

**VIII Jornades de BioRecerca**  
**Facultat de Biociències**  
**13-16 juny 2023**



**13 de Juny Bioquímica i Biologia Molecular**

*Conferència d'Inauguració BioJornades*  
*12:00 Sala d'Actes*

**14 de Juny Genètica i Microbiologia**

**15 de Juny Biologia Cel·lular, Fisiologia i Immunologia**

**16 de Juny Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia**

*Conferència de Cloenda BioJornades*  
*12:00 Sala d'Actes*

**UAB**

Universitat Autònoma  
de Barcelona

VIII Jornades de BioRecerca  
Facultat de Biociències  
13-16 JUNY 2023

**X Jornada científica del Departament de  
Genètica i de Microbiologia**

PROGRAMA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA

14 de Juny de 2023		
9h30	<b>Inauguració i presentació a càrrec de la Directora del Departament</b>	
9h45	<b>Primera sessió d'exposicions orals</b>	<b>Moderadora: S. Campoy</b>
9h45	<i>PopLife: Genòmica de poblacions a través del arbre de la vida</i>	A. Barbadilla i S. Casillas Unitat de Genètica
10h15	<i>Escherichia coli as a new platform for the fast production of vault-like nanoparticles</i>	R. Fernández Palomeras Unitat de Microbiologia
10h30	<i>Need for new systemic drug-based approaches in Fanconi anemia</i>	I. Persico Unitat de Genètica
10h45	La vigilancia genómica de los virus respiratorios. Cómo nos ayuda la NGS en el laboratorio de microbiología para la monitorización de resistencias (gripe, VRS y SARS-CoV-2)	A. González Sánchez Unitat de Microbiologia Medicina. UD Hospital Vall d'Hebron
11h10	PAUSA CAFÉ / Visita zona Pòsters i estands patrocinats	
11h45	<b>Segona sessió d'exposicions orals</b>	<b>Moderadora: A. Velázquez</b>
11h45	Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms	J. López Pérez Unitat de Microbiologia
12h00	Obtention, characterization and biological effects of true-to-life PLA nanoplastics released from commercial teabags	A. García Rodríguez Unitat de Genètica
12h15	A metagenomics and amplicon sequencing combined approach reveals the best primers to study marine aerobic anoxygenic phototrophs	C. Ruiz Gazulla Unitat de Microbiologia
13h00	PAUSA DINAR / Visita zona Pòsters i estands patrocinats	

<b>14h30</b>	<b>Presentació PÒSTERS i visita estands patrocinats</b> (hi haurà un investigador responsable de cada pòster a càrrec d'explicar-lo als assistents que ho requereixin)
<b>Informació dels serveis científic-tècnics de la UAB</b>	

<b>15h30</b>	<b>Tercera sessió d'exposicions orals</b>	<b>Moderadora: C. Muñoz</b>
<b>15h30</b>	Els microorganismes com a aliats per a la descontaminació de mercuri en sediments marins	E. Hernández del Amo Unitat de Microbiologia
<b>15h55</b>	How do complex and robust phenotypes evolve?	H. Cano Fernández Unitat de Genètica
<b>16h10</b>	Paper del microbioma vaginal e intestinal en les infeccions recurrents del tracte urinari	A. Cruells Gascón Unitat de Microbiologia Medicina. UD Hospital de la Santa Creu i Sant Pau
<b>16h35</b>	Estudio de epidemiología genómica para el diseño de estrategias dirigidas de vigilancia y control de la tuberculosis en Catalunya (TB-SEQ)"	V. Saludes Unitat de Microbiologia Medicina. UD Hospital Germans Trias i Pujol (LCMN)
<b>17h00</b>	CLOENDA	

Empreses que patrocinen aquesta jornada



# **RESUM PRESENTACIONS ORALS**

**JORNADA CIENTÍFICA DEL  
DEPARTAMENT DE  
GENÈTICA I DE  
MICROBIOLOGIA, 14-06-2023**

## TÍTOL: *PopLife*: Genómica de poblaciones a través del árbol de la vida

Autors: Barbadilla, Antonio y Casillas, Sònia

FILIACIONS : Dep. Genètica i Microbiologia, UAB

### RESUM

El análisis de datos masivos (*big data*) desempeña un papel fundamental en el campo de la genómica. En las últimas dos décadas, nuestra investigación ha tenido como objetivo principal el desarrollo de herramientas bioinformáticas para representar y analizar la diversidad genética.

En la actualidad, estamos trabajando en el desarrollo de un sistema de procesamiento bioinformático totalmente automatizado que permitirá analizar grandes volúmenes de datos genómicos en cualquier especie. Nuestro objetivo es implementar el navegador *PopLife*, un recurso en línea de libre acceso para la comunidad de investigadores dedicados al estudio de la variación poblacional de genomas. *PopLife* se centra en extraer conocimiento a partir de datos genómicos, aplicando tanto metodologías “clásicas” como técnicas basadas en la inteligencia artificial. Este conocimiento no sólo es aplicable a la genómica evolutiva, sino también a campos como la genómica funcional, la genética de la conservación, el impacto genómico de la domesticación, la mejora genética, el cambio climático, el riesgo de pandemias, y un largo etcétera. Anticipamos que *PopLife* será un recurso de referencia internacional en genómica de poblaciones, tanto para eucariotas como para procariontas.

