vítreo subraya la relevancia de considerar etiología fúngica en infecciones oculares complejas.

Las pruebas moleculares demostraron su utilidad para monitorizar la respuesta terapéutica y evitar recaídas, destacando su elevada sensibilidad y especificidad.

El caso resalta la importancia de un abordaje multidisciplinar e individualizado en el manejo de infecciones sistémicas y oftalmológicas

#43 - Oral

Protección O Letalidad: vacunando Frente A Candidiasis Invasiva Con Vesículas Extracelulares De Candida Albicans

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Raquel Martínez Lopez¹, Gloria Molero Martín-Portugués¹, Claudia Parra Giraldo¹, Matías Cabeza², Guillermo Castejón¹, Maria Luisa Hernández³, Concha Gil^{3,1}

1. Dpto. Microbiología y Parasitología F. Farmacia Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España
2. Mycology and Molecular Diagnostics Laboratory, Biochemistry and Biological Science Faculty, Nacional del Litoral University, Santa Fe 3000, Argentina
3. Unidad de proteómica, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La importancia de las vesículas extracelulares (EVs) fúngicas en la comunicación intercelular y su papel inmunomodulador, las convierte en prometedoras candidatas a vacunas acelulares. Hace tiempo demostramos la alta capacidad protectora (más del 90%) de una infección previa con el mutante avirulento ecm33 de *C. albicans*, frente a una posterior candidiasis invasiva letal en modelo de ratón y, recientemente, hemos descrito las diferencias entre EVs secretadas por distintas morfologías de *C. albicans*. Por tal motivo, en este trabajo se caracterizaron las EVs secretadas por levaduras de dicho mutante (ecm33 YEVs) y se probó su capacidad protectora. También se probaron vesículas secretadas por células de levadura (SC5314 YEVs) y de hifas (SC5314 HEVs) de la cepa parental SC5314. La protección obtenida con vesículas secretadas por células levaduriformes fue prometedora: 64% (ecm33 YEVs) y 91 % (SC5314 YEVs) de supervivencia frente a una infección letal de *C. albicans*. Sorprendentemente, las SC5314 HEVs produjeron una respuesta dual: mortalidad temprana en algunos de los ratones, a la vez que un 36% de protección. Los análisis proteómicos pueden explicar en parte estos resultados, ya que entre las 100 proteínas más abundantes en las distintos EVs se detectaron: a) 50 proteínas comunes, incluyendo proteínas inmunogénicas como Pgk1, Cdc19 o Fba1; b) proteínas inmunogénicas relevantes, como MpP65 y Ecm33, únicas en las SC5314 YEVs; y c) proteínas relacionadas con la patogénesis, como Ece1, solo presentes en las SC5314 HEVs. Además, los ratones inmunizados con las SC5314YEVs presentaron los títulos más altos de IgG2a y niveles moderados de IL-17, IFN- γ y TNF- α , lo que indica la importancia de las respuestas tanto humoral como celular para la protección. Estos resultados muestran el potencial inmunoprotector de las EVs de *C. albicans* frente a candidiasis sistémica, pero también subrayan la necesidad de evaluar los riesgos asociados a determinadas EV.

#42 - Póster

Experiencia Del Uso Combinado De PCR En Enjuague Bucal Y β -D-Glucano Para El Diagnóstico De *Pneumocystis Jirovecii*

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Claudia Sanz-González, Alfredo Maldonado-Barrueco, Eduardo Rubio-Mora, Julio Garcia-Rodriguez

Hospital Universitario La Paz, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción

Pneumocystis jirovecii puede colonizar las vías respiratorias o causar neumonía en pacientes inmunosuprimidos. Aunque el diagnóstico microbiológico se basa en tinciones, actualmente se utiliza PCR en lavado broncoalveolar (BAL), que no discrimina entre colonización e infección. Como alternativa menos invasiva se recomienda la PCR en enjuague bucal. Este estudio describe el uso de esta alternativa junto con β -D-glucano sérico para incrementar sensibilidad y especificidad del diagnóstico.

Material y métodos

Se incluyó a 38 pacientes con sospecha de infección por *P. jirovecii* entre 2022 y 2024. Se realizó β -D-glucano (BDG) (Fujifilm Wako Chemicals) en suero y PCR (MycogenIE, Ademtech) en enjuague bucal con suero salino. Las muestras se obtuvieron con una diferencia máxima de 24h.

Resultados

De los pacientes, 28 fueron hombres con una mediana de 62.5 años (IQR 23.25). Todos presentaban inmunosupresión siendo la más común VIH.

De 13 pacientes con PCR positiva, 11 tuvieron BDG positivo. Doce iniciaron tratamiento específico y 1 lo continuó; 1 fue confirmado por BAL.

De los 25 pacientes con PCR negativa, 8 estaban en profilaxis, 1 inició tratamiento. Siete no tenían tratamiento previo, 1 inició tratamiento terapéutico y otro profiláctico; 1 de ellos se confirmó por BAL. Diez fueron tratados antes de la toma de muestra, en 2 de ellos se retiró, 1 pasó a profiláctico, 3 continuaron el tratamiento y en 4 se recogió un BAL con resultado negativo, tras el cual se retiró.

Ningún β -D-glucano positivo sin PCR positiva llevó al inicio de tratamiento.

Conclusión

El diagnóstico de *P. jirovecii* es complejo debido su dualidad y las condiciones de los pacientes. La implementación de técnicas menos invasivas, como la PCR en enjuague bucal, mejora la toma de decisiones clínicas, pero con menor sensibilidad. La combinación con BDG sérico, puede incrementar la sensibilidad y la especificidad del test. Se necesitan estudios prospectivos comparativos para evaluar su eficacia

#41 - Póster

Hacia La Biología Molecular En Las Dermatofitosis

08 - Micosis cutáneas y superficiales

Sara Sanz Sanz, Concepción López Gómez, Ana Milagro Beamonte, Natalia Burillo Navarrete, Mónica Pilar Ariza Samper, Victor Viñeta Valdelvira, Belén Lambán Per, Antonio Rezusta López

Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción/Objetivos

La mayoría de las micosis cutáneas son causadas por dermatofitos, produciendo dermatofitosis o tiñas. Recientemente, se han desarrollado ensayos moleculares con PCR a tiempo real (qPCR), que mejoran la sensibilidad y aceleran los tiempos de diagnóstico.

El objetivo fue evaluar la sensibilidad y especificidad del ensayo Novaplex™ Dermatophyte (Seegene) en nuestro laboratorio.

Materiales y métodos

Estudio observacional retrospectivo (mayo 2023 - mayo 2024) en pacientes con sospecha de tiña, analizando muestras de piel, cuero cabelludo y uñas mediante qPCR y cultivo.

Resultados

Se estudiaron 47 pacientes. En la tabla 1 se muestran los resultados de ambas técnicas.

La sensibilidad de la qPCR fue del 82.35% y la especificidad del 80%.

Conclusiones

El dermatofito más aislado fue *Tricophyllum rubrum* (60.8%). La qPCR mostró mejor rendimiento en muestras de uñas, con buena sensibilidad, pero su efectividad disminuye en las muestras de piel.

*La qPCR no tenía diana para este dermatofito. Dianas del ensayo: especies del complejo *T. mentagrophytes*, *T. rubrum*, y del género *Microsporum*; y *Candida albicans*.

Muestra	qPCR	Cultivo	Dermatofito
CUERPO	-	-	
MANO	-	-	
UÑA MANO	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
CARA	-	-	
CUERPO	-	-	
UÑA PIE	-	-	
PIE	-	-	
CUERO CABELLUDO	-	-	
PIEL	-	+	<i>T. rubrum</i>
CUERPO	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
CUERPO	-	+	<i>Nannizzia gypsea</i> *
PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
CUERO CABELLUDO	-	-	
UÑA PIE	+	-	<i>T. rubrum</i>
CUERPO	-	-	

PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
CUERO CABELLUDO	-	-	
CUERPO	-	-	
PIE	-	-	
CUERPO	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. mentagrophytes complex</i>
UÑA PIE	+	-	<i>T. mentagrophytes complex</i>
UÑA PIE	-	-	
CUERO CABELLUDO	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. mentagrophytes complex</i>
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
CUERO CABELLUDO	-	-	
UÑA PIE	+	-	<i>T. mentagrophytes complex y T. rubrum</i>
UÑA PIE	+	-	<i>T. rubrum</i>
PIE	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
UÑA PIE	+	-	<i>T. mentagrophytes complex</i>
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
PIE	-	-	
UÑA PIE	-	+	<i>T. mentagrophytes complex</i>
UÑA PIE	+	-	<i>T. rubrum</i>
UÑA PIE	-	-	
UÑA PIE	-	-	
UÑA PIE	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
UÑA PIE	+	+	<i>T. rubrum</i>
UÑA PIE	-	-	
UÑA PIE	+	+	<i>T. mentagrophytes complex</i>

Desarrollo De Nanobodies Inhibidores De La Actividad Transglicosilasa En *Candida Albicans*

03 - Micología molecular

Laura Vozmediano Peraita¹, Alba Victoria Rubio Lozano¹, Ana Belén Sanz Santamaría¹, Javier Macías León², David Sánchez Navarro², Vladimír Farkaš³, Ramón Hurtado Guerrero², Javier Arroyo Nombela¹

1. Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España
2. Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos (BIFI), Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España
3. Center for Glycomics, Slovak Academy of Sciences, Bratislava, Eslovaquia

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

En *Candida albicans*, las familias de enzimas *CaPhr* y *CaCrh* catalizan la elongación y ramificación del β -1,3-glucano y el entrecruzamiento quitina-glucano y quitina-quitina, respectivamente. Estas actividades enzimáticas de transglicosilación (TG) son fundamentales para los procesos de morfogénesis y remodelación de pared celular, por lo que su ausencia compromete la virulencia y, en algunas condiciones, la viabilidad de *C. albicans*. Esto las posiciona como potenciales dianas para la búsqueda de nuevos antifúngicos. El objetivo de este trabajo ha sido desarrollar *nanobodies* (Nbs) inhibidores de la actividad TG de estas enzimas.

Los Nbs se generaron mediante la inmunización de llamas con las proteínas recombinantes *CaPhr1*, *CaPhr2*, *CaUtr2* y *CaCrh11* y se seleccionaron los que presentaban afinidad por nuestras proteínas mediante *page display*. Los Nbs obtenidos se expresaron en *Escherichia coli* y se purificaron mediante cromatografía de afinidad a níquel. Para determinar el efecto inhibitor sobre la actividad de TG, se usó un ensayo enzimático fluorescente *in vitro* en presencia de los Nbs. Los Nbs que mostraron mayor inhibición se conjugaron a maleimida de sulfo-cianina 5 (Cy5) para estudiar su localización *in vivo* en células de *C. albicans* mediante microscopía de fluorescencia.

De este modo se generaron un total de 159 Nbs específicos frente a las transglicosilasas de *C. albicans*, de los cuales se produjeron 84 logrando un alto rendimiento y pureza. Se identificaron varios inhibidores potentes de la actividad TG *in vitro*, destacando el Nb19002 (anti-*CaPhr1*), Nb17504 (anti-*CaPhr2*), Nb21 y Nb26 (anti-*CaUtr2*) y Nb80 (anti-*CaCrh11*). Además, algunos de los Nbs mostraron actividad cruzada frente a varias proteínas de la misma familia. Sin embargo, en los experimentos de inmunofluorescencia no se observó marcaje con los Nb-Cy5 en células de *C. albicans*, lo que sugiere problemas de interacción o de accesibilidad a las proteínas diana en la pared celular.

#39 - Póster

Diversidad De Microascaceae En Sedimentos Fluviales Y Propuesta De Nuevos Taxones

02 - Micología ambiental

Enrique Monzón Vázquez, Jose Francisco Cano Lira, Dania García Sánchez, Josepa Gené Díaz

Universitat Rovira i Virigili, Reus, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La familia *Microascaceae* comprende ascomicetes de distribución global, con ciclos de vida diversos (saprófitos, endófitos o patógenos de plantas y animales). Sin embargo, su presencia en ambientes fluviales ha sido poco explorada. Este trabajo tiene como objetivo estudiar la diversidad de *Microascaceae* cultivables en sedimentos de río. Para ello se muestrearon ríos y riachuelos de la Cuenca mediterránea española. Se utilizaron los siguientes medios de aislamiento: agar patata dextrosa con actidiona y agar dicloran rosa bengala-cloranfenicol, con y sin benomilo, a 15/25 °C. La identificación y estudio de relaciones filogenéticas se basó en el análisis de secuencias ITS y LSU del ARNr, y fragmentos de *tub2* y *tefl*. Hasta la fecha se han obtenido 75 cepas pertenecientes a 26 especies de los géneros *Acaulium*, *Cephalotrichum*, *Fairmania*, *Gamsia*, *Kernia*, *Microascus*, *Parascedosporium*, *Petriella*, *Pseudoscopulariopsis*, *Pseudowardomyces*, *Scedosporium*, *Scopulariopsis* y *Wardomyces*. Además, el análisis filogenético nos ha permitido detectar una nueva especie de *Microascus*, propuesta como *M. sedimenticola*, así como el nuevo género *Guadarramamyces*, tipificado por *G. dentiformis* sp. nov. Dicho género se diferencia del resto de géneros de la familia por la presencia de anélices solitarias que producen largas cadenas de conidios hialinos y en forma de bala, y de un sinanamorfo con conidios blásticos, pardos, bicelulares, y cuneiformes. *Microascus sedimenticola* presenta el típico aparato conidiogénico del género, pero se distingue por la presencia de conidios blásticos y solitarios que crecen sésiles sobre las hifas vegetativas; dichos conidios similares a los presentes en géneros como *Scedosporium*. El presente estudio destaca los sedimentos fluviales como reservorio de *Microascales* en ambientes acuáticos, no solo de especies conocidas sino también de nuevos linajes que pueden contribuir al mejor conocimiento de la evolución de este grupo de hongos.

