Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

XI Jornades de BioRecerca

Facultat de Biociències

2, 3, 4 i 5 de juny de 2026

XIII Jornada científica del Departament de Genètica i de Microbiologia

PROGRAMA

4 de Juny de 2026		
XIII JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i DE MICROBIOLOGIA		
9:00	Sala de Graus de la Facultat de Biociències **Inauguració i presentació**	**Dr. Isidre Gibert** - Degà de la Facultat de Biociències **Dra. Susana Campoy** – Directora del Departament
9:15	**Primera sessió d'exposicions orals**	Moderador: Dr. Juan José González Unitat docent hospitalaria, Vall Hebron
9:15	**La bacteriemia más letal. ¿Elegimos bien el antibiótico?**	**Víctor Monsálvez** *Unitat docent hospitalaria Parc Taulí*
9:45	**Caracterización del fosfoproteoma de Stenotrophomonas maltophilia e identificación de H-NS como un regulador clave de la fisiología y patogénesis bacteriana.**	**Juan Camilo Ortiz** *Unitat Microbiologia Campus*
10:00	**Desenvolupament i validació d'un sistema d'intel·ligència artificial de baix cost pel diagnòstic de la malària i l'esquistosomiasi urogenital**	**Carles Rubio** *Unitat docent hospitalaria Vall Hebron*
10:15	**Cross-species metagenomic analysis of tickborne pathogens: Using Next-Generation Sequencing (NGS) to identify untargeted pathogens in diverse tick species and their hosts.**	**Iris Sarmiento** *Unitat de Genètica*
10:30	**Mycobacterial specific proteins as a novel drugs for leukemia treatment.**	**Arnau Segui** *Unitat Microbiologia Campus*
10:45	**Pausa cafè i visita zona pòsters i estands patrocinats (Zona vestíbul davant Sala de Graus de la Facultat de Biociències)**	
11:15	**Segona sessió d'exposicions orals**	Moderadora: Dra. Alba García Sala de Graus de la Facultat de Biociències
11:15	**How Drinking Water Contaminants Impact Public Health**	**Cristina Villanueva** *ISGlobal Barcelona*
11:45	**L'edat i l'estrès provoquen tuberculosi**	**Pablo Soldevilla** *UD Germans Tries i Pujol*
12:00	**Evolutionary dynamics under developmentally based genotype-phenotype maps**	**Antonio Loreto** *Unitat de Genètica*
12:15	**Microbial community shifts and predicted functional responses during degradation of flame retardants in natural samples**	**Javier Villagra** *Unitat Microbiologia Campus*
12:30	**PER QUÈ HEU DE VENIR A VEURE EL MEU PÒSTER?** En 1 minut les persones que presenten el pòster ens expliquen perquè els hem d'anar a veure durant la sessió de presentacions de pòsters.	Sala de Graus de la Facultat de Biociències
13:15	**Dinar i visita zona pòsters i estands patrocinats (Zona vestíbul davant Sala de Graus de la Facultat de Biociències)**	

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

14:15	**Sessió de presentació de pòsters**	**Zona vestíbul davant Sala de Graus de la Facultat de Biociències**
	Presentació de Pòsters i visita estands patrocinats. Informació dels Serveis Científic-Tècnics de la UAB	
15:30	**Segona sessió d'exposicions orals**	**Moderador: Dr. Jordi Barbé** **Sala de Graus de la Facultat de Biociències**
15:30	**Chronic exposure to nanoplastics alters stem cell type-specific mechanisms, promoting cancer development**	**Irene Bargulla** *Unitat de Genètica*
15:45	**Smart nitrocellulose-based filters for water disinfection and in situ bacterial sensing**	**Sebastián Gavira** *Unitat de Microbiologia Campus*
16:00	**Nanoplastic-induced endothelial dysfunction: Physicochemical properties as key determinants of biological outcomes in human vascular cells.**	**Joan Martín** *Unitat de Genètica*
16:15	**Avaluació del rendiment diagnòstic de GeneXpert Ultra en tuberculosi pulmonar y extrapulmonar.**	**Silvia Expósito Ibáñez** *Unitat de Microbiologia Medicina, UD Hospital de la Sta Creu i Sant Pau*
16:30	**Amun: a new phage defence system triggered by phage-specific sequences confers altruistic protection**	**Pau Conill** *Unitat Microbiologia Campus*
16:45	**Sala de Graus de la Facultat de Biociències** **Cloenda** **Entrega de Premis a les millors presentacions de pòster de la Jornada Científica**	**Dra. Susana Campoy – Directora del Departament**

COMITÈ CIENTÍFIC

Dr. Massimo Bogliolo	Unitat Genètica
Dra. Cinta Pegueroles	Unitat Genètica
Dra. Esther Julián	Unitat Microbiologia Campus
Dr. José Luis Corchero	Unitat Microbiologia Campus
Dr. Pere Joan Cardona	UDH Germans Tries i Pujol

PATROCINADORS

VWR™ part of avantor

DIAGNÒSTICA LONGWOOD

bioNova científica, s.l.

eco gen

SARSTEDT

PMC Solucions per a l'Oficina

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

RESUM PRESENTACIONS ORALS

XIII Jornada Científica del Departament de Genètica i de Microbiologia

4 de juny de 2026

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Víctor Monsálvez

Unitat docent hospitalària Parc Taulí

"La bacterièmia més letal. Escollim bé l'antibiòtic"

Autors: Víctor Monsálvez, Oriol Gasch

FILIACIONS:

Víctor Monsálvez — Investigador predoctoral, Universitat Autònoma de Barcelona; Unitat de Malalties Infeccioses, Hospital Universitari Parc Taulí, Institut d'Investigació i Innovació Parc Taulí (I3PT CERCA), Sabadell, Spain.

Dr. Oriol Gasch — Professor Adjunt, Universitat Autònoma de Barcelona; Unitat de Malalties Infeccioses, Hospital Universitari Parc Taulí, Institut d'Investigació i Innovació Parc Taulí (I3PT CERCA), Sabadell, Spain.

La bacterièmia per *Staphylococcus aureus* és una de les infeccions bacterièmiques més letals i, tot i la seva rellevància clínica, encara persisteixen dubtes sobre quin és el tractament antibiòtic òptim. La qüestió central és si els β-lactàmics antiestafilocòccics (cloxacil·lina, nafcil·lina, oxacil·lina) o bé la cefazolina ofereixen millors resultats en el maneig de la malaltia, especialment en formes greus com l'endocarditis infecciosa per S. aureus sensible a la meticil·lina (MSSA).

El principal problema associat a la cefazolina és l'anomenat efecte inòcul (CzIE), un fenomen lligat a la producció de β-lactamasa estafilocòccica —particularment la de tipus A, codificada pel gen *blaZ*— que pot reduir l'eficàcia del fàrmac quan la càrrega bacteriana és elevada, com succeeix a l'endocarditis. Aquest efecte s'ha relacionat amb casos de fracàs terapèutic, amb persistència de la infecció i aparició de focus metastàtics.