Durante la charla, proporcionaremos una visión general de cómo los proyectos actuales de nuestro equipo se entrelazan y complementan

con el objetivo principal de *PopLife*. Esto incluye la implementación de grafos de recombinación ancestral (ARGs) para representar de manera completa las genealogías de muestras genómicas, así como el uso de métodos de inteligencia artificial para detectar patrones genómicos. Nuestro enfoque se basa en aprovechar el poder del aprendizaje automático y la minería de datos para identificar características genéticas relevantes con implicaciones significativas en la evolución, la conservación y la mejora genética, entre otros.

## TÍTOL: *Escherichia coli* as a new platform for the fast production of vault-like nanoparticles: an optimized protocol

Autors: Roger Fernández<sup>1</sup>, Aida Carreño<sup>1,£</sup>, Rosa Mendoza<sup>2,1</sup>, Antoni Benito<sup>3</sup>, Neus Ferrer-Miralles<sup>1,4,2</sup>, María Virtudes Céspedes<sup>5</sup> and José Luis Corchero<sup>2,1,4</sup>

### FILIACIONS :

- <sup>1</sup> Institut de Biotecnologia i de Biomedicina, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193 Barcelona, Spain; [Roger.Fernandez@uab.cat](mailto:Roger.Fernandez@uab.cat); [acarreno@icmab.es](mailto:acarreno@icmab.es);
  - <sup>2</sup> CIBER de Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina, Instituto de Salud Carlos III, Bellaterra, 08193 Barcelona, Spain; [rmendoza@ciber-bbn.es](mailto:rmendoza@ciber-bbn.es); [jlcorchero@ciber-bbn.es](mailto:jlcorchero@ciber-bbn.es)
  - <sup>3</sup> Laboratori d'Enginyeria de Proteïnes, Departament de Biologia, Universitat de Girona, 17003 Girona, Spain, and Institut d'Investigació Biomèdica de Girona Josep Trueta, (IdIBGi), 17190 Salt, Spain; [antoni.benito@udg.edu](mailto:antoni.benito@udg.edu)
  - <sup>4</sup> Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193 Barcelona, Spain; [neus.ferrer@uab.cat](mailto:neus.ferrer@uab.cat)
  - <sup>5</sup> Grup d'Oncologia Ginecològica i Peritoneal. Institut d'Investigacions Biomèdiques Sant Pau, Hospital de Santa Creu i Sant Pau, 08041 Barcelona, Spain; [MCspedes@santpau.cat](mailto:MCspedes@santpau.cat)
- £ Present adress: Institut de Ciència de Materials de Barcelona, ICMAB-CSIC, Campus UAB, 08193 Bellaterra, Spain

## RESUM

Les “vaults” són nanopartícules proteïques que es troben en gairebé totes les cèl·lules eucariotes, però que són absents en les procarïotes. Gràcies a les seves propietats (mida nanomètrica, biodegradabilitat, biocompatibilitat i absència d'immunogenicitat), les “vaults” mostren un enorme potencial com a “Drug Delivery System” (DDS). L'arquitectura de les “vaults” està basada en l'autoensamblatge de la “Major Vault Protein” (MVP), el principal component d'aquesta nanopartícula. L'expressió recombinant (en diferents sistemes eucariotes) de la MVP ha donat lloc a la formació de nanopartícules indistingibles de les “vaults” natives. Actualment, les “vaults” recombinants es produeixen de manera rutinària en cèl·lules d'insecte i es purifiquen mitjançant ultracentrifugacions successives, dues estratègies tedioses i que requereixen molt de temps. Per oferir protocols més econòmics i ràpids per a la producció de nanopartícules, proposem la producció de nanopartícules “vault-like” en cèl·lules d'*Escherichia coli*, que és un dels sistemes d'expressió de proteïnes recombinants més utilitzat. L'estratègia proposada permet, simplement mitjançant la barreja de lisis de cèl·lules productores, l'encapsulació espontània de la proteïna de càrrega dins de nanopartícules “vault-like”. En combinació amb mètodes ben establerts de purificació per cromatografia d'afinitat, el nostre enfocament permet procediments més ràpids i econòmics per a la biofabricació i purificació de nanopartícules proteïques carregades “a punt per a l'ús”, obrint el camí cap a una enginyeria i producció més ràpides i senzilles de DDS basats en “vaults”.