#38 - Póster

Brote De Endoftalmitis Por *Fusarium*

10 - Casos clínicos

Ana Maria Rodriguez Rey¹, Alicia Barreales Fonseca², Helena Lorenzo Juanes¹, Alberto Gomez Herrador¹, Laura Milian Gay¹

1. Hospital El Bierzo, Ponferrada, España
2. Hospital Universitario de León, Ponferrada, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción/Objetivos

La endoftalmitis es la inflamación de los fluidos y tejidos intraoculares, la presentación postquirúrgica es la más frecuente, constituyendo hasta un 70% de todas las formas de endoftalmitis. El objetivo de este estudio es la descripción de un brote de endoftalmitis por *Fusarium* en el Hospital de El Bierzo (Ponferrada, León).

Material y método

Se trata de un estudio retrospectivo de los casos de endoftalmitis por *Fusarium* en el hospital del Bierzo entre septiembre de 2023 y mayo de 2024.

Resultados

Durante este periodo hubo 5 pacientes con cultivo positivo para *Fusarium* en muestras oculares y 4 pacientes con cultivo negativo y PCR positiva para *Fusarium spp* en de muestra ocular directa . Se trata de 4 hombres y 5 mujeres con edades entre los 66y 91 años. Todos ellos tenían como antecedente haberse sometido a cirugía de cataratas. Las muestras que resultaron positivas fueron: humor acuoso (5 casos), humor vítreo (2 casos) y biospsia saco/lente (2 casos). En los cinco pacientes con cultivo positivo la especie aislada fue *Fusarium oxysporum*, en estos casos se realizó antifungigrama en el CNM: Anfotericina B CMI 1,Itraconazol CMI >8, Voriconazol CMI 8, Posaconazol CMI >8, Isavuconazol CMI >8, Terbinafina CMI 8, Caspofungina CMI >16, Micafungina CMI >2, Anidulafungina CMI >4. El tratamiento recibido en todos los casos ha sido voriconazol oral y/o intravítreo. La evolución fue favorable en 2 pacientes y el resto evolucionó hacia la cronicidad y la pérdida de visión.

Tras la aparición de varios casos se verificó la correcta limpieza y desinfección de los quirófanos, tomando muestras ambientales y se creó un equipo de trabajo multidisciplinar para seguimiento del brote.

Conclusiones

Debido al mal pronóstico de esta infección es fundamental un correcto diagnóstico y la implementación de medidas rápidas multidisciplinarias de control de brotes.

#37 - Oral

Caracterización Del Efecto De Compuestos Inhibidores De Las Transglicosilasas Crh En *Candida Albicans*

03 - Micología molecular

Alba Victoria Rubio Lozano¹, Laura Vozmediano Peraita¹, Ana Belén Sanz Santamaría¹, Óscar Zaragoza Hernández², Vladimír Farkaš³, Rebeca Sánchez Domínguez⁴, José Carlos Segovia Sanz⁴, Francisco Javier Arroyo Nombela¹

1. Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, España
2. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, 28222, Madrid, España
3. Institute of Chemistry, Center for Glycomics, Slovak Academy of Sciences, SK-84538, Bratislava, Eslovaquia
4. Laboratorio de Citometría y Separación Celular LACISEP, Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas, 28040, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La pared celular fúngica es una diana ideal para el desarrollo de antifúngicos debido principalmente a que es esencial para la viabilidad del hongo y no está presente en células de mamífero. La familia de transglicosilasas Crh desempeña un papel crucial en la remodelación de esta estructura mediando el entrecruzamiento entre quitina y glucano. Estos procesos son críticos no solo para el crecimiento celular, sino también para los mecanismos de adaptación necesarios para mantener su integridad.

El objetivo de este trabajo ha sido la identificación y caracterización de compuestos inhibidores de la actividad transglicosilasa (TG). Para ello, se analizó la colección de compuestos *Prestwick Chemical Library*® utilizando un ensayo enzimático fluorescente a gran escala acoplado a citometría de flujo, donde células vivas de levadura incorporan oligosacáridos conjugados a sulforodamina de manera Crh-dependiente a su pared. Los compuestos identificados se ensayaron mediante experimentos de TG *in vitro* para evaluar su capacidad de inhibición de las enzimas Crh de *Candida albicans* (Utr2 y Crh11). Adicionalmente, se evaluó el efecto de los compuestos en la filamentación de *C. albicans*, controlando la formación de hifas por microscopía.

Se identificaron 24 compuestos que presentaron una inhibición de la TG igual o mayor al 20%, y se seleccionaron los más potentes: merbromina (MER), bergenina (BER), lactato de etacridina (EtL), diacereína (DIA), tolcapona (TOL), alfacalcidol (ALF) y aminacrina (AMI). MER, BER y TOL mostraron un mayor efecto sobre la inhibición de Utr2 y Crh11, mientras que EtL y AMI solo inhibieron a Utr2. Además, MER y TOL inhibieron también la capacidad de filamentación de *C. albicans*.

Estos resultados demuestran que los compuestos seleccionados, especialmente MER y TOL, modulan la actividad de las enzimas Crh en *C. albicans* y reducen su capacidad de filamentación, sugiriendo su potencial como alternativa para el tratamiento de infecciones fúngicas.

#36 - Póster

La Nucleoporina Nup84 Como Regulador De La Transcripción De Los Genes Dependientes De La Ruta De Integridad Celular De Levaduras

03 - Micología molecular

Raúl García Sánchez¹, Mónica Pavón Vergés², Ana Belén Sanz Santamaría¹, Alba Rubio Lozano¹, Laura Vozmediano Peraíta¹, Yulia Petryk¹, Jose Manuel Rodríguez Peña¹, Javier Arroyo Nombela¹

1. Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, IRYCIS, Madrid, España
2. Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Nup84 es una proteína del complejo del poro nuclear (NPC), conocida por su papel en el transporte nucleocitoplásmico de RNA y proteínas. Sin embargo, estudios recientes sugieren que Nup84 también participa en la regulación transcripcional. Nuestro laboratorio ha caracterizado el programa transcripcional asociado a daños en la pared celular de las levaduras, regulado por la ruta de integridad celular (CWI) a través de la MAPK Slt2 y el factor de transcripción Rlm1. Este mecanismo incluye el reclutamiento de la RNA Pol II a promotores de genes dependientes de CWI y la participación de complejos remodeladores de cromatina como SWI/SNF, SAGA y otras proteínas como Pat1.

En este estudio demostramos que Nup84 es necesaria para la activación de genes dependientes de CWI, como *KDX1/MLP1*, *PIR3* o *PRM5*. Análisis transcriptómicos mediante RNA-seq revelaron que un 45% de los genes inducidos por Rojo Congo presentaban niveles significativamente reducidos de sus RNAm en el mutante *nup84Δ* frente a la cepa silvestre. Para evaluar si esto se debía a defectos en el transporte nucleocitoplásmico de mensajeros, realizamos experimentos de Fluorescence In Situ Hybridization (FISH), que demostraron que el transporte de RNAm de genes como *MLP1* y *RLM1* no estaba afectado en *nup84Δ*.

Análisis de inmunoprecipitación de cromatina (ChIP) mostraron que, en ausencia de Nup84, el reclutamiento de Rlm1, Slt2 y la RNA Pol II a promotores de genes regulados por CWI estaba parcialmente afectado. Aunque Nup84 no se asocia directamente con regiones promotoras experimentos de inmunoprecipitación revelaron que interactúa con Slt2, y esta interacción se incrementa en condiciones de estrés en la pared.

En conjunto, estos resultados revelan que Nup84 desempeña un papel importante en la regulación transcripcional mediada por la ruta CWI en respuesta al daño en la pared celular, sugiriendo que actúa mediante su interacción con Slt2, independientemente a su función clásica en el transporte nucleocitoplásmico.

#35 - Oral

Identificación De Proteínas Reguladoras De La Captación De Hierro Y El Desarrollo Dimórfico En El Hongo *Mucor Lusitanicus*.

03 - Micología molecular

G. Navarro-Del Saz, P. Carrillo-Marín, G. Tahiri, E. Navarro, V. Garre, F.E. Nicolás

Universidad de Murcia, Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Biología, Murcia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La mucormicosis es una infección causada por hongos del orden *Mucorales*, que afecta a individuos inmunocomprometidos y tiene altas tasas de mortalidad. Entre los factores de virulencia importantes se encuentran la captación de hierro y el dimorfismo. Este último permite a algunas especies, como *Mucor lusitanicus*, alternar entre levadura y micelio, siendo esta última la forma virulenta. Estudios genómicos identificaron genes relacionados con la captación de hierro, que codifican ferroxidasas (*fet3a*, *fet3b* y *fet3c*) y permeasas (*ftr1m* y *ftr1y*), cuya expresión varía según la forma dimórfica. Los genes *fet3a* y *ftr1y* están sobreexpresados en levadura y comparten un promotor bidireccional, mientras que *fet3b* y *ftr1m* lo hacen en micelio y están organizados de manera similar.

Este estudio se centró en analizar la regulación de estos genes y su relación con el dimorfismo. Con el objetivo de identificar proteínas reguladoras de estos genes, se realizó un ensayo de “DNA Pull-Down” con los dos promotores bidireccionales implicados en la captación de hierro y extractos proteicos de ambas formas vegetativas. Como resultado, se identificaron una proteína con dominio F-box (*Mucci3_1468915*) y una hipotética quinasa (*Mucci3_1471074*). Para estudiar el papel de estas proteínas en la captación de hierro y en el dimorfismo, se deleccionaron ambos genes, observándose que los mutantes correspondientes mostraban alteraciones en el desarrollo de la levadura y en la expresión de *fet3a* y *ftr1y*. Estos resultados sugieren un papel regulador de estas proteínas en el desarrollo dimórfico y la captación de hierro y, por tanto, podrían constituir dianas terapéuticas para el tratamiento de la mucormicosis.

#34 - Póster

Dermatofitosis Del Cuero Cabelludo, Revisión De Casos En La Población Pediátrica En El Periodo 2010-2024.

08 - Micosis cutáneas y superficiales

Mónica Ariza Samper, Víctor Viñeta Valdelvira, Belén Lambán Per, María Lezaun Andreu, Laura Valour -, Clara Azón Antón, Concepción López Gómez, Antonio Rezusta López

Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las dermatofitosis o tiñas del cuero cabelludo son micosis zoonóticas superficiales causadas por dermatofitos que afectan a la epidermis y sus anejos, especialmente en edad pediátrica. Se caracterizan por lesiones escamosas y pruriginosas, enrojecimiento y caída del cabello. Son altamente contagiosas y se transmiten principalmente por contacto directo o indirecto a través de fómites. Un diagnóstico temprano y un tratamiento antifúngico adecuado son esenciales para evitar complicaciones y prevenir su propagación. Con intención de determinar sus agentes causales principales, se lleva a cabo un estudio observacional descriptivo de la prevalencia de dermatofitosis en el cuero cabelludo en la población pediátrica de un hospital de tercer nivel. Se recogen los datos del periodo 2010-2024, con un total de 1.452 pacientes a estudio por clínica compatible. De la totalidad de pacientes estudiados, se certificó crecimiento de dermatofitos en 347 de ellos, dándose en 3 pacientes una coinfección por dos especies distintas. En nuestro medio, el agente causal más frecuente de dermatofitosis del cuero cabelludo en niños es *Trichophyton soudanense* (146 casos), seguido de *Microsporum audouinii* (73 casos) y *Microsporum canis* (63 casos). Acorde a la literatura, la mayor concentración de casos se dio en niños en edad escolar menores de 10 años. Destaca un notable descenso en la incidencia entre 2020-2021, pudiendo estar en relación con la pandemia por SARS-COV2, que limitó las relaciones interpersonales durante dicho periodo. La gran mayoría de pacientes proceden de África, donde los principales agentes causales son *T. soudanense* y *M. audouinii*; sin embargo, la infección por *M. canis*, agente zoófilo, es de mayor prevalencia en la población autóctona.