L'evidència disponible és, però, contradictòria segons el model d'estudi. En els estudis in vitro la cefazolina sembla inferior a la cloxacil·lina, ja que l'efecte inòcul i la hidròlisi per β-lactamasa comprometen la seva activitat davant d'inòculs alts. En canvi, en els estudis *in vivo*, incloent-hi models animals d'endocarditis i cohorts clíniques, aquesta diferència tendeix a diluir-se i sovint no s'observen diferències significatives en els resultats entre tots dos antibiòtics. Aquesta discordança in vitro–in vivo és un dels aspectes més rellevants i encara no resolts del debat terapèutic.

En aquesta presentació es revisa un cas clínic d'endocarditis infecciosa per MSSA amb fracàs terapèutic, juntament amb les principals evidències sobre l'efecte inòcul de la cefazolina, la seva base genòmica (gen *blaZ,* al·lotip BlaZ-2, regulador de virulència agr) i les dades comparatives entre monoteràpia i biteràpia.

Conclusió: malgrat tractar-se de la bacterièmia més letal, encara no sabem quin és el millor tractament antibiòtic. La discordança entre els resultats in vitro i in vivo i la complexitat dels factors bacterians implicats fan que la tria de l'antibiòtic continuï sent una qüestió oberta que requereix més evidència.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Juan Camilo Ortiz

Unitat Microbiologia Campus

"Caracterización del fosfoproteoma de *Stenotrophomonas maltophilia* e identificación de H-NS como un regulador clave de la fisiología y patogénesis bacteriana".

Autors: Juan C. Ortiz1,2, M. Diaz-Lobo3, Alicia Roque4, M. Gay3, Gianluca Arauz-Garofalo3, Marc García Tirado1,2, Lorena Mas Nieto1,2, Andrómeda-Celeste Gómez1,2, Marc Bravo1,2, Oscar Conchillo-Solé1,2, M. Vilaseca3, Xavier Daura1,5,6, Isidre Gibert1,2, and Daniel Yero1,2

FILIACIONS :

1 Institut de Biotecnologia i de Biomedicina (IBB), Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), E-08193 Cerdanyola del Vallès (Barcelona).

2 Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), E-08193 Cerdanyola del Vallès (Barcelona).

3 Institute for Research in Biomedicine (IRB Barcelona), The Barcelona Institute of Science and Technology (BIST), 08028 Barcelona, Spain

4 Biochemistry and Molecular Biology Department, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Spain

5 Catalan Institution for Research and Advanced Studies (ICREA), E-08010 Barcelona.

6 Centro de Investigación Biomédica en Red de Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina, Instituto de Salud Carlos III, Cerdanyola del Vallès, 08193, Spain

La fosforilación de histonas en residuos de serina, treonina y tirosina (pS/pT/pY) es un mecanismo de regulación clave en eucariotas, y en bacterias se reconoce cada vez más su impacto en el crecimiento, metabolismo, virulencia y resistencia a antibióticos. El primer objetivo de este trabajo es caracterizar el fosfoproteoma de la bacteria oportunista *Stenotrophomonas maltophilia* en las fases de crecimiento logarítmica y estacionaria. Para ello, se realizó un enriquecimiento de fosfopéptidos con CaCl2 y se determinó mediante LC-MS/MS una distribución de sitios de fosforilación de 44% pS, 40% pT y 15% pY, con una mayor fosforilación durante la fase logarítmica, afectando principalmente a procesos de traducción y producción de energía. A partir de este resultado se identificó H-NS, una proteína tipo histona con función en la estructuración del nucleoide, como clave en la regulación de la expresión génica mediada por la fosforilación. Por tanto, el segundo objetivo de este trabajo es evaluar la implicación de H-NS de *S. maltophilia* en la fisiología bacteriana. Para ello se construyó el mutante por doble recombinación y se evaluó su fenotipo en cuanto a su capacidad de crecimiento, formación de biofilm, motilidad, susceptibilidad a antibióticos y virulencia en el modelo de infección en *Galleria mellonella*. Asimismo, se realizó un análisis de RNA-seq para definir el reguloma de H-NS. Fenotípicamente, *Δhns* mostró un aumento significativo en la formación de biofilm, menor motilidad, mayor susceptibilidad a β-lactámicos y una virulencia atenuada en *G. mellonella*. El análisis de RNA-seq demostró una desregulación masiva con 1.177 genes expresados diferencialmente, mayoritariamente hacia la sobreexpresión lo que indica una posible función como silenciador génico global. En conjunto, estos resultados aportan nuevas evidencias sobre la importancia de la fosforilación de proteínas en bacterias y el papel de H-NS en la patogénesis bacteriana y como un regulador clave de la expresión génica global.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Carles Rubio

Unitat docent hospitalària Vall Hebron

“Desenvolupament i validació d'un sistema d'intel·ligència artificial de baix cost pel diagnòstic de la malària i l'esquistosomiasi urogenital”

Autors: Carles Rubio Maturana1, Allisson Dantas de Oliveira2, Francesc Zarzuela1, Daniel López Codina2, Alejandro Mediavilla1,3, Patricia Martínez Vallejo1,3, Aroa Silgado1,4, Elena Sullerio1,3,4, Joan Joseph Munné1

FILIACIONS :

Microbiology Department, Vall d’Hebron University Hospital, Vall d’Hebron Research Institute (VHIR), Barcelona, Spain

Computational Biology and Complex Systems Group, Physics Department, Universitat Politècnica de Catalunya (UPC), Castelldefels, Spain

Department of Microbiology and Genetics, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Barcelona, Spain

CIBERINFEC, ISCIII- CIBER de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain

Aquest treball presenta el desenvolupament i la validació d'un sistema automatitzat i de baix cost basat en intel·ligència artificial (IA) per al diagnòstic microscòpic de la malària i l'esquistosomiasi urogenital. Les dues malalties infeccioses representen importants reptes de salut global, especialment en regions amb pocs recursos on la microscòpia convencional, tot i ser la tècnica de referència (gold standard), presenta limitacions per la alta dependència de professionals qualificats, els llargs temps d’observació i la falta de d'infraestructura.

Per superar aquests reptes, es va dissenyar i fabricar mitjançant impressió 3D en àcid polilàctic (PLA) un prototip robotitzat de baix cost compatible amb microscopis òptics convencionals, operat mitjançant servo motors, un controlador Arduino i un algoritme d'auto-enfocament basat en la Variança Laplaciana.

