



SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**

**75**  
ANIVERSARIO



**XXVIII Congreso**  
**SOCIEDAD ESPAÑOLA DE**  
**MICROBIOLOGÍA**

---

**28 DE JUNIO AL 2 DE JULIO DE 2021**

**Libro de**  
**Resúmenes**

## El análisis de 52 genomas fúngicos aclara la evolución de los estilos de vida de los Agaricales

**Francisco Javier Ruiz-Dueñas<sup>1</sup>**, José M. Barrasa<sup>2</sup>, Marisol Sánchez-García<sup>3</sup>, Susana Camarero<sup>1</sup>, Shingo Miyauchi<sup>4</sup>, Ana Serrano<sup>1</sup>, Dolores Linde<sup>1</sup>, Rashid Babiker<sup>1</sup>, Elodie Drula<sup>5</sup>, Iván Ayuso-Fernández<sup>1</sup>, Remedios Pacheco<sup>1</sup>, Guillermo Padilla<sup>1</sup>, Patricia Ferreira<sup>6</sup>, Jorge Barriuso<sup>1</sup>, Harald Kellner<sup>7</sup>, Raúl Castanera<sup>8</sup>, Manuel Alfaro<sup>8</sup>, Lucía Ramírez<sup>8</sup>, Antonio G. Pisabarro<sup>8</sup>, Robert Riley<sup>9</sup>, Alan Kuo<sup>9</sup>, William Andreopoulos<sup>9</sup>, Kurt LaButti<sup>9</sup>, Jasmyn Pangilinan<sup>9</sup>, Andrew Tritt<sup>9</sup>, Anna Lipzen<sup>9</sup>, Guifen He<sup>9</sup>, Mi Yan<sup>9</sup>, Vivian Ng<sup>9</sup>, Igor V. Grigoriev<sup>9,10</sup>, Daniel Cullen<sup>11</sup>, Francis Martin<sup>4</sup>, Marie-Nöelle Rosso<sup>12</sup>, Bernard Henrissat<sup>5,13</sup>, David Hibbett<sup>3</sup>, Angel T. Martínez<sup>1</sup>

(1) Centro de Investigaciones Biológicas Margarita Salas (CIB), CSIC, Madrid, España  
 (2) Universidad de Alcalá, Departamento de Ciencias de la Vida, Alcalá de Henares, España  
 (3) Clark University, Biology Department, Worcester, MA, USA  
 (4) INRAE, Laboratory of Excellence ARBRE, Champenoux, France  
 (5) CNRS/Aix-Marseille University, Architecture et Fonction des Macromolécules Biologiques, Marseille, France  
 (6) Universidad de Zaragoza, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular y Celular y BIFI, Zaragoza, España  
 (7) Technische Universität Dresden, International Institute Zittau, Zittau, Alemania  
 (8) Universidad Pública de Navarra (UPNA), Instituto de Investigación Multidisciplinar en Biología Aplicada (IMAB), Pamplona, España  
 (9) US Department of Energy (DOE) Joint Genome Institute (JGI), Lawrence Berkeley National Lab, Berkeley, CA, USA  
 (10) University of California, Berkeley, Department of Plant and Microbial Biology, Berkeley, CA, USA  
 (11) Forest Products Laboratory, US Department of Agriculture, Madison, WI, USA  
 (12) INRAE, Aix-Marseille University, Biodiversité et Biotechnologie Fongiques, Marseille, Francia  
 (13) King Abdulaziz University, Department of Biological Sciences, Jeddah, Arabia Saudita

Los Agaricomycetes han desarrollado complejas maquinarias enzimáticas que les permiten descomponer los diferentes polímeros vegetales, incluida la lignina. Entre ellos, los Agaricales saprótrofos se caracterizan por su diversidad de hábitats y estilos de vida. El análisis de 52 genomas de Agaricomycetes aquí realizado revela que los Agaricales poseen una gran diversidad de enzimas hidrolíticas y oxidativas para la descomposición de la lignocelulosa. En base a las familias de genes con mayor velocidad evolutiva (dominios de unión a celulosa, glicosil hidrolasa GH43, monooxigenasas líticas de polisacáridos, peroxidasas ligninolíticas, enzimas de la superfamilia de glucosa-metanol-colina oxidasas/deshidrogenasas, lacasas y peroxigenasas), reconstruimos los estilos de vida de los ancestros que dieron lugar a los actuales Agaricomycetes degradadores de lignocelulosa. Los cambios en el conjunto de herramientas enzimáticas de los Agaricales ancestrales se correlacionaron con la evolución de su capacidad para crecer no solo sobre madera, sino también sobre hojarasca de bosques y madera en descomposición, siendo los descomponedores de la hojarasca de praderas el grupo ecofisiológico más reciente. En este contexto, las anteriores familias de enzimas se analizaron en relación con la diversidad de estilos de vida. Las peroxidasas aparecen como un componente central del set enzimático de los Agaricomycetes saprotrófos, consistente con su papel esencial en la degradación de la lignina y sus altas tasas evolutivas. Esto incluye no solo expansiones/pérdidas de genes de peroxidasas, sino también la presencia generalizada en Agaricales de nuevos tipos de peroxidasas que no se encuentran en Polyporales degradadores de madera, y en otros órdenes de Agaricomycetes.

Financing: Proyectos/contratos BIO2017-86559-R, BIO2015-7369-JIN, AGL2014-55971-R, NSF-grant-1457721, CEFOX-031B0831B, PIE-201620E081, ANR-11-LABX-0002-01, US-DOE-DE-AC02-05CH11231