Dermatofitos causantes de tiñas de cuero cabelludo, en función de la edad

	0-4 años	5-9 años	10-14 años
<i>T.soudanense</i>	70	61	13
<i>M.audouinii</i>	52	21	0
<i>M.canis</i>	32	25	6
<i>T.tonsurans</i>	11	13	5
<i>T.rubrum</i>	7	6	1
<i>T.violaceum</i>	1	6	0
<i>T.mentagrophytes</i>	1	5	1
<i>M.gypseum</i>	0	2	0
<i>T.rubrum</i> + <i>T.soudanense</i>	0	0	2
<i>Trichophyton</i> spp	4	2	0
Sin identificar	0	0	1
TOTAL	178	141	29

#33 - Oral

ESTUDIO DE LAS OXIDASAS ALTERNATIVAS DE CANDIDA ALBICANS DURANTE LA COLONIZACIÓN DEL TRACTO GASTROINTESTINAL

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Alejandro Sanz Rodríguez, Daniel Prieto Prieto, Lucía García Pastor, Isabel Cortés Prieto, Marina Álvaro Moya, Rebeca Alonso Monge, Jesús Pla Alonso, Elvira Román González

Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Objetivos

Analizar el papel de las oxidasas alternativas (*AOX1* y *AOX2*) en la fisiología y estado comensal del hongo dimórfico *Candida albicans*.

Materiales y métodos

Hemos obtenido mutantes en las dos oxidasas alternativas que existen en *C. albicans* utilizando la metodología CRISPR. El papel de dichas oxidasas se ha evaluado *in vitro* en células en fase estacionaria mediante ensayos de crecimiento en medio sólido en condiciones de normoxia o microaerofilia/anaerobiosis: en respuesta a distintos tipos de estrés (oxidativo, osmótico, de pared celular y de membrana), y en respuesta a distintas concentraciones de sales biliares en presencia o no de fuentes de carbono alternativas. También se ha evaluado la capacidad de filamentar de dichas cepas en medio líquido (tras la adición o no de suero fetal bovino, FBS, a 30 y 37°C). Por otra parte, el papel en la capacidad de establecerse como comensal en el intestino se ha analizado utilizando un modelo de colonización en el tracto gastrointestinal (TGI) en ratones C57BL/6, mediante recuento de UFC/g. de heces tras una administración única de una mezcla de 1:1 de la cepa parental y el mutante a estudiar.

Resultados y conclusiones

Los estudios preliminares *in vitro* demuestran que el gen *AOX1* está involucrado tanto en la sensibilidad a sales biliares como en la capacidad de filamentar. Se observa una mayor resistencia de los mutantes *aox1* en crecimiento en sólido en presencia de 0.3% de sales biliares, viéndose este efecto independientemente de la fuente de carbono utilizada. Los mutantes *aox1* también presentan una mayor capacidad de filamentación que se observa principalmente sin la adición de FBS a 37°C. Los ensayos de comensalismo mostraron que los mutantes *aox2* parecen tener una mejor adecuación biológica a este nicho con respecto a la cepa parental a tiempos largos de colonización. Por el contrario, *AOX1* no parece ser relevante en estas condiciones, no encontrándose diferencias de colonización con la cepa parental.

#32 - Oral

Una Metiltransferasa De Fosfolípidos Como Factor Clave En La Virulencia Y Morfología Fúngica De Hongos Mucorales

03 - Micología molecular

P. Carrillo-Marín, G. Tahiri, C. Lax, G. Navarro Del Saz, F.E. Nicolás, V. Garre

Universidad de Murcia, Departamento de Genética y Microbiología, Facultad de Biología, Murcia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La **mucormicosis** es una infección fúngica invasiva y altamente mortal, causada por hongos del orden Mucorales, como *Rhizopus microsporus*. Afecta principalmente a personas inmunodeprimidas o con diabetes, aunque también puede manifestarse en individuos sanos. Recientemente, su incidencia ha aumentado debido a su asociación con Covid-19, lo que resalta la necesidad de terapias antifúngicas eficaces. La **fosfatidilcolina** (PC), un componente esencial de las membranas celulares, desempeña funciones clave en la integridad celular y la señalización. Si bien su biosíntesis ha sido estudiada en levaduras, el papel de las metiltransferasas de fosfolípidos en hongos patógenos filamentosos, como *R. microsporus*, sigue siendo poco comprendido.

Análisis transcriptómicos en esporas de *R. microsporus* para identificar genes implicados en la termotolerancia revelaron que la expresión de PLmet, una metiltransferasa de fosfolípidos, disminuye significativamente a 37 °C, temperatura relevante para la infección en humanos. Utilizando CRISPR-Cas9, se generaron mutantes del gen *plmet* para evaluar su impacto en la síntesis de PC y la virulencia del hongo. Estudios lipidómicos mostraron alteraciones en la acumulación de PC y sus precursores, como la fosfatidiletanolamina (PE), así como una reducción de la virulencia en ratones en los mutantes. Los mutantes también presentaron una disminución en la producción de esporas y un aumento en el crecimiento en medio sólido, acompañado de una alteración en la morfología del micelio. Estos resultados destacan la relevancia de PLmet en la patogénesis de *R. microsporus* y sugieren que la modulación de la síntesis de PC y PE podría ser una estrategia terapéutica prometedora para controlar la mucormicosis.

#31 - Póster

Análisis De La Prevalencia De Candidiasis Bucal En Estudiantes Universitarios De La BUAP, México.

11 - Una Salud y Salud Global

Jennifer Romero Nueva, Miriam Toxqui Munguia, Raúl Ávila Sosa Sánchez, Ricardo Munguia Pérez

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción. La candidiasis es una de las micosis sistémicas más prevalentes y representa una infección oportunista causada por especies del género *Candida*. Las infecciones oportunistas han aumentado significativamente en los últimos 30 años. Entre los agentes más comunes se encuentran *Candida sp.*, *Candida albicans*, *Candida glabrata* y *Candida tropicalis*. Sin embargo, el uso generalizado de fluconazol entre otras causas ha favorecido la aparición de especies resistentes a los azoles, como *Candida krusei*. Las candidiasis suelen manifestarse en distintos sitios anatómicos, como la mucosa bucal. El objetivo del estudio fue determinar la prevalencia de especies de *Candida* en la mucosa bucal de una población estudiantil universitaria entre 20 a 25 años. Material y métodos. Se llevó a cabo un muestreo de estudiantes universitarios, se obtuvieron resultados positivos para *Candida*. Las muestras se recolectaron mediante hisopados de la mucosa bucal y se cultivaron en placas con medio SDA y CHROMagar para favorecer el crecimiento y aislamiento de las especies. Los resultados mostraron una mayor prevalencia de infecciones en hombres (67.7%). *Candida albicans* fue la especie predominante, presente en el 29.5% de los casos. Sin embargo, *Candida krusei*, una especie menos frecuente, se identificó en el 21.5% de las muestras. Otras especies detectadas incluyeron *C. glabrata* y *Candida sp.*, ambas con una prevalencia del 19.6%, mientras que la menor prevalencia correspondió al 9.8%. Conclusiones. *Candida albicans* continúa siendo la especie más prevalente entre las diferentes especies de *Candida*. Sin embargo, *Candida krusei* ha mostrado un aumento significativo, lo que evidencia un cambio en las dinámicas de crecimiento y resistencia en zonas anatómicas previamente poco asociadas a esta especie. Por lo tanto, este estudio continuará con la realización de un muestreo con el propósito de alcanzar una muestra representativa, enfocándose principalmente en *Candida krusei*.

#30 - Oral

MICOREFORESTACIÓN DE ZONAS PERTURBADAS DEL PARQUE NACIONAL LA MALINTZI MÉXICO.

02 - Micología ambiental

Miriam Toxqui Munguia, Raul Avila Sosa Sanchez, Manuel Huerta Lara, Ricardo Munguia Perez

Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La pérdida de biodiversidad ha aumentado debido a factores ambientales. Se han desarrollado estrategias para la preservación de la misma como la micoreforestación. El Parque Nacional La Malinche (PNM) en Puebla alberga gran diversidad boscosa, y de hongos. Estos son utilizados por las comunidades en San Miguel Canoa (SMC), en prácticas etnomicológicas. Objetivo: Realizar la mico reforestación de zonas perturbadas en el bosque de la región de San Miguel Canoa México. Hipótesis: La micoreforestación contribuirá a la conservación de la biodiversidad y de los saberes tradicionales. Metodología: Se realizó la colecta de especímenes mediante 12 recorridos, considerando la diversidad de Shannon y se identificaron fenotípicamente. Se recuperaron cuatro géneros y nueve especies de hongos comestibles: *Pleurotus spp.* (crema, blanca, gris y amarilla), *Agaricus bisporus*, *Agaricus campestris*, *Agaricus arvensis*, *Lentinula sp.* y *Ganoderma sp.* Se evaluó el crecimiento micelial de estas especies en diferentes medios de cultivo, con el objetivo de identificar los más favorables para su desarrollo.

Obtuvimos cepas en agar artesanal de trigo con malta y agar papa. Posteriormente, inoculamos semillas de trigo con micelio en frascos hasta obtener germoplasma. Realizamos encuestas etnomicológicas y observaciones etnográficas a 30 hongueros con muestreo por conveniencia, que abordó: importancia social, ambiental y micológica. Resultados: La diversidad fue de 19 familias, 30 géneros y 61 especies. Se recuperó germoplasma de 4 géneros y 9 especies en total, todas con hábito saprobio. La encuesta evidencio: 32 especies utilizadas por la comunidad, 30 comestibles y 2 medicinales. Conclusiones: Las nueve especies recuperadas se desarrollaron de manera favorable en las semillas de trigo, las cuales se encuentran en conservación para su posterior uso, ya sea en siembras en bolsas con algún sustrato, en siembras *in situ* o para su posterior investigación de desarrollo.

#29 - Póster

Perfil De Sensibilidad Antifúngica De Candida Guilliermondii (Meyerozyma Guilliermondii)

09 - Sensibilidad antifúngica

Cristina Marcos-Arias, Esther Tamayo, Alicia Gutiérrez, Katherine Miranda-Cadena, Andrea Guridi, Guillermo Quindós, Elena Eraso, Estibaliz Mateo

Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea, Bilbao, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las infecciones fúngicas causadas por el complejo de especies de *Candida guilliermondii* (actualmente *Meyerozyma guilliermondii*) - *C. guilliermondii*, *Candida carpophila* y *Candida fermentati*- suponen un importante desafío terapéutico, debido a que muchos de los aislamientos clínicos presentan una sensibilidad reducida a los fármacos antifúngicos de uso más habitual.

C. guilliermondii es relevante como agente causal de la candidiasis invasora en pacientes con cáncer. Los estudios sobre esta especie son muy limitados. Por este motivo, nuestro objetivo ha sido estudiar la sensibilidad in vitro de 81 aislamientos de *C. guilliermondii* a cinco fármacos antifúngicos, fluconazol, anfotericina B, anidulafungina, micafungina e ibrexafungerp, mediante la metodología EUCAST. Las concentraciones ensayadas fueron de 0,125-64 µg/ml para el fluconazol y de 0,008-4 µg/ml para los otros cuatro fármacos. La concentración mínima inhibitoria (CMI) se definió como la concentración más baja que inhibía el crecimiento del 90% con respecto al control para la anfotericina B y del 50% para el resto. Se clasificaron como aislamientos salvajes o no salvajes siguiendo los puntos de corte epidemiológicos (ECOFF) o el rango de distribución de las CMI.

La anfotericina B fue la más activa: todos los aislamientos se clasificaron como salvajes (rango de CMI 0,016-0,25 mg/ml). Las equinocandinas, anidulafungina y micafungina, le seguían en actividad, con rangos de CMI 0,25-4 mg/ml y 0,06-2 mg/ml, respectivamente. Fluconazol e ibrexafungerp mostraron una menor actividad: el 16% (13/81) de los aislamientos se clasificaron como no salvajes para fluconazol y el 53,1% (43/81) mostró un valor de CMI ≥ 4 ml/ml para ibrexafungerp.

#28 - Póster

Evaluación De La Sinergia Terapéutica Entre Fármacos Antifúngicos Y Estatinas Contra Candida Auris

09 - Sensibilidad antifúngica

Katherine Miranda-Cadena, Sandra Gil-Alonso, Elena Sevillano, Guillermo Quindós, Nerea Jauregizar, Elena Eraso

Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea UPV/EHU, Bilbao, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

El tratamiento de las infecciones invasivas causadas por *Candida auris* supone un gran reto terapéutico debido a las limitadas opciones farmacológicas disponibles. Son necesarios nuevos enfoques en el tratamiento de estas candidiasis invasivas, como la reutilización de fármacos en combinación con fármacos antifúngicos. Las estatinas, que actúan inhibiendo la síntesis de la enzima responsable de la síntesis de los esteroides, podrían ser útiles en el tratamiento combinado. Nuestro estudio ha analizado la utilidad terapéutica de la combinación de dos estatinas (lovastatina y simvastatina) con dos fármacos antifúngicos (fluconazol y caspofungina) contra aislamientos clínicos de *C. auris*.