## TÍTOL: Els microorganismes com a aliats per a la descontaminació de mercuri en sediments marins

Autors: Elena Hernández-del Amo<sup>1</sup>, Carla Pereira-García<sup>1</sup>, Núria Vigués<sup>1</sup>, Xavier Rey-Velasco<sup>2</sup>, Blanca Rincón-Tomás<sup>2</sup>, Carla Pérez-Cruz<sup>2</sup>, Mónica Estupiñán<sup>2</sup>, Elisabete Bilbao<sup>2</sup>, Isabel Sanz-Sáez<sup>3</sup>, Haiyan Hu<sup>4</sup>, Stefan Bertilsson<sup>4</sup>, Silvia G. Acinas<sup>5</sup>, Andrea G. Bravo<sup>5</sup>, Laura Alonso-Sáez<sup>2</sup>, Olga Sánchez<sup>1</sup>

### FILIACIONS :

- <sup>1</sup> Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain
- <sup>2</sup> AZTI, BRTA, 48395 Sukarrieta, Spain
- <sup>3</sup> Instituto de Diagnóstico Ambiental y Estudios del Agua (IDAEA-CSIC)
- <sup>4</sup> Swedish University of Agricultural Sciences, 75007 Uppsala, Sweden
- <sup>5</sup> Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, 08003 Barcelona, Spain

## RESUM

Les activitats antropogèniques són les principals causants de la contaminació dels sediments marins, que poden actuar com a reservoris de substàncies tòxiques com el mercuri (en concret el mercuri inorgànic ( $\text{Hg}^{2+}$ ) i el monometilmercuri (MeHg)). Alguns microorganismes que habiten aquests ecosistemes poden tenir un

paper clau en la detoxificació biològica d'aquests compostos tòxics, mediada per l'operó *mer*. A partir de sediments contaminats amb mercuri es va obtenir una àmplia col·lecció de bacteris i consorcis capaços de detoxificar el Hg. Finalment, es van seleccionar alguns candidats que contenen gens *mer* per a caracteritzar-los fisiològicament i comprovar la seva eficiència en l'eliminació del metall contaminant. Vam mesurar les seves taxes específiques de creixement i de detoxificació de mercuri en cultiu tancat, el que ens va permetre seleccionar els millors candidats per a la descontaminació del mercuri. En cultiu continu vam avaluar les millors condicions de creixement per aquests candidats per tal d'aconseguir una òptima eliminació de mercuri. Per això, es van provar tres taxes de dilució diferents (0,2, 0,1 i 0,05 h<sup>-1</sup>) fins que els cultius dels bioreactors van assolir l'estat estacionari, dels quals es van prendre mostres i es van incubar a 4  $\mu\text{M}$   $\text{HgCl}_2$  i 0,004  $\mu\text{M}$  MeHg. Després de 24 h d'incubació, els candidats van poder eliminar un alt percentatge del mercuri total de l'ambient, sent més eficients quan s'havien adaptat prèviament al bioreactor a unes taxes de creixement altes. Aquests resultats posen de manifest que alguns bacteris del sediment mostren una gran capacitat per detoxificar el mercuri, sent així uns bons candidats per a la bioremediació d'aquests ambients.

## **TÍTOL: The release of polylactic acid nanoplastics (PLA-NPLs) from commercial teabags. Obtention, characterization, and hazard effects of true-to-life PLA-NPLs**

**Autors: Alba García-Rodríguez<sup>1</sup>, Gooya Banaei<sup>1</sup>, Alireza Tavakolpournegari<sup>1</sup>, Juan Martín-Pérez<sup>1</sup>, Aliro Villacorta<sup>1,2</sup>, Ricard Marcos<sup>1</sup>, Alba Hernández<sup>1</sup>**

### **FILIACIONS :**

<sup>1</sup> **Group of Mutagenesis, Department of Genetics and Microbiology, Faculty of Biosciences, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, Spain.**

<sup>2</sup> **Facultad de Recursos Naturales Renovables, Universidad Arturo Prat, Iquique, Chile.**

### **RESUM**

This study investigates MNPLs release from commercially available teabags and their effects on both undifferentiated monocultures of Caco-2 and HT29 and the in vitro model of the intestinal Caco-2/HT29 barrier. Teabags were subjected to mechanical and thermodynamic forces simulating the preparation of a cup of tea. The obtained dispersions were characterized using TEM, SEM, DLS, LDV, NTA, and FTIR. Results confirmed that particles were in the nano-range, constituted by polylactic acid (PLA-NPLs), and one million of PLA-NPLs per teabag was quantified. PLA-NPLs internalization, cytotoxicity, intracellular reactive oxygen species induction, as well as structural and functional changes in the barrier were assessed. Results show that PLA-NPLs present high uptake rates, especially in mucus-secreting cells, and bio-persisted in the tissue after 72 h of exposure. Although no significant cytotoxicity was observed after the exposure to 100 µg/mL PLA-NPLs during 48 h, a slight barrier disruption could be detected at short-time periods. The present work reveals new insights into the safety of polymer-based teabags, the behavior of true-to-life MNPLs in the human body as well as new questions on how repeated and prolonged exposures could affect the structure and function of the human intestinal epithelium.