Sobre aquesta plataforma tecnològica, es van implementar i avaluar diverses xarxes neuronals convolucionals de detecció d'objectes (YOLOv5, YOLOv8, Faster R-CNN, RetinaNet i SSD) entrenades amb imatges digitals obtingudes mitjançant dispositius mòbils (smartphones) i càmeres integrades. Per a la malària, el sistema va utilitzar un procediment de diagnòstic en dues etapes (screening ràpid en smartphone i validació posterior en ordinador), demostrant una elevada sensibilitat i especificitat en comparació amb el diagnòstic manual, alhora que reduïa significativament el temps d'anàlisi per mostra. El model d'entrenament per al diagnòstic de la malària va utilitzar un conjunt de 2.571 imatges digitals provinents de 148 mostres clíniques de gota gruixuda, on xarxes com YOLOv5x van assolir una precisió de 0,921, un recall de 0,935, un F-score de 0,928 i un mAP0.5 de 0,944 en el conjunt de test. En l'avaluació diagnòstica del sistema automatitzat en dues etapes sobre 54 mostres biològiques (16 positives i 38 negatives), es va registrar una sensibilitat del 81,25%, una especificitat del 92,11%, un valor predictiu positiu del 81,25%, un valor predictiu negatiu del 92,11% i un índex de concordància Kappa de Cohen de 0,721 (p = 0,05), amb un temps mitjà d'anàlisi de 3 minuts i 48 segons per a mostres positives i 5 minuts i 5 segons per a negatives.

De manera anàloga, per a l'esquistosomiasi urogenital es van entrenar models per detectar ous de Schistosoma haematobium en sediments urinaris, així com la presència d'eritròcits i leucòcits. Per al diagnòstic de l'esquistosomiasi urogenital, es van etiquetar 1.017 imatges (1.189 etiquetes) de 24 mostres de sediment urinari; el model YOLOv5x va obtenir una precisió del 99,3%, un recall del 99,4%, un F-score del 99,3% i un mAP0.5 del 99,4%, mentre que els classificadors binaris per a la detecció d'eritròcits i leucòcits en orina (762 imatges) van aconseguir una exactitud en test de fins al 85,6% amb NasNetLarge.

Finalment, la viabilitat i implementabilitat del sistema es van avaluar amb èxit sobre el terreny mitjançant proves de concepte realitzades al laboratori de l'Hospital Nossa Senhora da Paz a Cubal (Angola).

La validació al terreny va permetre incorporar 1.028 imatges digitals addicionals a la base de dades per a l'optimització dels algorismes.

En conclusió, la integració de robòtica de baix cost, impressió 3D i xarxes neuronals convolucionals demostra ser una solució altament eficaç, accessible i escalable per superar les barreres del diagnòstic microscòpic convencional en entorns de baixos recursos. En automatitzar tasques complexes com l'enfocament i la cerca de regions rellevants i en oferir una detecció d'alta precisió en temps real, aquest sistema no només redueix la càrrega de treball i la variabilitat interobservador del personal sanitari, sinó que democratitza l'accés a diagnòstics fiables de malària i esquistosomiasi en zones endèmiques. Aquesta convergència entre eines digitals de baix cost i la intel·ligència artificial estableix un precedent prometedor per revolucionar el cribratge i la gestió de malalties tropicals desateses a escala global.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Iris Sarmiento

Unitat de Genètica

"Cross-species metagenomic analysis of tickborne pathogens: Using Next-Generation Sequencing (NGS) to identify untargeted pathogens in diverse tick species and their hosts".

Autors: Iris Sarmiento[1], David González-Barrio[2], Jaime Martínez-Urtaza[1]

FILIACIONS :

Department of Genetics and Microbiology, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), 08193 Bellaterra, Spain.
Parasitology Reference and Research Laboratory, Spanish National Centre for Microbiology, Madrid, Spain

Climate change and habitat fragmentation alter the geographic distribution of disease vectors like ticks, increasing the risk of zoonotic spillovers in new regions. Through a One Health approach, ticks can act as field sentinels for early pathogen detection and public health surveillance before clinical outbreaks emerge.

Traditional diagnostic methods lack predictive power. In extreme cases, such as the *Borrelia burgdorferi sensu lato* complex, these standard methods present greater limitations, including unreliable results and non-standardized or non-replicable protocols. Shotgun metagenomics offers a powerful alternative, allowing the agnostic detection of the entire microbial community.

The aim of this project was to validate this genomic surveillance approach by achieving agnostic pathogen detection and overcoming the high eukaryotic host genetic noise. To this end, two blinded tick samples were sequenced via Illumina technology and analyzed bioinformatically using Kraken2 and Bracken for taxonomic profiling. The unclassified reads were cross-referenced against a custom-built *Ixodidae* database for tick genus identification. Human reads from the host blood meal were also sequenced and analyzed, determining variables such as host sex, and confirming their presence was not due to handling contamination.

The analysis provided a comprehensive view of their entire microbial landscape, and the results showed the methodology's capacity to detect low-abundance pathogens, overcome biological noise, and effectively distinguish between pathogenic and non-pathogenic microorganisms. Furthermore, it detected species such as *Borrelia lusitaniae*, which are hard to identify with other methods. Overall, this study establishes shotgun metagenomics as a highly recommended tool for agnostic genomic surveillance in tick populations.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Arnau Seguí

Unitat microbiologia Campus

"Mycobacterial L-asparaginases: from diversity to therapeutic potential"

Autors**: Arnau Seguí-Moll**[1], Ángela Martínez-Mateos[2], Nathalia Varejão[3], David Reverter[3], Eduard Torrents[2,4], Esther Julián[1,*]
* Correspondence: Dr. Esther Julián, esther.julian@uab.cat

FILIACIONS :

[1]Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Barcelona, Spain

[2]Bacterial Infections and Antimicrobial Therapies Group, Institute for Bioengineering of Catalonia (IBEC), Baldiri Reixac 15-21, 08028 Barcelona, Spain

[3]Institut de Biotecnologia i Biomedicina and Departament de Bioquímica i Biologia Molecular. Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Barcelona, Spain

[4]Microbiology Section, Department of Genetics, Microbiology and Statistics, Biology Faculty, Universitat de Barcelona, 08028 Barcelona, Spain

L-asparaginase (ASNase) is a key component in the treatment of acute lymphoblastic leukaemia. However, currently available ASNases derived from *Escherichia coli* are frequently associated with toxicity events, highlighting the need for alternative therapeutic enzymes with improved safety profiles. In this study, seven mycobacterial ASNases were recombinantly produced in *E. coli*, purified, biochemically characterised. Their enzymatic activity and toxicity were subsequently evaluated using both *in vitro* and *in vivo* models.

Mycobacterial ASNases showed diverse biochemical and kinetic properties, including distinct optimal pH and temperature profiles, as well as varying substrate affinities. Their antitumoral activity was assessed in THP-1, HL-60, Jurkat and Raji haematopoietic tumour cell lines, in which all enzymes induced dose-dependent growth inhibition compared to controls. Remarkly, treatment with mycobacterial ASNases triggered cytokine release, whereas the *E. coli*-derived ASNase inhibited cytokine production. *Ex vivo* experiments using murine splenocytes suggested a selective cytotoxic effect towards tumour cells, with lower toxicity compared to commercial *E. coli* ASNase. Consistently, *in vivo* administration of mycobacterial ASNases demonstrated a favourable safety profile in *Galleria mellonella*. Finally, three mycobacterial ASNases were intravenously administrated to mice. Among the candidates, three enzymes were further evaluated by intravenous administration in mice. Toxicity profiles varied between enzymes, but one mycobacterial ASNase showed no detectable toxicity compared to *E. coli* ASNase, while effectively depleting circulating asparagine levels.