Se estudió la actividad de las estatinas y las combinaciones contra cinco aislamientos de muestras de sangre. Se realizaron ensayos mediante el método del tablero de ajedrez basados en el método de microdilución en caldo del CLSI, para evaluar la sinergia a partir de los cálculos del índice FICI de las CMI de los fármacos individuales y en combinación. El rango de concentraciones finales ensayadas de fluconazol fue de 1 a 64 µg/ml y el rango de concentraciones de caspofungina de 0,03 a 2 µg/ml. Las estatinas se ensayaron a concentraciones de 0,25 a 128 µg/ml.

La combinación de fluconazol con simvastatina mostró un efecto indiferente contra todos los aislamientos de *C. auris*. Sin embargo, la combinación produjo una reducción de seis veces en la CMI de fluconazol contra el 60% de los aislamientos. La combinación de fluconazol con simvastatina mostró indiferencia, aunque también redujo la CMI de fluconazol contra un 20% de los aislamientos. En cuanto a la combinación de caspofungina con las dos estatinas, el efecto fue indiferente, aunque se redujo la CMI de la caspofungina entre tres y siete veces.

Las estatinas podrían representar un complemento terapéutico alternativo para potenciar la actividad de los fármacos antifúngicos convencionales.

#27 - Póster

Determinación Del Locus De Apareamiento MTL En Aislados Clínicos De *Candida Albicans* Y *Candida Tropicalis*.

03 - Micología molecular

Mary Jose Altamirano López¹, Alejandra Espinosa Trexis¹, María Patricia Sánchez Alonso¹, **Eulogio Valentín Gómez**^{2,3}

1. Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México
2. Universidad de Valencia, Departamento de Microbiología, Valencia, España
3. Grupo de Investigación Infección Grave, Instituto de Investigación Sanitaria La Fe (IISLAFE), Hospital Universitari i Politècnic La Fe, Valencia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Objetivos: Identificación molecular de aislados clínicos de *Candida albicans* y *Candida tropicalis*, y análisis del *locus* MTL idiomorfos a/ α

Material y métodos: Se identificaron mediante PCR especie-específica 30 cepas de *C. albicans* y 30 cepas de *C. tropicalis*, a partir de muestras clínicas empleando oligonucleótidos dirigidos a las secuencias ITS 1 y 2. La determinación del *locus* de apareamiento MTL se realizó a partir del DNA extraído de colonia del aislado resuspendida en 20 μ L de solución 0.02M de NaOH y calentando a 95°C durante 15 minutos. A continuación, se emplearon oligonucleótidos específicos para la identificación de los genes α_1 y α_2 en cada una de las especies aisladas y se amplificaron por PCR. Los productos de PCR se sometieron a electroforesis gel de agarosa al 1.5 %, a 95V durante 60 minutos. Para su visualización las muestras fueron teñidas con GelRed nucleic acid gel stain.

Resultados: Se identificaron molecularmente 30 cepas de *C. albicans* y 30 cepas de *C. tropicalis*. En *C. albicans*, 28 cepas se fueron identificadas con el genotipo heterocigotico a/ α , una cepa con el genotipo homocigoto a/a y una cepa el genotipo homocigoto α/α . En *C. tropicalis*, 26 cepas se identificaron con el genotipo heterocigoto a/ α y 4 cepas con el genotipo homocigoto a/a.

Conclusiones: Las cepas heterocigotas en los genes a/ α se asocian con condiciones óptimas para su desarrollo. Sin embargo, en las cepas homocigotas es probable la promoción del apareamiento sexual que a su vez, podría promover la evolución de los rasgos patogénicos fúngicos como la variabilidad genética y la adaptación al medio ambiente. En este estudio se encontraron cepas de *C. albicans* homocigotas α/α y a/a, mientras que en *Candida tropicalis* se identificaron homocigotas a/a.

#26 - Póster

Un Estudio OMICs Multinivel De La Pared Celular En La Levadura Patógena Crítica *Candida Auris*

03 - Micología molecular

Jesús Alberto Gómez Navajas¹, María Alvarado González¹, María Teresa Blázquez Muñoz¹, Emilia Gómez Molero¹, Sebastián Fernández Sánchez¹, Elena Eraso Barrio², Eulogio Valentín Gómez³, Piet W.J. De Groot¹

1. Instituto de Biomedicina, ETSIAMB, Universidad de Castilla-La Mancha, Albacete, España
2. Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco, Bilbao, España
3. Grupo de Investigación GMCA, Departamento de Microbiología y Ecología, Universidad de Valencia, Burjassot, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candidozyma auris (*Candida auris*) es un patógeno fúngico emergente que supone una amenaza sanitaria a nivel mundial, mostrando altos niveles de resistencia a antifúngicos y una elevada persistencia en entornos hospitalarios. Por su gran importancia en los procesos de patogénesis y virulencia estudiamos la síntesis, composición y funcionamiento de las moléculas de la pared celular fúngica en *C. auris*.

Hemos realizado un extenso análisis bioinformático empleando *Candida albicans* y *Saccharomyces cerevisiae* como referencias. Nuestros resultados apuntan una arquitectura de la pared celular conservada. Sin embargo, las expansiones o reducciones en familias génicas, particularmente en relación con la biosíntesis del β -1,3-glucano, la incorporación de fosfo- y β -manano y la presencia de proteínas GPI sugieren sutiles alteraciones en su composición. En varios aspectos, *C. auris* ocupa una posición intermedia entre *C. albicans* y *S. cerevisiae* en concordancia con su reciente separación taxonómica.

Entre las posibles proteínas GPI identificadas encontramos adhesinas típicas tanto de *Candida* (Als e Hyr/Iff) como de *Saccharomyces* (floculinas similares a Flo11 y Flo5). Análisis proteómicos realizados en nuestro laboratorio revelan una amplia incorporación de proteínas Hyr/Iff en la pared celular de *C. auris*, que junto con análisis fenotípicos posteriores han permitido asociar un papel importante en la formación de biopelículas a esta familia. Además, hemos identificado varias proteínas GPI sin homólogos en especies del género *Candida*. El análisis fenotípico de uno de estos genes, *QG37_05701* sugiere un papel asociado al β -1,3-glucano de la pared celular.

Nuestros datos aportan una gran cantidad de información sobre la pared celular de *C. auris*, así como dianas para futuros estudios destinados a determinar su relevancia para la patogenicidad y su potencial para ser utilizado en nuevos enfoques antifúngicos.

Phosphoproteomic Insights Into The Oxidative Stress Response Of *Candida Albicans*

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Gloria Molero Martín-Portugués¹, Víctor Arribas Antón², Ana Borrajo López³, Raquel Martínez López¹, María Luisa Hernández Sánchez², Lucía Monteoliva Díaz³, Concha Gil García¹

1. Dpto. Microbiología y Parasitología, Madrid, España
2. Fac. Farmacia, Madrid, España
3. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida albicans is a fungus of the human microbiota that, under specific circumstances, can turn into an opportunistic pathogen. During infection, macrophages interact with *C. albicans*, initiating the respiratory burst, which produces reactive oxidant species (ROS) such as hydrogen peroxide (H₂O₂) (1, 2). Previous works of our group have analysed the *C. albicans* response to H₂O₂. In these works, we have found that proteome remodulation involves changes in the abundance of key proteins of the three main ROS scavenging systems, there is an important increase in the proteasome activity, and an important role for other proteins such as Prn1 or Cub1 (3, 4). Post-translational regulation of transcription factors is also a crucial point in the oxidative stress response. However, not all the phosphorylation events of this response are known, and proteomics allows the detection and quantification, not only of proteins, but of the specific phosphopeptides that are participating. The present work studies integrates proteomic and phosphoproteomics after 200 minutes of 10 mM H₂O₂ treatment in the *C. albicans* SC5314 strain. Our results demonstrate that *C. albicans* undergoes significant changes in phosphopeptide abundance. An integrative analysis of changes in peptides and phosphopeptides suggests the regulation of processes such as proteasome activation, DNA repair, as well as novel processes like oxidative phosphorylation. Some of the identified phosphosites are consistent with those described for *S. cerevisiae*, while others are newly identified. Notably, our study reveals that post-translational regulation of the oxidative stress response through several kinases and transcription factors remains active even after 200 minutes of exposure to 10 mM H₂O₂ treatment.

1. Miranda JEA, et al. 2019. Med Mycol 57:101–113.
2. Nathan C, Shiloh MU. 2000. Proc Natl Acad Sci U S A 97:8841.
3. Amador-García A, et al. 2021. mSystems 6.
4. Arribas V, et al. 2003. Eukaryot Cell 2:351–361

#24 - Oral

Pegado A Ti: Caracterización De Nuevas Adhesinas Con Dominio β -Hélice En Aislados Clínicos De *Nakaseomyces Glabratus*

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

M.T. Blázquez-Muñoz¹, M. Alvarado¹, J.A. Gómez-Navajas¹, J. Bartolomé Álvarez², E. Eraso³, P.W.J. De Groot¹

1. Instituto de Biomedicina, Universidad de Castilla-La Mancha (UCLM), Albacete, España
2. Complejo Hospitalario Universitario de Albacete, Servicio de Salud de Castilla-La Mancha (SESCAM), Albacete, España
3. Departamento de Immunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina y Enfermería, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Nakaseomyces glabratus (*Candida glabrata*) se encuentra entre las causas más frecuentes de infecciones fúngicas sistémicas a nivel mundial. Por su impacto creciente en entornos hospitalarios y resistencia natural a los tratamientos antifúngicos ha sido incluida en la lista de patógenos fúngicos prioritarios publicada por la OMS en 2022.

A lo largo de su evolución, ha adquirido una serie de atributos únicos como patógeno, entre los que destaca un extenso repertorio de adhesinas, esenciales en su virulencia al facilitar la adhesión a tejidos del hospedador o a dispositivos biomédicos y la formación de biopelículas. Estudios genómicos previos en aislados clínicos permitieron identificar un conjunto variable de proteínas (organizadas en siete clústeres) con funciones asociadas a la pared celular, estableciéndose repertorios de adhesinas específicos de cada cepa.

A través de estudios proteómicos focalizados en la pared celular, identificamos nuevas adhesinas y demostramos que las cepas clínicas con alta formación de biopelículas incorporan más proteínas de los clústeres I (familia Epa), III y V. Nuestros últimos ensayos con mutantes de delección de adhesinas del clúster V evidencian que Awp4 y Awp11 son cruciales para la formación de biopelículas, adhesión intercelular y adhesividad a superficies abióticas, entre otros fenotipos de la superficie celular.

Al resolver las estructuras de los dominios de unión a ligando de varias proteínas de los clústeres III y VI, se observó que contienen una β -hélice paralela dextrógira unida a un β -sándwich en su región C-terminal. Utilizando modelado estructural comprobamos que este motivo está conservado dentro de los clústeres III, V, VI y VII, y es compartido con las adhesinas Iff/Hyr de *Candida albicans* y *Candidozyma auris*. Por tanto, se propone que *N. glabratus* podría emplear estas más de 40 proteínas, con un dominio de unión a ligando distinto al de las adhesinas Epa, para colonizar diversos nichos del hospedador.

#23 - Póster

Diagnóstico De La Candidiasis Intraabdominal: Importancia De La Optimización Del Cultivo Micológico.

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Cristian Castelló-Abietar¹, Concepción Campillo-Martín¹, Carlos Rodríguez-Lucas¹, Lorena Varela-Rodríguez², Cristina Iglesias-Fernández², Teresa Peláez-García De La Rasilla¹

1. Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo, España
2. Servicio de Anestesia y Reanimación, Hospital Universitario Central de Asturias, Oviedo, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción: La definición de la candidiasis intraabdominal (CIA) se basa en la existencia de un cultivo micológico positivo de líquido abdominal, siguiendo los criterios del Consenso Europeo del 2013. Este trabajo evalúa la diferencia de utilizar únicamente un cultivo bacteriológico o utilizar también un cultivo micológico en el diagnóstico de la CIA.

Material y Métodos: Se comparó el resultado del cultivo bacteriológico y micológico de 98 muestras de líquido abdominal procedentes de 70 pacientes con CIA probada, ingresados en la Unidad de Anestesia y Reanimación (Enero de 2022 - Febrero de 2023). El cultivo bacteriológico se realizó en los medios de agar sangre, chocolate, MacConkey y biplaca cromogénica; el cultivo micológico se realizó en medio de Sabouraud Glucosa Gentamicina (BioMérieux).