# **TÍTOL: A Metagenomic and Amplicon Sequencing Combined Approach Reveals the Best Primers to Study Marine Aerobic Anoxygenic Phototrophs**

**Autors:** Carlota R. Gazulla (1,2), Ana María Cabello (3), Pablo Sánchez (2), Josep M. Gasol (2), Olga Sánchez (1), Isabel Ferrera (3)

## **FILIACIONS:**

- <sup>1</sup> Departament de Genètica i de Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Catalunya, Spain**
- <sup>2</sup> Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, Barcelona, Catalunya, Spain.**
- <sup>3</sup> Centro Oceanográfico de Málaga, Instituto Español de Oceanografía, IEO-CSIC, Fuengirola, Málaga, Spain**

## **RESUM**

Studies based on protein-coding genes are essential to describe the diversity within bacterial functional groups. In the case of aerobic anoxygenic phototrophic (AAP) bacteria, the *pufM* gene has been established as the genetic marker for this particular functional group, although available primers are known to have amplification biases. We review here the existing primers for *pufM* gene amplification, design new ones, and evaluate their phylogenetic coverage. We then use samples from contrasting marine environments to evaluate their performance. By comparing the taxonomic composition of communities retrieved with metagenomics and with different amplicon approaches, we show that the commonly used PCR primers are biased towards the Gammaproteobacteria phylum and some Alphaproteobacteria clades. The metagenomic approach, as well as the use of other combinations of the existing and newly designed primers, show that these groups are in fact less abundant than previously observed, and that a great proportion of *pufM* sequences are affiliated to uncultured representatives, particularly in the open ocean. Altogether, the framework developed here becomes a better alternative for future studies based on the *pufM* gene and, additionally, serves as a reference for primer evaluation of other functional genes.

## TÍTOL: How do complex and robust phenotypes evolve?

Autors: Hugo Cano-Fernández<sup>1</sup>, Tazio Tisot,<sup>2</sup> Miguel Brun-Usan<sup>3</sup> & Isaac Salazar-Ciudad<sup>1,4</sup>

### FILIACIONS :

<sup>1</sup> Genomics, Bioinformatics and Evolution group, Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain

<sup>2</sup> Electronics and Computer Science Department, University of Southampton, Southampton, UK

<sup>3</sup> Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, Spain

<sup>4</sup> Centre de Recerca Matemàtica (CRM), Cerdanyola del Vallès, Spain

## RESUM

The morphology of multicellular organisms is built by the interactions between genes, cells and environment in a process called development. This study aimed to determine how organisms can evolve complex and stable morphologies. We define complexity as the amount of morphological information in the embryo and developmental stability as the ability to produce the same morphology from the same genetic, epigenetic and environmental conditions in

spite of molecular and cell-level noise. To address this question, we explored the space of possible developmental networks by randomly building a large number of them. We then simulated these networks with EmbryoMaker to explore the morphologies they can develop from very simple blastula-like initial conditions. EmbryoMaker is a general model of development that can simulate any gene network, all known cell behaviours (division, adhesion, etc.), cell signalling, mechanical interactions, and the morphological transformations arising from all those. We found that cell division is the largest contributor to developmental instability. Cell divisions distort the borders of the territories (i.e. groups of cells with common gene expression) that send morphogens or activate morphogenesis. The activation of morphogenesis in territories with irregular borders leads to developmentally unstable morphologies. This is especially the case when territories are small and have high surface-volume ratios. We found that developmental stability can be highly increased if territories exhibit strong homotypic adhesion, if the cells in the border of the territory suffer planar cell contraction or if the cells between territories divide slowly. Moreover, we found that, although short range signalling can increase developmental noise by copying the irregular borders of territories, long range signalling and constant signalling can reduce noise in induced territories.

## **TÍTOL: Need for new systemic drug-based approaches in Fanconi anemia**

**Autors: Ilaria Persico<sup>1</sup>, Massimo Bogliolo<sup>1,2</sup>, Ronay Cetin<sup>3</sup>, Martin Wegner<sup>3</sup>, Cristina Camps<sup>1,4</sup>, Jordi Minguilló n<sup>5,6</sup>, Maria J. Ramirez<sup>1,7</sup>, Roser Pujol<sup>1,7</sup>, Manuel Kaulich<sup>3,8,9</sup>, Jordi Surrallés<sup>1,2,7</sup>**

### **FILIACIONS :**

<sup>1</sup> **Genomic Instability and DNA Repair Syndromes Group and Joint Research Unit on Genomic Medicine UAB-Sant Pau Biomedical Research Institute (IIB Sant Pau), Institut de Recerca Hospital de la Santa Creu i Sant Pau-IIB Sant Pau, Barcelona, Spain**

<sup>2</sup> **Department of Genetics and Microbiology, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain**

<sup>3</sup> **Institute of Biochemistry II, Faculty of Medicine, Goethe University Frankfurt, Theodor-Stern-Kai 7, 60590, Frankfurt am Main, Germany**

<sup>4</sup> **Institute for Bioengineering of Catalonia (IBEC), Barcelona, Spain**

<sup>5</sup> **Hospital La Paz Institute for Health Research (IdiPAZ), Madrid, Spain**

<sup>6</sup> **Institute of Molecular and Medical Genetics (INGEMM), Hospital LaPaz, Madrid, Spain**