Overall, these findings identify mycobacteria as a previously underexplored source of ASNases with potential therapeutic applications and support further investigation of mycobacterial enzymes as safer antitumoral biotherapeutics.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Cristina Villanueva

ISGlobal Barcelona

"How Drinking Water Contaminants Impact Public Health"

Autors: Cristina Villanueva

FILIACIONS: ISGlobal

Contaminants unintentionally generated during water treatment. Water disinfection is essential to prevent infection. However, chlorine's high reactivity causes it to interact with natural organic matter, bromide to form unintended by-products known as disinfection by-products (DBPs). Trihalomethanes (THMs) include chloroform, bromodichloromethane, chlorodibromomethane, and bromoform, and are the most common chlorination byproduct. THMs are volatile and skin permeable, and exposure may occur by ingestion, inhalation, and dermal absorption during showering, bathing, washing dishes, cooking, or swimming in pools. Chloroform and bromodichloromethane are classified by the International Agency for Research on Cancer (IARC) as possibly human carcinogens. The health outcome most consistently associated with THM exposure is bladder and colorectal cancer, followed by low birth weight and other reproductive effects. Importantly, these effects have been observed at THM levels well below the maximum allowable concentration of 100 µg/L.

Nitrate in drinking water comes from fertilizers used in intensive agriculture and intensive farms. Nitrate is reduced to nitrite in saliva, that in the acidic environment of the stomach, can form N-nitroso compounds, such as nitrosamines, which are animal carcinogens. Waterborne nitrate exposure at levels below regulatory limits has been consistently associated with stomach and colon cancer.

However, the solution is not to consume bottled water, but to minimise the waste that finds its way into groundwater, rivers and the sea.

Text adapted from:
https://www.isglobal.org/en/healthisglobal/-/custom-blog-portlet/contaminantes-agua-y-posible-riesgo-cancer

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Pablo Soldevilla

UD Germans Tries i Pujol

"L'edat i l'estrès provoquen tuberculosis"

Autors: Pablo Soldevilla[1,2,5], Maria Vidal[1,2], Yaiza Rosales[4], Esther Fuentes[1], Jorge Díaz[4], Mariona Cortacans[1,2], Marta Arch[1,2], *Pere-Joan Cardona[1,2,3,4,5]

FILIACIONS :
[1]Experimental Tuberculosis Unit (UTE), Institut de Recerca Germans Trias i Pujol (IGTP), Badalona, Spain
[2]Microbiology and Genetics Department, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Spain
[3]Servei de Microbiologia, Laboratori Clínic de la Metropolitana Nord (LCMN), Hospital Universitari Germans Trias i Pujol (HUGTiP), Badalona, Spain
[4]Centre de Medicina Comparativa i Bioimatge de Catalunya (CMCiB), Badalona, Spain; 5Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Madrid, Spain

Cada año se diagnostican alrededor de 10 millones de nuevos casos de tuberculosis (TB) y más de un millón de personas fallecen a causa de la enfermedad. Nuestro grupo estudia el papel del eje hipotálamo-pituitaria-adrenal (HPA), principal sistema neuroendocrino implicado en la respuesta al estrés. Su activación induce la producción de glucocorticoides, moléculas con una marcada actividad antiinflamatoria. Dado que la inmunopatología de la TB está estrechamente relacionada con la respuesta inflamatoria del hospedador, resulta de interés determinar cómo la activación del eje HPA puede influir en el desarrollo de la enfermedad.

Para ello, utilizamos ratones C3HeB/FeJ jóvenes y ancianos, machos y hembras, infectados con Mycobacterium tuberculosis (Mtb). Los animales se dividieron en un grupo control y un grupo sometido a estrés crónico con el objetivo de estimular la producción de glucocorticoides. Durante la infección se obtuvieron muestras sanguíneas para cuantificar los niveles de glucocorticoides circulantes y, al finalizar el experimento, se analizaron muestras pulmonares para evaluar la progresión de la infección y la respuesta inmunopatológica.

Los resultados mostraron un marcado efecto asociado a la edad, con mayores niveles de glucocorticoides y una mayor diseminación de la infección en los animales ancianos. Además, observamos diferencias dependientes del sexo, siendo las hembras ancianas las que presentaron los niveles más elevados de glucocorticoides. Este grupo mostró también un perfil inmunopatológico diferencial, caracterizado por una mayor infiltración neutrofílica. En conjunto, estos resultados subrayan la relevancia de los procesos neuroendocrinos y de las diferencias asociadas a la edad y al sexo en la respuesta del hospedador frente a la tuberculosis.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Antonio Loreto

Unitat de Genètica

"Evolutionary dynamics under developmentally based genotype-phenotype maps"

Autors: Antonio Loreto, Isaac Salazar-Ciudad

FILIACIONS:

UAB

Development reconstructs morphological complexity in each generation from gene networks, cells, and spatial cues. Organisms reliably produce complex shapes despite genetic and environmental perturbations, demonstrating robustness. Using EmbryoMaker, we simulate development by integrating gene network dynamics, cell behaviors, signaling, and tissue mechanics to study how developmental mechanisms evolve. By evolving morphologies in silico, we identify changes in network topology, interaction strengths, and cellular behaviors that drive stepwise increases in morphological complexity and robustness. This approach uncovers general principles of genotype–phenotype mapping, reveals how complexity and robustness emerge, and how developmental systems drift shapes evolution and genomic variation to phenotypic outcomes.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Javier Villagrà

Unitat Microbiologia Campus

"Microbial community shifts and predicted functional responses during degradation of flame retardants in natural samples"

Autors: Javier Villagra, Núria Gaju, Maira Martínez-Alonso

FILIACIONS:

Grup de Microbiologia ambiental (departament de genètica i microbiologia) UAB en col·laboració con el grup Biorem del Departament d'Enginyeria Química Biològica i Ambiental, Escola d'Enginyeria

La bioremediació es el procés d'utilitzar essers vius per controlar, retirar o eliminar contaminants d'un ambient. En aquest treball volem utilitzar-la per tractar amb retardants de flama organofosforats o OPFRs. Compostos per un grup fosfat i 3 radicals, aquets químics s'utilitzen com additius per reduir la inflamabilitat sobretot de plàstics. Aquets presenten diversos problemes per el medi ambient i la salut, fins i tot podent arribar a ser cancerígens. Actualment, les infraestructures de tractament de contaminants com per exemple les plantes de tractaments d'aigües, no son capaces de degradar aquets contaminants en la seva totalitat. No obstant, al estar esposades a OPFRs, i al haver demostrat anteriorment certa capacitat de
degradació, aquets ambients son ideals per trobar microorganismes amb potencial bioremediador. Per tal realitzar aquest potencial, i obtenir comunitats amb capacitat de degradar aquets compostos es van mostrejar 2 localitzacions amb presencia de OPFRs: fang activat d'una EDAR (mostra AS) i aigües residuals industrials (mostra IW). Aquestes es van exposar a 4 OPFRs i es va caracteritzar la comunitat bacteriana pre i post exposició mitjançant seqüenciació massiva 16s. Amb l'ús de l'eina bioinformàtica LEfSe es determinen els bacteris mes afectats per l'exposició, revelant en ambdós casos un augment de bacteris amb capacitats de degradació de compostos similars, però una pèrdua de diversitat important. En el cas de la mostra AS, es veuen molt perjudicats bacteris essencials pel funcionament de la depuradora. Un anàlisis de predicció funcional "Picrust2" revela un augment en la capacitat de degradació de xenobiòtics en IW però una petita disminució en AS, la qual cosa quadra amb la disminució de especies involucrades en la degradació de xenobiòtics diferents als OPFRs. Finalment la cinètica de degradació demostra degradació total de TBEP per part de la mostra AS i parcial de TEP per la mostra IW.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Irene Barguilla