Resultados: De los 70 pacientes con CIA probada, el cultivo micológico fue positivo en todos los pacientes, siendo *C. albicans* (48%) la especie mayoritariamente aislada, seguida de *C. glabrata* (15%), *C. krusei*, *C. tropicalis* y *C. parapsilosis* (8% cada una) y otras levaduras (13%). Los resultados del cultivo micológico demostraron que 48 pacientes (68.6%) tuvieron una CIA monofúngica y 22 pacientes (31.4%) tuvieron una CIA polifúngica.

En comparación, el cultivo bacteriológico solo detectó CIA en 33 pacientes (47,1%), dando un resultado negativo en 37 pacientes (52.9%). De los 22 pacientes con CIA polifúngica, el cultivo bacteriológico sólo detectó 9 pacientes (41%).

Conclusiones: Para la optimización del diagnóstico de CIA es necesario realizar siempre un cultivo micológico de líquido abdominal en todos los pacientes ingresados en unidades de alto riesgo. La utilización de medios micológicos es esencial para detectar las CIAs polifúngicas causadas por más de una especie de levadura con diferentes patrones de sensibilidad, lo que implica una optimización del tratamiento antifúngico.

#22 - Oral

TRATAMIENTO DEL EUMICETOMA MEDIANTE SISTEMAS HÍBRIDOS DE ARCILLAS CON FÁRMACOS ANTIFÚNGICOS

08 - Micosis cutáneas y superficiales

Esther Saez Bañuz¹, Alexander Misol Gallego², Pilar Aranda², Margarita Darder², María Francisca Colom Valiente³, Consuelo Ferrer Rodríguez³

1. UPV/EHU, Alicante, España
2. CSIC, Madrid, España
3. UMH, Alicante, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción/Objetivos.

El Micetoma es una enfermedad infecciosa crónica que afecta a la piel y al tejido celular subcutáneo, y que conlleva una significativa discapacidad. Fue reconocida por la OMS como una Enfermedad Tropical Desatendida (ETD) en el año 2016. Debido a la escasez de conocimiento sobre la enfermedad, el tratamiento antimicrobiano con frecuencia fracasa o no llega a instaurarse y se recurre a la amputación del miembro afectado. Es por tanto crucial buscar estrategias de tratamiento aplicables en las condiciones de precariedad socio-sanitaria en que se suele dar esta enfermedad.

Materiales y métodos.

Se ha explorado la inmovilización de Anfotericina B (AmB) e Itraconazol (ITZ) en arcillas como sepiolita (SEP), montmorillonita (MMT), laponita (LAP) e hidróxidos dobles laminares (LDH) como posibles soportes de los fármacos para el desarrollo de nuevos sistemas híbridos que permitan su liberación controlada.

Para probar la eficacia del fármaco hibridado en las diferentes arcillas, se han llevado a cabo ensayos in vitro frente a hongos causantes de eumicetoma como *Madurella*, *Aspergillus*, *Subramaniula*, *Macroventuria* y *Chaetomium*, evaluando la capacidad de inhibición de su crecimiento. Los diferentes experimentos se han realizado en superficie con gota, papel impregnado y en pocillo excavado, en medio sólido (SDA), y en medio semisólido (BHI al 10% de agar)

Resultados y conclusiones.

Hemos evidenciado la eficacia de los sistemas con liberación sostenida del fármaco por parte de todos los híbridos ensayados, dado que se mantienen halos de inhibición frente al hongo tras siete días desde la inoculación. Se ha observado eficacia expresada como inhibición del crecimiento en todos los experimentos realizados con AmB e ITZ. Entre las formulaciones con AmB, los productos LDH-AmB generan los mayores halos de inhibición, pero esta es mayor en los compuestos con ITZ, lo que sugiere que el sistema con ITZ muestra una mayor eficacia para este tipo de tratamiento

#21 - Póster

Papel De La Ruta AMPc-PKA Durante La Regulación De La Integridad Del Citoesqueleto De Actina Y La Citocinesis En Schizosaccharomyces Pombe

03 - Micología molecular

Antonio Marín Castillo, Francisco Prieto Ruiz, Sergio León Zaragoza, Miriam Sánchez Giménez, Laura Cano Ríos, Alejandro Franco Sánchez, Andrés Núñez Hernández, José Cansado Vizoso

Grupo de Fisiología Microbiana-Departamento de Genética y Microbiología, Campus de Excelencia Internacional de Ambito Regional (CEIR) Campus Mare Nostrum-Universidad de Murcia, Murcia, España, Murcia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La citocinesis, clave para la proliferación y supervivencia celular, es regulada de forma precisa por diferentes rutas de señalización ambiental que controlan la progresión del ciclo celular y la dinámica del citoesqueleto. El objetivo principal de este trabajo ha sido analizar el papel de las rutas de MAP quinasa de respuesta a estrés (SAPK) y de AMP cíclico-Proteína Quinasa A (AMPc-PKA) sobre la regulación de la integridad del citoesqueleto de actina y la citocinesis en la levadura

Schizosaccharomyces pombe. Para monitorear la progresión de la citocinesis, todas las cepas estudiadas expresan las fusiones Rlc1-GFP (cadena reguladora ligera de la miosina II, como marcador del anillo contráctil de actomiosina [CAR]) y Pcp1-GFP (pericentrina, componente del corpúsculo polar del huso como marcador de la progresión mitótica). El programa de *machine-learning* (IA) ILASTIK se empleó para identificar y cuantificar selectivamente los cables y parches de actina a partir de las imágenes capturadas mediante microscopía de fluorescencia de células teñidas con Alexa-Flúor faloidina. Los resultados obtenidos indican que la ruta AMPc-PKA regula positivamente la citocinesis y el cierre del CAR en *S. pombe* independientemente de la actividad transcripcional de Rst2, su principal diana. De hecho, esta ruta reduce la actividad de la MAP quinasa Sty1 en presencia de glucosa, lo que permite el mantenimiento de unos niveles moderadamente altos de la formina For3 y los cables de actina. Sorprendentemente, la ausencia de For3 y/o los cables de actina no suprimió completamente el efecto favorecedor de la citocinesis ligado a la hiperactivación de la ruta de AMPc-PKA. En conjunto, estos resultados sugieren que la ruta AMPc-PKA regula positivamente la citocinesis en *S. pombe* a nivel post-transcripcional favoreciendo la integridad del CAR mediante dos mecanismos distintos, uno de ellos dependiente del nodo SAPK-For3, y otro de naturaleza desconocida e independiente de los cables de actina.

#20 - Oral

Señalización Vía MAPKs En La Levadura *Saccharomyces Cerevisiae*: El Papel Diferencial De Las MAP3Ks Ssk2 Y Ssk22

03 - Micología molecular

Beatriz Lavilla García, Humberto Martín Brieva, María Molina Martín

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las vías de las proteínas quinasas activadas por mitógenos, o MAPKs, transducen los estímulos detectados en la superficie de células eucarióticas hasta un módulo de proteína quinasas, donde la señal se transmite por fosforilación secuencial hasta una MAPK efectora final para ejecutar una respuesta adaptativa. Recientemente, hemos demostrado que en la levadura *Saccharomyces cerevisiae* se produce un entrecruzamiento entre la ruta de integridad de la pared celular (CWI, *Cell Wall Integrity*) y la ruta de respuesta a alta osmolaridad (HOG, *High Osmolarity Glycerol response*) en respuesta al detergente SDS, para el cual resultan determinantes los componentes de la ruta HOG, Hog1 (MAPK), Pbs2 (MAP2K) y Ssk2 (MAP3K), a diferencia del parálogo de esta última, Ssk22 y el activador de ambas proteínas quinasas, Ssk1.

Para estudiar las diferencias estructurales y funcionales entre Ssk2 y Ssk22, así como los mecanismos moleculares de esta señalización cruzada entre las rutas HOG y CWI, se han generado distintas versiones de ambas proteínas: híbridas entre sus dominios amino-terminal (Nt) regulatorios y carboxilo-terminal catalíticos, truncadas carentes de uno de estos dominios e inactivas. El intercambio de dominios entre Ssk2 y Ssk22 arroja siempre proteínas activas, sugiriendo modularidad estructural y una optimización de Ssk2 en términos de cantidad de proteína, regulación y actividad, en la que su dominio Nt determina esencialmente la capacidad de entrecruzamiento con la ruta CWI. También se llevó a cabo un análisis del interactoma de las regiones Nt de Ssk2 y Ssk22 mediante un ensayo de dos híbridos acoplado a NGS (*Next-Generation Sequencing*) frente a una genoteca de fragmentos del genoma de levadura, en el que se han obtenido 23 proteínas positivas frente a Ssk2, 84 frente a Ssk22 y solo 7 comunes a ambas. Estudios estructurales mediante predicciones de AlphaFold y experimentos de copurificación han permitido confirmar la interacción de Ssk2 con varias de estas proteínas.

#19 - Póster

Factores Inductores De La Autofagia Y Relevancia De La Ruta AMPc-PKA En La Levadura Dimórfica *Schizosaccharomyces Japonicus*

03 - Micología molecular

Laura Cano Ríos, Armando Jesús Pérez Díaz, Sergio León Zaragoza, Antonio Marín Castillo, Miriam Sánchez Gimenez, Alejandro Franco Sanchez, Francisco Prieto Ruiz, Maria Isabel Madrid Mateo

Grupo de Fisiología Microbiana-Departamento de Genética y Microbiología, Campus de Excelencia Internacional de Ámbito Regional (CEIR) Campus Mare Nostrum-Universidad de Murcia, Murcia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

S. japonicus es una especie de levadura con fisión que se ha convertido en un modelo muy atractivo para explorar cambios evolutivos fisiológicos dentro del género *Schizosaccharomyces* [1–2]. Esta levadura posee varias características distintivas respecto a *S. pombe*, siendo la única de su género en presentar un crecimiento dimórfico [1]. A pesar de su conservación funcional y relevancia biológica, la interacción entre la ruta AMPc-PKA y la maquinaria autofágica en *Schizosaccharomyces japonicus* no había sido previamente explorada. En este trabajo se investigó el impacto de diversos estímulos en la inducción de la autofagia y se examinó el papel de la vía de señalización AMPc-PKA en la regulación de este proceso en este organismo modelo. Para ello, se validó el método de procesamiento de Pgl1-GFP en el autofagosoma, ampliamente utilizado en la investigación de la autofagia en *Schizosaccharomyces pombe*. Así, hemos demostrado que en *S. japonicus*, el ayuno de fósforo, nitrógeno, hierro y azufre son potentes estímulos para la inducción de la macroautofagia. Sorprendentemente, *S. japonicus* es capaz de activar el proceso de autofagia en condiciones de limitación de glucosa y, a diferencia de *S. pombe*, también tras su ayuno completo, a pesar de presentar un metabolismo mayoritariamente fermentativo. Además, al contrario de lo observado en *S. pombe*, la ruta PKA no actúa como represora de la autofagia en *S. japonicus*, lo que revela la existencia de diferencias significativas en la conexión funcional entre el metabolismo y la autofagia en ambas especies.

Referencias

- [1] Aoki, K., Furuya, K., & Niki, H. (2017). *Schizosaccharomyces japonicus*: A Distinct Dimorphic Yeast among the Fission Yeasts. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2017(12), pdb.top082651.
- [2] Rutherford, K. M., Harris, M. A., Oliferenko, S., & Wood, V. (2022). JaponicusDB: Rapid deployment of a model organism database for an emerging model species. *Genetics*, 220(4), iyab223. <https://doi.org/10.1093/genetics/iyab223>

#18 - Oral

Aislamiento Y Caracterización De Levaduras De Ambientes Marinos Con Potencial Biotecnológico

02 - Micología ambiental

Alejandra Martínez Rodrigo, Andrés Núñez Hernández, Francisco Prieto Ruíz, Laura Cano Ríos, Miriam Sánchez Giménez, Antonio Marín Castillo, Sergio León Zaragoza, Teresa Soto Pino

Grupo de Fisiología Microbiana-Departamento de Genética y Microbiología, Campus de Excelencia Internacional de Ámbito Regional (CEIR) Campus Mare Nostrum-Universidad de Murcia, Murcia, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los microorganismos marinos, entre los que se encuentran las levaduras, cumplen un papel ecológico esencial en el reciclaje de materia orgánica oceánica, además de producir numerosos metabolitos de interés. El objetivo principal de este trabajo ha consistido en explorar la biodiversidad levaduriforme de distintas áreas marinas, además de la bioprospección e implementación de su potencial producción de metabolitos de interés biotecnológico. Nos hemos centrado particularmente en el aislamiento de microorganismos presentes en el litoral de la Región de Murcia, que cuenta con reservas marinas, lagunas saladas (Mar Menor), salinas, zonas mineras, puertos y zonas recreativas. Para ello empleamos tanto técnicas clásicas (enriquecimiento, aislamiento, microscopía), como genómicas dirigidas a su identificación. Como resultado, hemos aislado diferentes especies de levaduras u hongos levaduriformes, pertenecientes al filo *Ascomycota* (60%) y al filo *Basidiomycota* (40%). Destacó la presencia de distintas especies pertenecientes a los géneros: *Naganishia*, *Candida*, *Diutina*, *Kwoniella*, *Rhodotorula*, *Zygoascus*, *Aureobasidium*, *Hortaea*, *Ogataea*, *Debaryomyces*, *Hansiniaspora*, *Yamadazyma*, *Meyerozyma*, *Symmetrospora*, *Cystobasidium*, *Zalaria*. Su distribución pudo relacionarse con ciertos parámetros ambientales, y numerosas especies mostraron características destacables como una elevada termotolerancia (45°C) y osmotolerancia (20% NaCl), además de producir diversos enzimas de interés industrial, como proteasas, lipasas, celulasas, xilanasas o amilasas. Nuestros datos revelan que el ambiente marino y su biodiversidad levaduriforme, todavía poco estudiada, constituye una atractiva fuente de nuevas moléculas bioactivas.