<sup>7</sup> **Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain**

<sup>8</sup> **Frankfurt Cancer Institute, 60596, Frankfurt am Main**

<sup>9</sup> **Cardio-Pulmonary Institute, 60590, Frankfurt am Main, Germany**

## **RESUM**

Fanconi anemia (FA) is a rare genetic DNA repair deficiency characterized by bone marrow failure and enhanced susceptibility to hematologic and solid malignancies. Since current treatments only address hematopoietic defects, it is essential to find new systemic drug-based therapies for FA patients. We sought to cope with these hurdles through i) validation of cellular systems of three stable, but defective FANCA proteins (Arg951Gln, Thr1131Ala, Phe1263del) for high content screening (HCS) to identify drug/s able to rescue mutants phenotypes. To generate the models, we transduced lentiviral vectors carrying the mutations into a FANCA-deficient (FANCA<sup>-/-</sup>) line that expresses a fluorescent FANCD2 protein. These cells are unable to mono-ubiquitinate FANCD2 or promote its relocation to DNA repair foci, both hallmarks of FA pathway activation.

Despite confirming FANCA expression in all models, only Phe1263del one exhibited a cellular phenotype compatible with FANCA<sup>-/-</sup> line; the other wild-type behaving mutants were discarded as HCS candidates.

We will next monitor Phe1263del pharmacological correction by using fluorescent FANCD2 foci formation as readout; ii) Performance of genome-wide (GW) CRISPR knockout (CRISPRko) screens on FA cell models to dissect novel synthetic interactions (SIs) and druggable targets. We transduced Cas9-expressing FANCA<sup>-/-</sup> and control lines with two GW KO libraries of guide RNAs (gRNAs). To keep gRNAs/phenotypes representation screens were ended at ~10 cell doublings, and gDNA from all technical replicates was isolated and amplified with barcode-tagged primers for sequencing. We compared the rosters of depleted (lethal SIs) and enriched (viable SIs) hits deriving from the bioinformatic and statistical analyses of both screens results and we have already started validating the best candidates.

Achieving the goals of this work will provide a comprehensive strategy for FA current challenges, from the bench to the bedside and back.

## TÍTOL: Estudi d'epidemiologia genòmica per dissenyar estratègies dirigides de vigilància i control de la tuberculosi a Catalunya (TB-SEQ).

Autor: Verónica Saludes<sup>1,2</sup>, Mariana G López<sup>3</sup>, Antoni E Bordoy<sup>1</sup>, Andreu C Pelegrin<sup>1</sup>, Manuela Torres-Puente<sup>3</sup>, Laia Soler<sup>1</sup>, Adrián Antuori<sup>1</sup>, Fernando Alcaide<sup>4,5</sup>, Antonio Casabella<sup>6</sup>, Sara González-Gómez<sup>1</sup>, Eva Cuchi<sup>7</sup>, Sandra Esteban-Cucó<sup>8</sup>, Montserrat Garrigó<sup>9</sup>, Julià González<sup>10,11</sup>, Ana Blanco<sup>1</sup>, Gemma Clarà<sup>1</sup>, Yolanda Hernández-Hermida<sup>4</sup>, Evelin López-Corbeto<sup>2,12</sup>, Joan López<sup>13</sup>, Carmina Martí<sup>14</sup>, Ángeles Pulido<sup>14</sup>, Joan P Millet<sup>2,15</sup>, Esteve Muntada<sup>2,12</sup>, Ángela Domínguez<sup>2,5</sup>, Pere Godoy<sup>2,16</sup>, María D Guerrero<sup>17</sup>, David P Yagüe<sup>1</sup>, Ester Picó-Plana<sup>18</sup>, Iván Prats<sup>19</sup>, Cristina Rius<sup>2,15</sup>, Tamara Soler<sup>17</sup>, Nuria Torrellas<sup>20</sup>, M<sup>a</sup> Teresa Tórtola<sup>11,21</sup>, Gloria Trujillo<sup>13</sup>, Griselda Tudó<sup>5,10</sup>, Eva Vicente<sup>8</sup>, Paula Costa<sup>22</sup>, Xavier Casas<sup>23</sup>, Jordi Casabona<sup>2,12</sup>, Pere-Joan Cardona<sup>1,24</sup>, Iñaki Comas<sup>2,3</sup>, Elisa Martró<sup>1,2</sup> on behalf of the TB-SEQ Study Group.

### FILIACIONS:

<sup>1</sup> Microbiology Department, Laboratori Clínic Metropolitana Nord. Germans Trias i Pujol University Hospital and Research Institute (IGTP);

<sup>2</sup> CIBER in Epidemiology and Public Health (CIBERESP);

<sup>3</sup> Tuberculosis Genomics Unit, Instituto de Biomedicina de Valencia (IBV)-CSIC;

<sup>4</sup> Hospital Universitari de Bellvitge-IDIBELL;

<sup>5</sup> Universitat de Barcelona;

<sup>6</sup> Corporació Sanitària Parc Taulí- Universitat Autònoma de Barcelona;

<sup>7</sup> CATLAB-Centre Analítiques Terrassa AIE;

<sup>8</sup> Laboratori de Referència de Catalunya;