Unitat de Genètica

"Chronic exposure to nanoplastics alters stem cell type-specific mechanisms, promoting cancer development"

Autors: I. Barguilla[1]*, L. Billon[2], K. Geistlich[2], J Gutiérrez-García[1], R. Egea[1], L. Rubio[1], S Jeanpierre[2], A. Hernández[1], B. Guyot[2], & V. Maguer-Satta[2]

FILIACIONS :

[1]Group of Mutagenesis, Department of Genetics and Microbiology, Universitat Autònoma de Barcelona; Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain

[2]CNRS UMR5286, Inserm U1052, Universite Claude Bernard Lyon 1, Centre Léon Bérard, Centre de Recherche en Cancérologie de Lyon, Lyon, France

Micro- and nanoplastics (MNPLs) are increasingly recognized as a potential threat to human health. These small plastic particles can be internalized in primary organs, translocate through physiological barriers, reach the bloodstream and potentially bioaccumulate in secondary organs. Increasing evidence demonstrates potential long-term impacts of MNPLs, including carcinogenicity. However, the molecular mechanisms leading to these effects are largely unexplored.

In this work we compared the pre-neoplastic effects of poslystyrene (PS) and polyethylene terephthalate (PET) nanoplastics on mammary stem cells, which may be especially sensitive to the cumulative impacts of environmental pollutants due to the long lifespans in the human body. Both plastic types induced similar oncogenic outcomes, particularly when combined with physiologically relevant microenvironmental signalling such as BMP2, a key regulator of stem cell niche. Notably, a comprehensive omic analysis revealed that the molecular mechanisms leading to these effects are different for PS and PET. While PS mainly activates kinase networks, PET induced large transcriptional deregulations. Besides, our approach allowed us to identify a molecular signature especially affected by MNPL exposure and comprised of genes associated with poorer overall survival in patients with breast cancer.

Our work underscores the urgent need to refine current approaches and to incorporate a mechanistic perspective for risk assessment. Further, our findings support the integration of stem-cell based assays, microenvironmental factors and realistic test materials in testing frameworks to inform regulation and support decision-making to mitigate the impact micro- and nanoplastics.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Sebastián Gavira

Unitat de Microbiologia Campus

"Smart nitrocellulose-based filters for water disinfection and in situ bacterial sensing"

Autors: Sebastián Gavira-Aguilara, Pablo Rodríguez-Núñeza, Nuria Vigués, Amparo Ferrer-Vilanovac, Xavier Muñoz Berbel

FILIACIONS:

Universitat Autònoma de Barcelona, Instituto de Microelectrònica de Barcelona,

UCAM-SENS, Universidad Católica San Antonio de Murcia

En esta conferencia se presentó el desarrollo de filtros de nitrocelulosa funcionalizados con nanopartículas de plata (AgNPs) y azul de Prusia (Prussian Blue, PB) para la desinfección y monitorización microbiológica del agua. El sistema combina la actividad biocida proporcionada por las AgNPs con la capacidad indicadora del PB, permitiendo tanto la inactivación de microorganismos como la monitorización de su actividad metabólica. El objetivo del trabajo fue desarrollar una plataforma capaz de retener microorganismos, eliminarlos durante el proceso de filtración y evaluar la eficacia antimicrobiana del sistema.

Las AgNPs se incorporaron *in situ* sobre filtros de nitrocelulosa mediante síntesis intermatricial. Posteriormente, las membranas se funcionalizaron con PB para dotarlas de capacidad de monitorización microbiológica. La caracterización mediante microscopía electrónica de barrido (SEM) permitió observar la morfología de las membranas y la distribución de las AgNPs sobre la superficie, mientras que el análisis mediante electrones retrodispersados (BSE) confirmó la presencia de plata y su correcta inmovilización en el material

La eficacia antimicrobiana de los filtros funcionalizados se evaluó utilizando *E. coli* como microorganismo modelo. Los resultados demostraron una clara actividad bactericida atribuida al contacto directo entre las bacterias y las AgNPs inmovilizadas en la superficie del filtro. Se comprobó que el PB no presenta actividad antimicrobiana ni interfiere en la actividad biocida de las AgNPs, lo que permite utilizarlo como indicador de actividad microbiana y herramienta para monitorizar el funcionamiento de los filtros.

En conjunto, los resultados obtenidos demuestran que la nitrocelulosa constituye una plataforma adecuada para la inmovilización de AgNPs y PB, permitiendo integrar en un único material funciones de desinfección y monitorización microbiológica.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Joan Martín

Unitat de Genètica

"Nanoplastic-induced endothelial dysfunction: Physicochemical properties as key determinants of biological outcomes in human vascular cells"

Autors: Joan Martín-Pérez, Alba García Rodríguez y Alba Hernández Bonilla

FILIACIONS :

UAB – Departament de Genètica i Microbiologia. Grup de Mutagènesi.

Global plastic production exceeds 400 million tons annually; degradation throughout their life cycle generates micro- and nanoplastics (MNPLs), ubiquitous across environmental compartments and a source of chronic human exposure. Once internalized, MNPLs cross biological barriers and accumulate in organs and fluids, positioning the endothelium as a primary interface for particle contact. Although MNPL exposure is linked to cardiovascular risk, how physicochemical properties shape endothelial responses remains poorly defined. This Thesis characterizes MNPL-induced endothelial dysfunction in HUVECs, identifying surface functionalization, nanoscale size, and environmental realism as key determinants. Three studies combined polystyrene (PS) reference particles with environmentally relevant materials under standardized acute exposure (24 h). Aminated PS was the most toxic, reducing viability and inducing sustained genotoxicity despite the lowest intracellular burden. Across sizes (30, 50, 100 nm), RNA-seq revealed a shared transcriptomic program affecting cholesterol homeostasis, epithelial-mesenchymal transition, inflammation, and DNA damage; 30 nm consistently diverged from the more similar 50/100 nm cluster. Among materials of increasing environmental realism (PS, PLA, PTFE, and real-life PET), PS and PLA produced negligible alterations, PTFE impaired migration, and real-life PET induced the broadest response despite being the least internalized. Across studies, MNPLs induced a sub-lethal endothelial dysfunction phenotype, with minimal cytotoxicity. Higher internalization did not predict greater impact, challenging uptake as a hazard proxy; surface chemistry, size, and environmental realism emerged as principal determinants, establishing physicochemical properties as primary drivers of endothelial dysfunction and underscoring the need for realistic materials.