Este estudio forma parte del programa ThinkInAzul y ha sido financiado por el MCIU con fondos de la Unión Europea NextGenerationEU (PRTR-C17.II) y por la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia-Fundación Séneca.

#17 - Oral

Adaptación Rápida Y Estable De Cepas Ambientales Sensibles De *Aspergillus Fumigatus* Al Estrés Por Voriconazol

09 - Sensibilidad antifúngica

Saioa Cendon-Sanchez¹, Eduardo Pelegri-Martinez¹, Uxue Perez-Cuesta², Xabier Guruceaga³, Andoni Ramirez-Garcia¹, Ana Abad-Diaz-De-Cerio¹, Aitor Rementeria¹

1. Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao, España
2. The University of Tennessee Health Science Center (UTHSC), Memphis, Tennessee, Estados Unidos
3. Universidad Pública de Navarra (UPNA), Pamplona, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Aspergillus fumigatus es un hongo patógeno capaz de causar un amplio espectro de infecciones dependiendo del sistema inmunitario del paciente, las cuales son tratadas mayoritariamente con azoles. Los tratamientos prolongados de los pacientes con infecciones fúngicas sumado al uso de estos compuestos en la agricultura establecen las dos reconocidas rutas por las que este patógeno adquiere resistencia. Por ello, el objetivo de este trabajo es evaluar la capacidad de cuatro cepas ambientales sensibles de *A. fumigatus* de desarrollar resistencias a los azoles. Estas cepas proceden de muestras de aire recogidas entre Noviembre de 2021 y Julio de 2022 en tres áreas en cada una de las provincias del País Vasco usando el muestreador MAS-100 Eco. Cuatro aislados sensibles al voriconazol (VCZ) identificados como *A. fumigatus* mediante secuenciación, tanto de la región ITS como del gen de la β -tubulina, fueron seleccionados para realizar un proceso de adaptación. Para ello, los aislados fueron crecidos en placas de agar patata dextrosa suplementadas con VCZ, cuya concentración se aumentaba periódicamente. Las cepas sensibles fueron capaces de adaptarse y crecer en concentraciones crecientes del antifúngico (0,5-2 mg/L). Los resultados fueron confirmados por el método EUCAST donde la CMI de cada cepa superó el punto de corte de resistencia establecido para VCZ. De la misma forma, se detectó una resistencia cruzada a itraconazol y posaconazol. Además, se estudió la posible implicación del gen *cyp51A*, diana de los azoles. Este trabajo muestra la capacidad de adaptación de cepas ambientales sensibles de *A. fumigatus* a concentraciones crecientes de VCZ, generando además una resistencia cruzada a otros azoles. Asimismo, resalta la gravedad del problema de la adquisición de resistencia a antifúngicos en este hongo patógeno.

Este trabajo ha sido financiado por el Gobierno Vasco (IT1657-22). SCS y EPM son beneficiarios de la beca predoctoral del Gobierno Vasco.

#16 - Oral

Estudio Preliminar Sobre La Diversidad De Microhongos Termófilos Del Parque Natural Y Reserva De La Biosfera De Bardenas Reales, Con La Propuesta De Un Nuevo Género Para La Familia Valsariaceae (Valsariales, Dothideomycetes, Ascomycota).

02 - Micología ambiental

Alberto Miguel Stchigel Glikman, María Barnés Guirado, Alan Omar Granados Casas, José Francisco Cano Lira

Universitat Rovira i Virgili, Reus, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

A diferencia de la fauna y flora del Parque Natural y Reserva de la Biosfera de Bardenas Reales, los hongos son uno de los organismos menos estudiados en este entorno de más de 40.000 ha. Dadas las condiciones ambientales locales, planteamos como hipótesis la existencia de una gran diversidad de hongos extremófilos, entre los cuales se encontraron las especies termófilas. Uno de los objetivos del presente estudio se centró en explorar la diversidad de los mismos en el suelo. Para ello, hemos recolectado y procesado un total de 60 muestras. Estas fueron sembradas por duplicado mediante la técnica de *sprinkling* sobre diferentes medios de cultivos (BEA y PDA con L-cloranfenicol), e incubadas a 42 °C por un máximo de dos semanas. La identificación preliminar de las cepas fúngicas se basó en el estudio comparativo de las características de sus estructuras vegetativas y reproductivas. La identificación final de las mismas se realizó mediante la amplificación y secuenciación de la región ITS, de los dominios D1-D2 del gen 28S rRNA y de otros marcadores filogenéticamente informativos. Posteriormente, las secuencias se compararon con las de cepas de referencia en la base de datos NCBI empleando su herramienta BLAST. Así, hemos podido identificar unas 40 cepas distribuidas en 15 géneros diferentes. Cabe destacar que *Thermomyces lanuginosus* está presente en la mayoría de las muestras analizadas. La cepa FMR 21218, aislada de una muestra al pie del *Cabezo Sanchicorrota*, representaría un nuevo género para la ciencia, ubicado filogenéticamente dentro de la familia Valsariaceae. Algunos de los géneros encontrados, tales como *Malbranchea*, *Thermomyces* y *Thermothelomyces*, son conocidos por producir una amplia gama de enzimas de interés industrial, activas a temperaturas superiores a los 40 °C. En resumen, los suelos de Bardenas Reales albergan una microbiota termófila diversa, pero en gran parte inexplorada, dentro de la cual encontramos taxones de potencial interés biotecnológico.

#15 - Póster

FUNCIONALIDAD DE LAS PROTEÍN QUINASAS HUMANAS MEK5, ERK1, ERK2 Y ERK5 EN LA RUTA DE INTEGRIDAD CELULAR DE *Saccharomyces Cerevisiae*

01 - Micología aplicada a la biotecnología

Beatriz Lavilla García, Teresa Fernández-Acero Bascones, María Molina Martín, Humberto Martín Brieva

Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

En respuesta a numerosos estímulos, las rutas de señalización mediadas por MAPKs (*Mitogen-Activated Protein Kinases*) regulan procesos fundamentales en la fisiología eucariótica. La levadura *Saccharomyces cerevisiae* se emplea como modelo de estudio de estas rutas debido a su alto grado de conservación, especialmente a nivel del módulo de MAPK, constituido por la MAPKKK, la MAPKK y la MAPK, activadas por fosforilación secuencial. Estas rutas se regulan negativamente mediante la desfosforilación ejercida por fosfatasas, como las MKPs (*MAPK Phosphatases*). La ruta CWI (*Cell Wall Integrity*) responde a estrés sobre la pared celular y está compuesta por la MAPKKK Bck1, las MAPKKs Mkk1 y Mkk2 y la MAPK Slt2. Si bien se ha venido asignando a la MAPK humana ERK5 la condición de ortóloga funcional de Slt2, en este trabajo hemos encontrado que la expresión en levadura de las MAPKs humanas ERK1 y ERK2 recupera el crecimiento de mutantes *slt2D* sometidos a estrés de pared celular, algo que ocurre de una manera muy limitada en el caso de ERK5 o de una versión truncada constitutivamente activa de la misma, ERK5 Δ Ct. Además, en respuesta a este tipo de estrés, ERK1 y ERK2 presentan un nivel de fosforilación y por tanto de activación muy superior al de ERK5 o ERK5 Δ Ct. Sin embargo, la expresión de una versión hiperactiva de la MAPKK humana MEK5 junto con sus dianas ERK5 y ERK5 Δ Ct, reemplaza la función del par Mkk1/2-Slt2. Por último, la sobreexpresión de las MKPs humanas DUSP3 y DUSP6 reduce los niveles de fosforilación de ERK1 y ERK2. Nuestros resultados reflejan que las MAPKs y las MKPs humanas pueden integrarse en los circuitos de señalización de la levadura, de manera que pueden utilizarse tanto para su análisis funcional en este organismo como para el rastreo de compuestos de interés farmacológico.

Financiación: PID2022-138591NB-I00 (Agencia Estatal de Financiación)

#14 - Oral

El Metabolismo De Las Poliaminas Regula La Inmunidad Antifúngica Epitelial Frente A Candida Albicans

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Aize Pellón Rodríguez^{1,2}, Sarai Araujo Aris¹, America Pardo Gomez³, Julian R. Naglik³, Saeed Shoae³, Juan Anguita¹, David L. Moyes³

1. CIC bioGUNE, Derio, España
2. Centre for Host-Microbiome Interactions, Faculty of Dentistry, Oral & Craniofacial Sciences, King's College London, Londres, Reino Unido
3. Centre for Host-Microbiome Interactions, Faculty of Dentistry, Oral & Craniofacial Sciences, King's College London, London, Reino Unido

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida albicans, un patobionte asociado a las mucosas humanas, induce cambios inmunometabólicos en las células epiteliales orales (CEOs), aumentando la glucólisis aeróbica y disminuyendo la actividad del ciclo de los ácidos tricarbóxicos. En la cavidad oral, las CEOs son fundamentales para orquestar respuestas inmunitarias más complejas frente al hongo, y este cambio metabólico las regula. Además, Los cambios nutricionales en el ambiente de infección (por ejemplo, azúcares) modulan las interacciones entre el epitelio y *C. albicans*. Sin embargo, se desconoce el papel de otros metabolitos y rutas metabólicas.

Un cribado de metabolitos demostró que las poliaminas podrían ser relevantes para el control de estas interacciones. En primer lugar, observamos que la infección por *C. albicans* modula la expresión de genes relacionados con el metabolismo de las poliaminas en CEOs humanas y en un modelo *in vivo* de candidiasis oral, incluyendo *ODC1*, *SATI* y *SMOX*. La suplementación de los medios de cultivo con las poliaminas putrescina, espermina o espermidina, pero no con sus aminoácidos precursores, protegen a las CEOs frente al daño inducido por *C. albicans* y regulan la secreción de citocinas. En cuanto a *C. albicans*, observamos un impacto nulo o escaso sobre el crecimiento fúngico (violeta cristal/UFCs) o la expresión génica de los factores de virulencia fúngica clave *ECE1* y *ALS3*. En cuanto a la señalización subyacente, la infección por *C. albicans* induce un aumento en la hipusinación (activación mediada por poliaminas) de eIF5A, un factor de transcripción que controla la respuesta inmune. Finalmente, la suplementación con poliaminas indujo un aumento en la expresión de c-Fos, y no en p-ERK1/2 o p-MKP1, reguladores de la respuesta antifúngica epitelial.

En resumen, este estudio demuestra el papel crítico del metabolismo de las poliaminas en la regulación de las respuestas del epitelio oral durante las infecciones por *C. albicans*.

#13 - Póster

Efecto Del Xanthohumol Sobre La Autofagia Celular: Utilización Del Modelo De La Levadura

03 - Micología molecular

Graciela Alonso Castro, Victoria Mascaraque Martín, José Manuel Rodríguez Peña, Javier Arroyo Nombela, Humberto Martín Brieva

UCM, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los polifenoles son componentes bioactivos de los alimentos con efectos antioxidantes, antiinflamatorios, antitumorales y antimicrobianos. Entre ellos, el xanthohumol (XN) cobra especial interés por su presencia casi de manera exclusiva en la cerveza, estrechamente relacionada con la dieta mediterránea. Por otro lado, la levadura *Saccharomyces cerevisiae*, además de utilizarse en las fermentaciones alimentarias, es un sólido modelo para la investigación de la fisiología celular eucariótica. Numerosos procesos celulares, como el de la autofagia (respuesta de reciclaje celular encaminada al mantenimiento de la energía celular y la protección frente al estrés, siendo clave en la longevidad celular) han sido dilucidados utilizando la levadura como modelo.