<sup>9</sup> Hospital de la Santa Creu i Sant Pau;

<sup>10</sup> Hospital Clínic de Barcelona- ISGlobal;

<sup>11</sup> CIBER in Infectious Diseases (CIBERINFEC);

<sup>12</sup> Centre d'Estudis Epidemiològics sobre les ITS i Sida de Catalunya (CEEISCAT);

<sup>13</sup> Fundació Althaia. Hospital Sant Joan de Déu;

<sup>14</sup> Hospital General de Granollers;

<sup>15</sup> Agència de Salut Pública de Barcelona;

<sup>16</sup> Institut de Recerca Biomèdica de Lleida (IRBLleida)- Universitat deLleida;

<sup>17</sup> Consorci del Laboratori Intercomarcal (CLILAB) de l'Alt Penedès, l'Anoia i el Garraf

<sup>18</sup> Hospital Universitari Joan XXIII;

<sup>19</sup> Hospital Universitari Arnau de Vilanova;

<sup>20</sup> Laboratori Fundació Hospital de Palamós;

<sup>21</sup> Hospital Universitari Vall d'Hebron;

<sup>22</sup> Laboratori Clínic Territorial de Girona. Hospital Universitari de Girona Dr. Josep Trueta;

<sup>23</sup> Serveis Clínics;

<sup>24</sup> CIBER in Respiratory Diseases (CIBERES).

## RESUM

Les dades de seqüenciació del genoma complet (WGS) de *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTBC) es poden fer servir com a marcador epidemiològic d'alta resolució, complementant els estudis de contactes. TB-SEQ és un estudi pilot que pretén integrar la genòmica de MTBC a les activitats formals de vigilància epidemiològica per millorar el control i la prevenció de la tuberculosi (TB) a Catalunya.

Presentem un estudi prospectiu, poblacional i multicèntric, d'epidemiologia genòmica de soques de MTBC circulants a Catalunya (des. 2021-des. 2023), a partir dels casos amb cultiu positiu (TB pulmonar i extrapulmonar). Els cultius i la informació epidemiològica bàsica s'obté després d'organitzar una xarxa de laboratoris de microbiologia públics i privats de Catalunya que treballen amb micobactèries. La WGS es realitza de manera centralitzada mitjançant la tecnologia d'*Illumina*. Els clústers de transmissió s'identifiquen mitjançant un arbre filogenètic de màxima versemblança a partir de seqüències consens i el càlcul de la distància genètica entre parells de seqüències. Els esdeveniments de transmissió entre parells d'un mateix clúster es classifiquen com a molt recents (0 SNP), recents ( $\leq 5$  SNP), intermedis ( $\leq 10$  SNP) i antics ( $\leq 15$  SNP).

Durant la presentació es descriuen els resultats del primer any i mig d'estudi. En resum, s'ha establert una xarxa de laboratoris amb èxit i la seqüenciació prospectiva i centralitzada ha demostrat ser factible. L'anàlisi de clústers ha identificat 29 agrupacions en el 25,8% dels casos, essent de transmissió recent en el 85% d'aquests. Aquest fet indica una propagació local important. La implementació de la WGS a la vigilància epidemiològica està en curs i permetrà una millor caracterització de la transmissió de la TB i els seus determinants a Catalunya.

## **TÍTOL: La vigilancia genómica de los virus respiratorios. Cómo nos ayuda la NGS en el laboratorio de microbiología para la monitorización de resistencias a los antivirales (virus de la gripe, VRS y SARS-CoV-2)**

**AUTORS: Alejandra González-Sánchez<sup>1,2</sup>, Maria Piñana<sup>1,2</sup>, Cristina Andrés<sup>1,2</sup>, Ignasi Prats Méndez<sup>1,2</sup>, Narcís Saubi<sup>1,2</sup>, Manuel Jesús Iglesias-Cabezas<sup>3</sup>, Juliana Esperalba<sup>3</sup>, Ariadna Rando<sup>3</sup>, Karen García Comuñas<sup>1,2</sup>, María Piquer García<sup>1,2</sup>, Maria Carmen Martín Pérez<sup>1,2</sup>, Aitzar Rodríguez Sant'Ann Jauregui<sup>1,2</sup>, Alisa Davtyan Avetisyan<sup>1,2</sup>, Rodrigo Vásquez Vásquez<sup>1,2</sup>, Maria Arnedo-Muñoz<sup>3</sup>, Tomàs Pumarola<sup>1,2</sup>, Andrés Antón<sup>1,2</sup>**

### **FILIACIONES:**

- <sup>1</sup> Unidad de Virus Respiratorios, Servicio de Microbiología, Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR), Vall d'Hebron Hospital Universitari, Vall d'Hebron Barcelona Hospital Campus, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, España**
- <sup>2</sup> CIBERINFEC, ISCIII-CIBER de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España**
- <sup>3</sup> Servicio de Microbiología, Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR), Vall d'Hebron Hospital Universitari, Vall d'Hebron Barcelona Hospital Campus, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, España**