Silvia Expósito Ibáñez

Unitat de Microbiologia Medicina, UD Hospital de la Sta. Creu i Sant Pau

"**Avaluació del rendiment diagnòstic de GeneXpert MTB/RIF Ultra en tuberculosi pulmonar i extrapulmonar**"

AUTORS: Silvia Expósito Ibáñez[1,3], Elena García Losilla[1], Yesica González Atencia[1], Marc Gordo Basté[1,3], Mateo Rodríguez Velasco[1,3], Juan Carlos Gabaldón Figueira[1,3], Montserrat Garrigó i Fullola[1,2,3].

FILIACIONS :

[1]Servei de Microbiologia. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Barcelona.
[2]Departament de Genètica i Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona (UAB).
[3]Institut de Recerca de Sant Pau.

La tuberculosi és la principal causa de mort per un agent infecciós a nivell mundial. El cultiu és el mètode de referència pel diagnòstic microbiològic, però el seu temps de resposta és prolongat. El GeneXpert Ultra permet la detecció ràpida de Mycobacterium tuberculosis complex (MTC), tot i que el seu rendiment pot variar segons la càrrega bacil·lar i el tipus de mostra.

L'objectiu va ser avaluar el rendiment diagnòstic del GeneXpert Ultra respecte al cultiu en mostres pulmonars i extrapulmonars.

Es va realitzar un estudi observacional retrospectiu (gener 2018 - novembre 2025), incloent mostres analitzades simultàniament per GeneXpert Ultra i cultiu. Es van calcular sensibilitat, especificitat, valor predictiu positiu (VPP) i valor predictiu negatiu (VPN).

Es van analitzar 6.574 mostres de les quals 4.880 (74,2%) eren pulmonars. Es van detectar 322 mostres positives (4,9%): 211 (65,5%) van ser positives tant per cultiu com per PCR; 27 (8,4%) presentaven cultiu positiu i PCR negativa, principalment en mostres extrapulmonars concordants amb paucibacilaritat, i 84 (26,1%) cultiu negatiu i PCR positiva, majoritàriament amb resultat de traces o ADN molt escàs que dificulta la interpretació del resultat.

La sensibilitat global del GeneXpert Ultra va ser del 88,7%, sent elevada en mostres pulmonars i heterogènia segons el tipus de mostra extrapulmonar. La sensibilitat observada en mostres del SNC i musculoesquelètiques va ser superior a la descrita prèviament degut al reduït nombre de mostres. L'especificitat i el VPN van ser elevats en tots dos grups.

En conclusió, el GeneXpert Ultra va mostrar un alt rendiment diagnòstic respecte al cultiu, especialment en mostres pulmonars. L'elevat VPN reforça la seva utilitat per al diagnòstic precoç de la tuberculosi, mentre que el cultiu continua essent imprescindible per confirmar el diagnòstic i realitzar l'estudi fenotípic de sensibilitat.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Pau Conill i Bonet

Unitat Microbiologia Campus

"Amun: a new phage defence system triggered by phage-specific sequences confers altruistic protection"

AUTORS: Pau Conill i Bonet[1], María Pérez-Varela[1], Pilar Cortés[1], Montserrat Llagostera[1], Jordi Barbé[1] i Susana Campoy[1]

FILIACIONS:

Grup de Microbiologia Molecular, Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona

Els sistemes antifàgics són elements que permeten a una població bacteriana determinada sobreviure a una infecció bacteriofàgica. Són absolutament ubics i protagonistes d'interaccions bacterianes trobant-se enriquits en elements mòbils on tendeixen a estar agrupats en clusters, presentant sinèrgies. Se n'han descobert uns 150 de sistemes antifàgics, havent-ne estat una quarantena caracteritzats.

En un experiment anterior del nostre grup, es va el·lucidar un gran plasmidi conjugatiu obtingut per transmissió lateral que conferia protecció vers un còcktail de bacteriòfags. En aquest plasmidi es va inferir una regió d'hipermobilitat amb diversos llocs hipotètics propers a sistemes antifàgics caracteritzats anteriorment; seguint la lògica del guilt-by-association, alguns d'aquests es van assajar per a corroborar si tenien propietats antifàgiques. Un d'aquests, que ara presentem, és munA, que codifica per sistema nou que anomenem Amun.

Aquest sistema és el responsable de la defensa contra diversos dels fags del còcktail (UAB_φ78 i UAB_φ87), i defensa també contra altres bacteriòfags de la família Autographiviridae, entre ells el seu model T7.

Aquest sistema és el que coneixem com a una protecció altruïsta, és a dir una protecció que actua a nivell poblacional. Això és així car la cèl·lula protegida, o Amun+, no sobreviu a la infecció bacteriofàgica, sinó que la sotmet de manera que aquesta no podrà progressar més, i per tant atura el focus d'infecció, en el cas de MunA és a través d'una mort metabòlica que interromp el cicle fàgic. Aquest cicle queda interromput en el moment de l'entrada del DNA fàgic, en el moment que es coneix com a "segrest cel·lular", el bacteriòfag no arriba a poder replicar el seu DNA.

MunA actua a nivell de proteïna-DNA sobre una seqüència no totalment definida d'uns 380bp que es troba dins del gen gp5 de T7. Aquesta mort metabòlica sabem que és parcialment depenent de la funció dels gens cel·lulars de transcripció *pcnB* i *rpoB*.