En este estudio nos hemos centrado en el efecto que el XN tiene sobre el proceso autofágico. Tras un análisis de la expresión global en presencia y ausencia de XN mediante *microarrays* detectamos una respuesta transcripcional típica de estrés, además de diferencias en transcritos que apuntan hacia un efecto sobre la autofagia celular. Para profundizar en esto, llevamos a cabo diferentes ensayos tales como la expresión de GFP-Atg8, cuya escisión es un marcador de la autofagia y determinado la acumulación de GFP libre mediante *Western Blotting* en presencia de diferentes concentraciones de XN. Con estrategias similares se evaluaron otras proteínas reporteras de distintas rutas de señalización que controlan la autofagia, como Atg13 o Sch9. Además, se realizaron ensayos para evaluar el crecimiento en diferentes concentraciones de XN de la levadura WT y mutantes delecionados en genes importantes para el proceso autofágico (*ATG8*, *ATG1*, *SNF1*, etc.). Con todo ello, pretendemos discernir cómo el XN es capaz de inducir la autofagia en la célula de la levadura y que genes son los más relevantes en este proceso.

#12 - Oral

El Gen Afu4g10610 Está Implicado En El Mantenimiento De La Pared Celular Y La Regulación Osmótica En *Aspergillus Fumigatus*

05 - Bases Moleculares y Celulares de la Patogénesis Fúngica

Eduardo Pelegri Martínez¹, Uxue Perez Cuesta², Saioa Cendon Sanchez¹, Andoni Ramirez Garcia¹, Xabier Guruceaga Sierra³, Aitor Rementeria Ruiz¹

1. Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Bilbao, Bizkaia, España
2. University of Tennessee Health Science Center (UTHSC), Memphis, Tennessee, Estados Unidos
3. Instituto de Investigación Multidisciplinar en Biología Aplicada (IMAB), Pamplona, Navarra, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Aspergillus fumigatus es la especie más patógena entre los hongos del género *Aspergillus* y tiene una alta incidencia y mortalidad en pacientes inmunodeprimidos. Utilizando dos modelos de infección *in vitro* (macrófagos murinos RAW 264.7 y células epiteliales de pulmón A549) se identificaron genes importantes para la adaptación fúngica durante la infección. Los análisis transcriptómicos de la co-incubación con *A. fumigatus* mostraron 140 genes sobreexpresados en ambas condiciones. Además, estos datos fueron comparados con un estudio transcriptómico de un modelo de infección *in vivo* con ratones BALB/c realizado previamente por nuestro grupo de investigación, mostrando 13 genes consistentemente sobreexpresados en las tres condiciones. Entre ellos se encuentra el gen Afu4g10610. Gracias a la herramienta bioinformática AlphaFold se predijo que este gen codifica para una proteína dimérica en forma de barril A/B la cual parece estar implicada en la respuesta a estrés. Los análisis fenotípicos han mostrado una sensibilidad exacerbada de la cepa de delección $\Delta 10610$ a diferentes estresores de la pared celular, así como una marcada resistencia a compuestos osmóticos comparado con la cepa silvestre Af293. Además, el estudio de expresión génica por RT-qPCR mostró un desequilibrio en las moléculas clave de la vía de integridad de la pared celular (CWI) y la de respuesta a estrés osmótico (HOG), lo que evidencia su relación con estos procesos. Aunque queda por descubrir su rol concreto y sus interacciones, esta proteína dimérica parece estar involucrada en el mantenimiento de la pared celular y la regulación osmótica de este hongo.

#11 - Póster

Caracterización De Nuevos Antifúngicos Frente A La Cepa Multirresistente Candida Auris CECT 13225 Mediante La Puesta A Punto Y Validación De Un Ensayo HTS Y Su Aplicación En El Cribado De Librerías De Productos Naturales.

06 - Infecciones fúngicas invasoras

Pilar Sánchez, Victor González Menéndez, Mercedes De La Cruz, Estrella Castillo, José Rubén Tormo, Fernando Reyes, Olga Genilloud, Rosario Fernández

Fundacion MEDINA, Granada, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Candida auris es un patógeno emergente a nivel mundial debido a la capacidad para causar infecciones graves con altas tasas de mortalidad en humanos. Desde su descubrimiento en Japón en 2009 hasta hoy se han descrito casos en más de 40 países¹. Este patógeno ha desarrollado gran variedad de resistencias frente a los principales antifúngicos empleados en la clínica, como las equinocandinas, polienos y triazoles²⁻³, por lo que urge identificar nuevos antifúngicos para el tratamiento de infecciones asociadas con este patógeno.

El objetivo de este estudio es la puesta a punto de un ensayo miniaturizado del patógeno *Cándida auris* CECT13225 resistente a anfotericina B y fluconazol, y su validación con compuestos de referencia y el cribado de librerías de extractos naturales.

Se desarrolló y validó un ensayo *in vitro* basado en el crecimiento en medio líquido de *C. auris*. Se establecieron las condiciones óptimas del ensayo miniaturizado en placas multipocillo, que incluyó el estudio de varios medios de cultivos, curvas de crecimiento, concentraciones de inóculo, curvas dosis-respuesta frente a varios antifúngicos, tiempo y temperatura de incubación. Se analizó la absorbancia como indicador de la inhibición de crecimiento y la fluorescencia como medida de viabilidad celular.

Como prueba de concepto y validación del ensayo, se ensayó una batería de más de 40 compuestos antifúngicos comerciales y/o productos naturales aislados de microorganismos. Como resultado de este ensayo se confirmó la resistencia de esta cepa a anfotericina y fluconazol, así como la susceptibilidad de esta a itraconazol. El estudio de otros compuestos de síntesis química y de origen microbiano nos permitió ampliar el perfil de resistencia esta cepa, así como caracterizar nuevos compuestos con actividad antifúngica frente a *C. auris*. Estos resultados respaldan la validación del ensayo frente a esta cepa multirresistente de *C. auris* como herramienta para el descubrimiento de nuevos agentes antifúngicos.

Referencias

1. Ademe M, Girma F. (2020). *Candida auris*: From Multidrug Resistance to Pan-Resistant Strains. *Infect. Drug Resist.* May 5;13:1287-1294. doi: 10.2147/IDR.S249864
2. Chowdhary A, Prakash A, Sharma C, et al. A multicentre study of antifungal susceptibility patterns among 350 *Candida auris* isolates (2009-17) in India: role of the ERG11 and FKS1 genes in azole and echinocandin resistance. *J Antimicrob Chemother.* 2018;73(4):891-899. doi:10.1093/jac/dkx480
3. Fakhim H, Chowdhary A, Prakash A, et al. In Vitro Interactions of Echinocandins with Triazoles against Multidrug-Resistant *Candida auris*. *Antimicrob Agents Chemother.*

#10 - Oral

Nuevas Emerimicinas Aisladas De *Stanjemonium Grisellum*, Con Actividad Antitumoral Frente Melanoma Y Adenocarcinoma Ductal Pancreático

01 - Micología aplicada a la biotecnología

Victor González Menéndez, Ignacio Fernández, Thomas A Mackenzie, Pilar Sánchez, Clara Toro, Jesus Martín, Fernando Reyes, Olga Genilloud

Fundacion MEDINA, Granada, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los hongos son una gran fuente de diversidad química que ha dado lugar al desarrollo de importantes antitumorales¹. La falta de nuevos tratamientos efectivos para muchos tumores sólidos nos impulsó a buscar nuevas moléculas de origen fúngico con actividad antitumoral a partir de librerías de productos naturales fúngicos. Como parte de este estudio identificamos un extracto de *Stanjemonium grisellum* con actividad específica frente a líneas de melanoma y adenocarcinoma ductal pancreático que se seleccionó para caracterizar los metabolitos responsables de esta actividad.

Los compuestos se purificaron mediante fraccionamiento bioguiado a partir del cultivo de *S. grisellum*, y la elucidación estructural se realizó mediante HR-MS/MS, RMN y el análisis bioinformático de su genoma. La actividad antitumoral se determinó mediante ensayo MTT en formato 2D frente a un panel de cinco líneas tumorales humanas procedentes de piel (A2058), hígado (HepG2), mama (MCF7), pulmón (A549) y páncreas (MIA PaCa-2) así como en la línea de fibroblastos de piel sana (CCD-1064Sk) para determinar su efecto citotóxico.

Se purificaron ocho nuevos compuestos de peso molecular superior a 1500 Da, cuyos espectros de MS/MS revelaron fragmentos de ácido 2-aminoisobutírico típicos de peptaiboles, en particular de la familia de las emerimicinas². El análisis bioinformático de la secuencia del genoma confirmó la presencia de una agrupación de genes correspondientes a una PKS-NPRS híbrida de 16 módulos propuesta como responsable de su biosíntesis. Se ha podido identificar tres nuevas emerimicinas con actividad selectiva en el rango micromolar frente a líneas tumorales de melanoma y adenocarcinoma ductal pancreático. Dos nuevas emerimicinas (XVI y XVIII) mostraron actividad antitumoral frente a las líneas de melanoma y páncreas con ED₅₀ entre 3 y 10 μM mientras que la emerimina XVII mostró actividad selectiva frente a la línea de melanoma con un ED₅₀ 6.7 μM, no presentando actividad citotóxica.

Referencias

1. Evidente, A. Advances on anticancer fungal metabolites: sources, chemical and biological activities in the last decade (2012–2023). *Nat. Prod. Bioprospect.* **14**, 31 (2024). <https://doi.org/10.1007/s13659-024-00452-0>
2. Wu G, Dentinger BTM, Nielson JR, Peterson RT, Winter JM. Emerimicins V-X, 15-Residue Peptaibols Discovered from an *Acremonium* sp. through Integrated Genomic and Chemical Approaches. *J Nat Prod.* 2021;84(4):1113-1126. doi:10.1021/acs.jnatprod.0c01186

#9 - Oral

Identificación Molecular De Cepas De *Trichophyton* Spp. Aisladas De Animales

04 - Micología veterinaria

Kaitlyn Parra, Gemma Castellá, F. Javier Cabañes

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

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los miembros del género *Trichophyton* son unos de los causantes más frecuentes de dermatofitosis en animales y humanos. La identificación de estos patógenos se basaba en sus características morfológicas y con la introducción de métodos moleculares, su filogenia e identificación ha cambiado en los últimos años. El objetivo de este estudio fue realizar la identificación molecular mediante técnicas de análisis del DNA de 70 cepas de *Trichophyton* spp. de la colección de cultivos del grupo de Micología Veterinaria de la UAB. Las cepas fueron aisladas de animales con dermatofitosis entre 1984 y 2019, y se incluyeron tres cepas de origen humano. Las cepas fueron aisladas de diferentes especies animales tales como caballo (n=8), cobaya (n=10), conejo (n=22), chinchilla (n=8), gato (n=1), hurón (n=1), perro (n=13), rebeco (n=1) y vaca (n=2). Para ello se secuenció la región ITS de todas ellas y se realizó su análisis filogenético. Además, las cepas identificadas como *T. mentagrophytes* fueron caracterizadas según su genotipo. Las cepas fueron identificadas como *T. benhamiae*, *T. equinum*, *T. europaeum*, *T. japonicum*, *T. mentagrophytes* y *T. verrucosum*. Las cepas aisladas de chinchillas y conejos se identificaron como *T. mentagrophytes* genotipo III* y genotipo XXIV. Todas las cepas aisladas de cobayas pertenecían al complejo *T. benhamiae*, siendo *T. europaeum* la especie más frecuente. La mayoría de las cepas aisladas de perros pertenecían a *T. mentagrophytes* genotipo II* y genotipo III*. No obstante, también fueron identificadas *T. japonicum* y *T. europaeum*. Las cepas aisladas de vaca fueron identificadas como *T. verrucosum* mientras que la mayoría de las cepas aisladas de caballos fueron identificadas como *T. equinum*. El presente estudio muestra la diversidad de especies del género *Trichophyton* aisladas de casos de dermatofitosis en animales.

#8 - Póster

DIVERSIDAD DE <I>ASPERGILLUS</I> SECCIÓN <I>NIGRI</I> EN VIÑEDOS DE CATALUÑA

02 - Micología ambiental

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

Grupo de Micología Veterinaria, Departamento de Sanidad y Anatomía Animal, Facultad de Veterinaria, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Sólo un número reducido de especies de *Aspergillus* sección *Nigri* pueden producir ocratoxina A (OTA). En las uvas, *Aspergillus carbonarius* es la principal especie responsable de la contaminación por esta micotoxina. La presencia de estas especies en los viñedos está influenciada por las condiciones agroclimáticas de cada región. En este estudio se ha examinado la diversidad de *Aspergillus* sección *Nigri* en uvas, suelo y aire de cuatro viñedos de Cataluña con diferentes condiciones agroclimáticas. Se muestrearon dos variedades de uva en cada viñedo durante dos años consecutivos, así como el suelo y el aire en las diferentes estaciones del año. La presencia de *Aspergillus* sección *Nigri* fue mayor en uvas que en suelo y aire. En las muestras de suelo, no se observaron diferencias en los recuentos de *Aspergillus* sección *Nigri* entre las estaciones del año, pero sí que fueron mayores en suelos ácidos. En las muestras de aire, se observaron diferencias entre las estaciones del año, con recuentos más elevados en otoño. En todas las muestras, las especies del agregado *A. niger* fueron predominantes, seguido de *A. carbonarius* y de las especies uniseriadas de la sección. Los factores agroclimáticos influenciaron en su distribución. En las regiones con una alta temperatura y humedad, se aisló *A. carbonarius* con mayor frecuencia, aunque su presencia en suelo y aire fue muy baja. En el viñedo situado más al norte, *A. brasiliensis* fue la especie predominante en uvas y suelo, mientras que en los viñedos situados más al sur, *A. welwitschiae* predominó en suelo y *A. tubingensis* en uvas y aire. Entre las especies uniseriadas, se ha descrito por primera vez el aislamiento de *A. trinidadensis* en uva. Todos los aislamientos de *A. carbonarius* y sólo tres aislamientos pertenecientes al agregado *A. niger* identificados como *A. welwitschiae* produjeron OTA.