### **RESUM**

La Next Generation Sequencing (NGS) ha adquirido una gran importancia en microbiología para la vigilancia genómica de los virus respiratorios, especialmente a raíz de la pandemia de SARS-CoV-2, ya que nos permite monitorizar de forma prospectiva la diversidad genética de los virus respiratorios en circulación y correlacionar esta información genética con la incidencia poblacional, la gravedad de las epidemias y la sensibilidad a los antivirales. Para los virus respiratorios, especialmente para los virus de la gripe, el SARS-CoV-2 y el virus respiratorio sincitial (VRS), además de facilitar la clasificación de los virus circulantes, está siendo útil para la detección de virus portadores de mutaciones que confieren resistencia a los tratamientos antivirales disponibles entre los virus en circulación en la comunidad, o bien de forma individual, para monitorizar la selección de virus genéticamente resistentes en poblaciones virales de pacientes en tratamiento antiviral.

Durante los últimos años, la aplicación de esta tecnología en nuestro laboratorio ha permitido reforzar la vigilancia de los virus genéticamente resistentes. Así, hemos podido detectar virus de la gripe con mutaciones asociadas a una sensibilidad reducida a oseltamivir, zanamivir y baloxavir, describir la selección de mutaciones de resistencia a sotrovimab en SARS-CoV-2 detectados en pacientes inmunocomprometidos, y la emergencia de mutaciones en los epítopos de los anticuerpos monoclonales para la inmunoprofilaxis pasiva disponibles para VRS. Disponer de esta información es crucial para conocer el impacto de la evolución viral en la eficacia de las pocas estrategias que tenemos para el control y prevención de la infección. Esta información es esencial para guiar la toma de decisiones en salud pública y mejorar la preparación y respuesta frente a futuras epidemias y pandemias.

## TÍTOL: Caracterització del microbioma intestinal i vaginal de dones amb infecció urinària recurrent.

**Autors:** A.Cruells Gascon <sup>1</sup>, M. Rubio Bueno <sup>1</sup>, L. Mateu Arrom <sup>2,3</sup>, C. Errando-Smet <sup>3</sup>, A. Paytuví-Gallart <sup>4</sup>, W. Sanseverino <sup>4</sup>, N. Luqui Scarcelli <sup>5</sup>, J. López- Contreras <sup>6</sup>, C. Vanrell Barbat <sup>5</sup>, C. Alonso-Tarrés <sup>7</sup>, E. Miro Cardona <sup>1</sup>, F.Navarro Risueño <sup>1</sup>.

### FILIACIONS :

<sup>1</sup> Microbiologia, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Institut de Recerca del'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Universitat Autònoma de Barcelona

<sup>2</sup> Dermatologia, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Institut de Recerca del'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Universitat Autònoma de Barcelona

<sup>3</sup> Unitat d'Urologia Funcional i Femenina, Fundació Puigvert

<sup>4</sup> SequentiaBiotech SL – Barcelona

<sup>5</sup> Ginecologia, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Institut de Recerca de l'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Universitat Autònoma de Barcelona

<sup>6</sup> Unitat de malalties infeccioses, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Institut de Recerca de l'Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Universitat Autònoma de Barcelona

<sup>7</sup> Microbiologia, Fundació Puigvert

## RESUM

Al voltant d'un 50% de les dones patiran una infecció del tracte urinari (ITU) al llarg de la seva vida i un 20% d'aquestes en tindran de forma recurrent (ITUr; dues ITU en 6 mesos o 3 en un any). Aquestes ITUr impliquen una elevada morbiditat per a les pacients i en algun cas es pot complicar amb pielonefritis i bacterièmia. No hi ha tractament específic, i freqüentment es recorre a tractaments amb antimicrobians.

En aquest treball es vol exposar com a possible causa d'aquestes recurrències, una disbiosi tant de la microbiota intestinal com de la vaginal, fent-ne un estudi metagenòmic d'ambdues mostres, vaginal i fecal.

L'estudi inclou 79 dones, 42 amb ITUr. En l'anàlisi de diversitat hem realitzat el càlcul de l'alfa-diversitat (diversitat pròpia de cada mostra), i de la beta-diversitat (la diferència de diversitat entre mostres i grups). En les mostres vaginals hem observat que l'alfa-diversitat en les dones sense ITUr (controls) ha estat inferior que en les dones amb ITUr, al contrari del que s'observa en el microbioma intestinal, on l'alfa-diversitat és menor en les dones amb ITUr que en les control. Pel que fa a la beta-diversitat s'observa que els microbiomes

de les dones amb ITUr són més semblants entre sí que els de les dones control.

En l'anàlisi diferencial s'han detectat diversos microorganismes que estan diferentment representats en el microbioma de cada grup. S'ha observat una major representació de *Pandoraea* i *Odoribacter* en la microbiota intestinal, *Acinetobacter* i *Kytococcus* en la vaginal de les dones sanes (controls), per contra, a les dones amb ITUr s'ha trobat amb més freqüència i abundància *Coralimargarita* en la microbiota intestinal i *Achromobacter*, *Pseudomonas* i *Stenotrophomonas* en la vaginal.