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

PÒSTERS

XIII Jornada Científica del Departament de Genètica i de Microbiologia

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

PROGRAMA DE PÒSTERS			
	TÍTOL DEL PÒSTER	**AUTORS (PERSONA QUE EL PRESENTA)**	**UNITAT**
1	Poster Serveis Cientific-tècnics		
2	Real-life micro- and nanoplastic interference in THP-1 immune response.	S. Trischitta, G. Marcondez	Genètica
3	Aspergilosis invasiva en la práctica clínica real: experiencia de 5 años en el Hospital Universitario del Parc Taulí (Sabadell)	Paula Vargas et al.	*UDH* Parc Taulí
4	Phosphoproteomic analysis identifies a novel histone-like nucleoid-structuring (H-NS) protein as a key regulator of virulence in Stenotrophomonas maltophilia.	J. C. Ortiz, M. Diaz-Lobo, A. Roque, M. Gay, G. Arauz-Garofalo, M. García Tirado, L. Mas Nieto, A.C. Gómez, M. Bravo, O. Conchillo-Solé, M. Vilaseca, X. Daura, I. Gibert and D. Yero	Microbiologia campus
5	Genomic insights into the clonal dissemination of VIM-producing Achromobacter xylosoxidans in an intensive care unit.	G. Puigsech-Boixeda, V. Frutos-Millán, A. Moreno-Mingorance, E. del Barrio-Tofiño, A. Mir-Cros, J. Roca-Grande, E. Agustí, M. Solivella-Rodríguez, L. López-Alcaide, X. Nuvials, D. Rodríguez-Pardo, A. Gayubas, S. Aneas, M. T. Martín-Gómez, D. Romero-Herrero, M. Lung, P.Salmerón, B. Viñado, J. Trejo-Zahinos, M. N. Larrosa, J. J. González-López	UDH Vall Hebrón
6	Insights into the in vivo toxicity of polytetrafluoroethylene micro- and nanoplastics	M. Alaraby et al.	Genètica
7	Friend or Foe? Co-infection interactions between *Mycobacterium marinum* and Pseudomonasaerugino	M. Ferreira, M. Cortacans, M. Vidal, P. Soldevilla, E. Fuertes, M. Arch, S. Perkins, E. Serrano, P.J. Cardona, J. Lello	UDH Germans Trias i Pujol
8	Genotoxic effects of orthodontic-derived nanoplastics on human oral cells (HOK & TR146 cell lines)	H. Van Goethem et al.	Genètica
9	Alta actividad in vitro de delafloxacino frente a *Staphylococcus aureus* resistente a quinolonas, en infecciones osteoarticulares y de piel y partes blandas	Lorena Forqué et al.	*UDH* Parc Taulí
10	Engaging the youngest minds: communicating environmental mutagenesis through microplastic pollution education at the European Researcher's Ni	R. Egea et al.	Genètica
11	Analysis of pfhrp2 and pfhrp3 deletions, and variability of PfHRP2 and PfHRP3 proteins: implications for malaria rapid diagnostic tests in Angola	A. Mediavilla Pérez, I. Molina De La Fuente, P. Martínez Vallejo, B. Febrer Sendra, C. Rubio Maturana, A. Silgado, A. Nindia, L. Goterris, J. Martínez Campreciós, I. Oliveira Souto, I. Molina, P. Berzosa, E.	UDH Vall Hebrón
12	Unraveling the effects of real-life micro- and nanoplastics on the lung barrier using an ALI co-culture model	L. Pareras, G. Marcondes	Genètica
13	A TEs-driven Two-Speed Genome in *Fusarium oxysporum* : Linking Transposable Elements to Strain-Specific Virulence Potential	H. Mhammedi et al.	Genètica
14	The Role of Transposable Elements on Heat Sress Response in *Drosophila subobscura*	V. Chillida, M. Coronado-Zamora, M. Merenciano, MP García Guerreiro	Genètica
15	Baseline oropharyngeal carriage of *Neisseria meningitidis* among individuals eligible for doxy-PEP in Spain: genomic and antimicrobial characterization.	J. Roca-Grande, L. López-Alcaide, E. Agustí, P. Álvarez-López, M. Arando, J. Arcarons-Martí, E. Del Barrio-Tofiño, C. Broto-Cortés, A. Carrillo-Cano, M. Cerro Lillo, V. Descalzo, I. Furlan, J.N. García-Pérez, Y. Hoyos-Mallecot, L. López-Pérez, A. Mir-Cros, A. Moreno-Mingorance, P. Nadal-Barón, G. Puigsech-Boixeda, P. Salmerón, M. Solivella-Rodríguez, D. Téllez-Velasco, J. Trejo-Zahínos, B. Viñado, M.N. Larrosa, J.J. González-López	UDH Vall Hebrón
16	Uncovering Genome Structure and Evolution in *Tylodina rafinesquii* : Assembly, Validation, and Comparative Insights	G. Subirana, M. Pascual, C. Carreras, L. Aguilera, T. Alioto, F. Cruz, J. Gómez, C. Galià, Cinta Pegueroles	Genètica
17	Assessment of genotoxic potential of micro and nanoplastics derived from orthodontic aligners using the Caco-2/HT29-MTX model	A. García et al.	Genètica

18	Transposable elements contribute to *Anopheles coluzzii* and *An. gambiae* adaptation to urban environments	M. Coronado-Zamora, N.M. Longo-Pendy, D. Ayala, J. González	Genètica
19	The PELAGOS expedition: science beyond the lab.	L. Rubio	Genètica
20	Integration of DSF quorum sensing with c-di-GMP and fatty acid metabolism in Stenotrophomonas maltophilia	M. Bravo, C. Gómez, J.L. Pons, O. Conchillo-Solé, X. Daura, I. Gibert and D.	Microbiologia campus
21	Analysis of Variability and Selection on whole genome resequencing data in the humpback Whale (*Megaptera novaeangliae*)	L. Becerra et al.	Genètica
22	Applicability of real-time PCR for the diagnosis of imported schistosomiasis	P. Martínez-Vallejo, A. Mediavilla, A. Silgado, C. Rubio Maturana, F. Zarzuela, M.Muixí, L. Goterris, E. Rodríguez, S. Vázquez, F. Salvador, I. Oliveira-Souto, N. Serre-Delcor, I. Molina, J. Sotillo, E. Sulleiro	UDH Vall Hebrón
23	A population genomics insight in the expansion of invasive species *Halyomorpha halys*	S. García et al.	Genètica
24	Transposable elements modulate gene expression in response to oxidative stress in D. suzukii	M. Merenciano, Z. Belgaidi, A.C Pires Das Dores, C. Vieira.	Genètica
25	Enhancing Soluble and Active Protein Expression Using Multifunctional Peptide Tags	M. Amaranto, J.N.Garay Novillo , M. Fritz , V. Grosso, A. Godino, J.L. Barra.	Microbiologia campus
26	Genetic Variation in 3D: Linking Genome Architecture to Population Genomic Patterns in *Mus musculus*	L.Y. Stoma et al.	Genètica
27	Anionic boron-cluster BODIPY conjugates as promising photosensitizers for targeted antimicrobial photodynamic therapy.	J. Ordóñez-Hernández, A.C. Gómez, J. Hernardo, M. Quevedo, J. C. Ortíz, D. Yero, I. Gibert and R. Núñez	Microbiologia campus
28	IceMAG: an automated genome-resolved metagenomics workflow from reads to function	V. Saiz-Martínez, R. Navarro-García-Ochoa, K. Núñez-Montero, X. Antonio Padín Alvarez, J. Martínez-Urtaza	Genètica
29	Dynamic Pathogen-Mimicking Biomaterials Produced in Recombinant Bacteria Enhance Neoepitope-Based Cancer Vaccine Immunogenicity	L. Boró, H. López-Laguna, M.T.P. Favaro, S. Chellou-Bakkali, E. Voltà-Durán, E. Parladé, M. Márquez-Martínez, M. Costa, N. Roher, A. Villaverde, E. Vázquez	Microbiologia campus
30	Age, stress and disease: how glucocorticoids impact the development of tuberculosis.	P. Soldevilla, M. Vidal, M. Cortacans, E. Fuentes, Y. Rosales3, J. Díaz, M. Arch, PJ Cardona	UDH Germans Trias i Pujol
31	Engineering GFP-like protein scaffolds for stable neoantigen display in mammalian systems	E. Parladé, M.T.P. Favaro, S. Chellou-Bakkali, E. Volta-Durán, H. López-Laguna, A. Villaverde, E. Vázquez	Microbiologia campus
32	Exploring the mobilome of an andean Drosophila species: D. amaguana	M.A. Coba-Morales, S. Orozco-Arias, R. Guyot, D. Vela.	Genètica
33	Utility of one-step next-generation sequencing protocol for resistance and sequence typing of Mycoplasma genitalium in clinical microbiology laboratories	A. Barberan Masegosa, P. Nadal Barón, A. Moreno Mingorance, M. C. Martin Pérez, K. García Comuñas, M. Fernández Huerta, C. Andrés, J. J. González López, Y. Hoyos Mallecot, J.Trejo Zahínos.	UDH Vall Hebrón
34	Genomic Signatures of Environmental Adaptation in Human Populations: A Clinal Analysis Using the Simons Genome Diversity Project	L. Guaña et al.	Genètica
35	Exploring Population Genomics in Saccharomyces cerevisiae Utilizing PopLife	L.D. Biesecker et al.	Genètica
36	¿Es el diagnóstico de la prostatitis crónica un reto? Realidad del rendimiento del cultivo seminal en atención primaria	L. Alonso Lizarralde, J. Cabré Torrents, N. Romaní Rodés, A. Ramírez Marinero, M. Giménez Pérez, P.J. Cardona Iglesias.	UDH Germans Trias i Pujol
37	Evaluación del rendimiento de GeneXpert MTB/RIF Ultra en muestras pulmonares y extrapulmonares para el diagnóstico de tuberculosis.	S. Expósito Ibáñez, E. García, Y. González, M. Gordo Basté, M. Rodríguez Velazques, J.C. Gabaldón Figueira, M. Garrigó.	UDH Sant Pau
38	Engineering Abiotic Surfaces with Recombinant Protein Particles to Impair Biofilm Formation	L. K. Nuñez-Bonifaz, C. Cánovas-Baró, B. Mendoza, M. Márquez-Martínez, J. L. Corchero, N. Ferrer-Miralles, J. Sánchez	Microbiologia campus
39	Evolutionary Genomics of Mycobacterium tuberculosis in Mexico	J.A. Guevara-Torres, I. Alvarez-Maya, I. Sarmiento, R. Ramírez-Higuera, J. A. Martínez-Guarneros, C. A. Vázquez-Chacon, J. Martínez-Urtaza.	Genètica
40	Pulmonary Cryptococcoma in an Immunocompetent Host: A Case Report.	C. Batista , A. Simonetti, M. Gordo, J. Juanola, A. Rafecas-Codern , L. López-Vilaró , F. Sanchez-Reus F	UDH Sant Pau