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

MICROBIOMA DEL CONDUCTO AUDITIVO EXTERNO DE VACAS

04 - Micología veterinaria

Leyna Díaz¹, Gemma Castellá¹, M. Rosa Bragulat¹, Andreu Paytuví-Gallart², Walter Sanseverino², F. Javier Cabañes¹

1. Grupo de Micología Veterinaria, Departamento de Anatomía y Sanidad Animales, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, España
2. Sequentia Biotech SL, Barcelona, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Las levaduras del género *Malassezia* forman parte de la micobiota normal de la piel de una amplia variedad de especies animales y se caracterizan por su lipodependencia. En el ganado vacuno se han aislado diversas especies de *Malassezia*, tales como *M. furfur*, *M. equina*, *M. pachydermatis*, *M. nana* y *M. slooffiae*, confirmando su identificación mediante secuenciación. Pese a ello, la importancia de estas levaduras en la micobiota de las vacas es poco conocida. Por este motivo, el objetivo de este trabajo fue estudiar la población de levaduras del género *Malassezia* en el conducto auditivo externo de vacas sanas mediante técnicas de cultivo y técnicas moleculares, incluyendo la secuenciación masiva (NGS). Se seleccionaron 20 vacas lecheras sanas de raza Holstein de una granja experimental de ganadería intensiva. Se tomaron dos hisopos de ambos conductos auditivos de cada animal. Un hisopo se utilizó para valorar la presencia de levaduras compatibles con *Malassezia* mediante citología y cultivo. Se emplearon tres medios de cultivo diferentes, agar glucosado de Sabouraud, agar modificado de Dixon y agar de Leeming y Notman, suplementados con cloranfenicol y cicloheximida. Las placas se incubaron durante 20 días a 32°C. A partir del otro hisopo, se realizó la extracción de DNA para su detección mediante PCR y NGS. La presencia de *Malassezia* se detectó en 15 de las 20 vacas mediante citología y PCR. En la citología se observó la presencia de dos morfologías celulares compatibles con *Malassezia*, sugiriendo la presencia de dos especies diferentes, aunque todos los cultivos fueron negativos. El análisis metagenómico determinó que *Ascomycota* fue el filo predominante en vacas. Sin embargo, el género *Malassezia* fue el más abundante siendo *M. pachydermatis* la especie predominante.

Asimismo, se detectó el filotipo 131 de *Malassezia* aunque en poca abundancia. No obstante, no se detectaron ni *M. equina* ni *M. nana* en las muestras.

#6 - Oral

EXAMINANDO EL METABOLISMO DEL AZUFRE EN ASPERGILLUS FUMIGATUS PARA CONSEGUIR LIMITAR LA VIABILIDAD Y VIRULENCIA FÚNGICA

03 - Micología molecular

Jorge Amich Elías

Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los patógenos fúngicos son responsables de millones de muertes anuales en todo el mundo. La mortalidad asociada con las infecciones fúngicas invasoras es muy elevada, un problema que se ve agravado por el incremento de las resistencias a los antifúngicos. Esto es particularmente relevante en las enfermedades causadas por el hongo patógeno *Aspergillus fumigatus*, ya que se está viendo un aumento notable de la incidencia de resistencias a los antifúngicos azólicos, que constituyen la primera línea de tratamiento. Por tanto, nuevas drogas antifúngicas son fundamentales para el futuro de la micología médica. El metabolismo de azufre es una fuente prometedora de nuevas dianas moleculares, ya que engloba multitud de procesos esenciales para la viabilidad, y además difiere significativamente entre las células fúngicas y las humanas. En esta charla presentaré dos estudios actuales del laboratorio para descubrir y validar nuevas dianas en el metabolismo del azufre. Primeramente, detallaré los experimentos de transcriptómica durante la infección realizados para identificar genes fúngicos relacionados con el metabolismo del azufre que muestran alta expresión durante el crecimiento intrapulmonar. Los genes descubiertos son potencialmente importantes para la capacidad virulenta de *A. fumigatus*, y por tanto candidatos a constituir dianas moleculares. La caracterización de uno de ellos, codificante de la serina-hidroximetiltransferasa citosólica, confirma su validez como nueva diana para el desarrollo de drogas. Previamente demostramos que un mutante de *A. fumigatus* con niveles reducidos de la modificación postraducciona persulfidación mostraba una menor virulencia. En nuestra investigación actual estudiamos si es posible inhibir la persulfidación mediante el uso de compuestos químicos, con el fin de limitar la virulencia del hongo, y por tanto conferir un efecto beneficioso durante el tratamiento antifúngico.

#5 - Oral

EL FENÓMENO DE LA PERSISTENCIA Y LA TOLERANCIA EN ASPERGILLUS FUMIGATUS.

09 - Sensibilidad antifúngica

Rebeca Lobo Vega¹, Diego Megías², Álvaro Mato López¹, Khalil Ashraph¹, Laura Alcázar Fuoli^{1,3}, Ana Alastruey Izquierdo^{1,3}, Emilia Mellado^{1,3}, Jorge Amich¹

1. Laboratorio de Referencia e Investigación en Micología (LRIM), Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), Majadahonda, Madrid, España
2. Unidad de Microscopía Óptima Avanzada, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), Majadahonda, Madrid, España
3. CiberInfec ISCIII, CIBER en Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Los fenómenos de tolerancia y persistencia a antimicrobianos están cobrando cada vez más relevancia en microbiología clínica. Sin embargo, se sabe muy poco sobre estos fenómenos en hongos filamentosos. El objetivo de nuestra investigación es describir la tolerancia y persistencia en el hongo filamentoso *Aspergillus fumigatus*, estudiar sus mecanismos moleculares y su relevancia en el fallo de tratamiento. Para detectar de manera rápida y sencilla la tolerancia/persistencia, hemos desarrollado un método basado en placas de microdilución y la detección de unidades formadoras de colonias. Además, hemos optimizado un método de microscopía de fluorescencia para estudiar la dinámica de muerte de las esporas en presencia de azoles. Para estudiar la importancia de la tolerancia/persistencia en el fallo de tratamiento, hemos utilizado el modelo de infección alternativo de *Galleria mellonella*. Con el método desarrollado, hemos realizado un screening de todas las cepas de origen clínico recibidas en el Laboratorio de Referencia de Micología durante los años 2022 y 2023. Con los datos obtenidos hemos establecido los puntos de corte, en base al porcentaje de muerte, para detectar la tolerancia/persistencia. Observamos que el 15,3 % de las cepas analizadas son tolerantes/persistentes a voriconazol y el 32,2 % a isavuconazol. El análisis de ciertas cepas con el método de microscopía ha permitido diferenciar entre los fenómenos de tolerancia y persistencia, ya que presentan distintas dinámicas de muerte. Finalmente, los resultados preliminares con el modelo de *G. mellonella* sugieren que el tratamiento con voriconazol es menos efectivo contra cepas tolerantes, ya que el efecto positivo sobre la supervivencia es menor en estas cepas. Podemos concluir que los fenómenos de persistencia y tolerancia tienen lugar en *Aspergillus fumigatus* y que las cepas tolerantes parecen tener una implicación en la efectividad del tratamiento en el modelo de *Galleria mellonella*.

#4 - Oral

MOHOS Y LEVADURAS EN MUESTRAS DE AGUAS DE BALNEARIOS MINEROMEDICINALES DE ECUADOR.

02 - Micología ambiental

Félix Daniel Andueza Leal^{1,2,3}, Judith Araque Rangel⁴, Evelyn Alviarez Vargas⁵, Carmina Rodriguez Fernandez⁶

1. Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador
2. Doctorado en Ciencias Biológicas. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España
3. Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela
4. GRUPO ACMME. Facultad de Ingeniería Química. Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador
5. Facultad de Farmacia y Bioanálisis. Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela
6. Facultad de Farmacia. Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

La presencia de hongos en aguas de manantiales mineromedicinales ha sido muy poco estudiada. La calidad microbiológica de estas aguas se expresa en función del número de bacterias presentes y así se establece en las diferentes normativas que se han propuesto para este tipo de agua. Por esta razón, se realizó un estudio cuyo objetivo fue investigar la presencia de colonias de hongos en aguas procedentes de manantiales mineromedicinales termales de Ecuador. Se analizaron un total de 42 muestras provenientes de 6 balnearios mineromedicinales ubicados en las provincias de Imbabura, Napo y Pichincha. Para la cuantificación y aislamiento de los hongos se empleó la técnica de filtración en membrana. Se filtraron por duplicado 100 mL de la muestra de agua obtenidas de la fuente de agua y de las piscinas termales de cada uno de los balnearios estudiados. Para el estudio se emplearon placas de agar Sabouraud con cloranfenicol al 0,05% y las placas CompactDry™ para mohos y levaduras, las cuales se incubaron luego de sembradas con cada muestra a 24 °C por 7 a 14 días. Finalizada la incubación se contaron las colonias y se expresó el resultado en unidades formadoras de colonias de hongos por 100 mL de muestra de agua. La identificación de los hongos se realizó siguiendo los criterios de Pitt y Hocking (2009). Las muestras de aguas mineromedicinales dieron recuentos de mohos y levaduras entre 5 y 190 ufc por 100 mL, estando presente en la mayoría del agua de los balnearios analizados, a excepción del agua del Balneario La Merced, provincia de Pichincha. Se pudieron aislar e identificar colonias fúngicas pertenecientes a los géneros *Penicillium*, *Cladosporium*, *Aspergillus*, *Fusarium* y *Alternaria*. Se han podido aislar también levaduras pertenecientes a los géneros *Rhodotorula* y *Candida*. La presencia de colonias de hongos en este tipo de agua sugiere la necesidad de realizar monitoreos periódicos para garantizar la calidad sanitaria del agua y la salud de los usuarios.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE ASPERGILLUS TERREI EN UN HOSPITAL TERCIARIO

03 - Micología molecular

Alexander Tristancho Baró¹, Concepción López Gómez¹, Antonio Rezusta López^{1,2}

1. Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España
2. Instituto de Investigación Sanitaria de Aragón, Zaragoza, España

TEXTO DE LA COMUNICACIÓN:

Introducción/Objetivos *Aspergillus Terrei* es un hongo filamentoso que puede causar desde infecciones superficiales hasta micosis invasivas, especialmente en pacientes con patologías hematológicas o pulmonares previas. El objetivo de este trabajo es caracterizar la epidemiología a nivel de especie en *Aspergillus Terri*. **Material y métodos** Se realizó cultivo, extracción de ADN, amplificación y secuenciación de los genes *benA* y *cmdA*. Se analizaron las secuencias mediante: 1. NCBI blastn suite. 2. Análisis filogenético (MUSCLE + PhyML). 3. Análisis taxonómico empleando el software Mothur. Se aceptó la especie cuando el resultado fue coincidente en más del 50% de los casos. **Resultados** Se obtuvieron 280 secuencias de 70 muestras con suficiente calidad para su análisis. Se observó una discrepancia en los resultados del BLAST de los genes *benA* y *cmdA* para la identificación de *A. citrinoterreus*, así como un 10% de resultados no clasificados empleando el programa Mothur. Teniendo en cuenta el resultado conjunto de las herramientas, se encontró la siguiente proporción de especies: *A. terreus sensu stricto* 70%, *A. citrinoterreus* 21,4%, *A. alabamensis* 2,9%, *A. carneus* 2,9%, *A. hortae* 1,4%, *A. neoaffricanus* 1,4%. **Conclusiones** La prevalencia de *Aspergillus citrinoterreus* es aproximadamente 2,5 veces más elevada en nuestro hospital que la reportada a nivel global en la literatura. La ausencia de métodos que permitan establecer la especie de este hongo, dificulta el estudio de posibles características distintivas en especies menos prevalentes, como una mayor severidad de la infección o resistencia a los antifúngicos. Según nuestros datos, la secuencia del gen *benA* es una herramienta valiosa para la identificación de especies en *Aspergillus*. La falta de correlación de los resultados de BLAST para el gen *cmdA* puede deberse a una menor diversidad o a entradas desactualizadas en las bases de datos debido al dinamismo de la taxonomía fúngica.