41	Drosophila melanogaster as a cost-effective bridge model for antimycobacterial drug evaluation	M. Vidal, M. Arch, E. Fuentes, P.J. Cardona	UDH Germans Trias i Pujol
42	Cutaneous Alternariosis in Heart Transplant Recipients: A Report of Two Cases.	C. Batista, A. Rombauts , S. Expósito-Ibáñez, M. López-Borrego, A. Mozos-Rocafort, F. Sanchez-Reus.	UDH Sant Pau
43	Optimization of Trichomonas vaginalisdiagnosis through pooled PCR testing in low-prevalence settings	J. Cabré, P. Pillado, C. Sánchez-Lafuente, M. Alcaide, E. Crespillo, M. Carraco, A. Ramírez, P.J. Cardona	UDH Germans Trias i Pujol
44	Epidemiology and Clinical Characteristics of Community-Onset Fungemia: A 20-Year Retrospective Analysis	C. Batista, I. Belem Figas, A. Rubio, M. Rivera, F. Navarro, F. Sanchez-Reus	UDH Sant Pau
45	Non-tuberculous mycobacteria-based immunomodulation as a prophylactic strategy against pulmonary infections	I. Moret-Gómez, P. Herrero-Abadía, V. Campo-Pérez, N. Blanco-Cabra, E. Torrents, E. Julián.	Microbiologia campus
46	Mincle and TLRs coordinate macrophage-driven antitumour responses to mycobacterial lipids	N. Traba, S. Guallar-Garrido, E. Julián.	Microbiologia campus
47	Evaluation of an automated HIV antibody avidity assay	T. Vela López, G. Fernández-Rivas, M. Salgado, L. Bailón, B. López, B. Mothe, G. Clarà, V. Gonzalez.	UDH Germans Trias i Pujol
48	Analyzing the impact of reference genomes on population genomics	A. López, C. Galià-Camps, O. Wangesteen, C. Greve, T. Schell, M. Pascual, C. Carreras, C. Pegueroles.	Genètica
49	Assessing the origin of leatherback turtles in Spanish waters through the analysis of their genome diversity	A. Cherin, K. E. Cordero Umaña, C. Fernández-Maldonado, S. Giralt , A. Liria-Loza, A. Marco, P. Santidrian Tomillo, A. López , S. Torres Vilaça , M. Vargas Sarah, J. Tomás , M. Pascual, C. Pegueroles, C. Carreras.	Genètica
50	Testing learned migration goal theory: Do currents define where sea turtles fora	H. Vela-Garcia, S. Karaman, B. Sürucü, O. Turkozan, M. Pascual, C. Carreras, C. Pegueroles.	Genètica
51	Resolving the species complex of an invasive ascidian: genomic restructuring and speciation in Clavelina lepadiformis	L. Junkin, C. Galià-Camps, X. Turon, M. Rius, C. Carreras	Genètica

COMITÈ CIENTÍFIC

Dr. Massimo Bogliolo	Unitat Genètica
Dra. Cinta Pegueroles	Unitat Genètica
Dra. Esther Julián	Unitat Microbiologia Campus
Dr. José Luis Corchero	Unitat Microbiologia Campus
Dr. Pere Joan Cardona	UDH Germans Tries i Pujol

PATROCINADORS

VWR™ part of avantor

DIAGNÒSTICA LONGWOOD

bioNova científica, s.l.

eco gen

SARSTEDT

PMC Solucions per a l'Oficina

Facultat Biociències UAB

Departament de Genètica i de Microbiologia

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

XIII Jornada científica del Departament de Genètica i de Microbiologia

Premis per les presentacions dels pòsters:

Amb el suport de:

VWR LONGWOOD eco gen SARSTEDT PMC bioNova científica, s.l.

1r PREMI

- **Noemí Traba**

Mincle and TLRs coordinate macrophage-driven antitumour responses to mycobacterial lipids



2n PREMI

- **Vicente Chillida**

The Role of Transposable Elements on Heat Stress Response in Drosophila subobscura



ACCÈSSITS

- **Iris Moret**

Non-tuberculous mycobacteria-based immunomodulation as a prophylactic strategy against pulmonary infections



- **Melissa Ferreira**

Friend or Foe? Co-infection interactions between Mycobacterium marinum and Pseudomonas aeruginosa