Com a conclusió, podríem dir que les dones amb ITUr presenten una certa disbiosi vaginal i intestinal, detectant-se una alfa-diversitat intestinal menor i una beta-diversitat vaginal major en comparació a les dones sense ITUr. També es detecten alguns microorganismes que podrien actuar com a marcadors de ITUr.

## TÍTOL: Mutagenesis and lateral gene transfer as the molecular basis of reduced phage susceptibility mechanisms

**Autors:** Júlia López Pérez

**FILIACIONS:** Grup de Microbiologia Molecular, Unitat de Microbiologia Campus.

### RESUM

Els bacteriòfags han esdevingut una important alternativa als antimicrobians per lluitar contra les infeccions per bacteris multi-resistents. En aquest estudi s'ha determinat l'emergència de variants bacterianes resistents i/o portadores de mecanismes d'interferència a fags que poden comprometre el seu ús, utilitzant *Salmonella* com a bacteri model, exposat a un còctel dels fags UAB\_Phi20, UAB\_Phi78i UAB\_Phi87 en: a) cultius *in vitro* (LAB), b) rodanxa de pernil cuit (FOOD), i c) teràpia fàgica oral en pollets (PT). En els cultius *in vitro*, el 92% de les variants aïllades a les 24 h van ser resistents als tres fags del còctel, mentre que en FOOD, únicament un 4,3% no eren susceptibles a algun dels fags del còctel als 7 dies de mantenir les rodanxes a 4°C després del tractament fàgic. En PT, el 9,7% i 3,3% el de les variants de pollets no tractats i tractats amb fags, respectivament, van mostrar susceptibilitat reduïda a algun dels fags. Per seqüenciació genòmica d'aïllats representatius es van identificar mutacions en els gens *rfc* i *rfaJ*, involucrats en la síntesi dels receptors (LPS) fàgics, en variants resistents als fags aïllades de LABi FOOD. En les variants de PT, es va observar que les constants d'adsorció dels fags eren molt similars a les de la soca salvatge. Però, es va detectar una disminució significativa de l'eficiència de plaqueig (EOP), eficiència de centres infectius (ECOI) i grandària d'explosió dels fags en aquestes variants. La seqüenciació genòmica va revelar que contenien grans plasmidis conjugatius Inc11 $\alpha$ , adquirits per transferència lateral des de la microbiota intestinal dels pollets, que deuen codificar mecanismes d'interferència amb els fags, probablement en les seves regions hipervariables de 20-30 kb. Tot i així, la mutagènesi i l'adquisició de gens d'interferència per transferència lateral no semblen perjudicar l'èxit de les aplicacions dels fags en biocontrol alimentari i teràpia fàgica oral.



**PÒSTERS JORNADA CIENTÍFICA DGM 14-6-23**

	AUTORS	TÍTOL	UNITAT
1	Marc Gaona, María Pérez-Varela, Jordi Corral, Pilar Cortés, Jordi Barbé and Jesús Aranda	A new MFS efflux pump and its putative regulator are involved in the antimicrobial resistance, virulence and surface-associated motility of <i>Acinetobacter baumannii</i> .	Microbiologia
2	Gutierrez J, L. Rubio, B. Guyot, I. Barguilla, A. Vilacorta, A. Bodelón, R. Marcos, A. Hernández	Long-term effects of PS and PET nanoplastics in lung cell lines	Genètica
3	Martín J, G. Banaei, A. Tavakolpournegari, M. Morataya-Reyes, A. García-Rodríguez, R. Marcos, A. Hernández	Polystyrene nanoplastics: Surface- and size-dependent effects on human primary endothelial cells	Genètica
4	Arribas Arranz J, L. Cozzuto, J. Ponomarenko, R. Marcos, A. Hernández	Deciphering the effects induced by nanoplastics in peripheral blood immune cells	Genètica
5	Banaei G, A. Villacorta, A. Tavakolpournegari, A. Garcia-Rodríguez, J. Martin, R. Marcos, A. Hernández	Studying the effects of nanoplastics derived from teabags in an <i>in vitro</i> model of the intestinal epithelium	Genètica
6	Tavakolpournegari A, B. Annangi, A. Villacorta, G. Banaei, J. Martin, S. Pastor, R. Marcos, A. Hernández	Hazard assessment of different-sized polystyrene nanoplastics in a human B-lymphoblastoid cell line	Genètica
7	Barguilla I, J. Domenech, S. Ballesteros, L. Rubio, R. Marcos, A. Hernández	Long-term exposure to nanoplastics alters molecular and functional traits related to the carcinogenic process	Genètica
8	Rubio L, J. Gutiérrez, A. García-Rodríguez, R. Marcos, A. Hernández	Lung barrier establishment using Calu-3 cell line as an <i>in vitro</i> model to study the pulmonary effects of micro and nanoplastics	Genètica
9	Morataya M, L. Vela, A. Villacorta, T. Venus, S. Pastor, I. Estrela-Lopis, R. Marcos, A. Hernández	Potential effects of <i>in vitro</i> digestion on the physicochemical and biological characteristics of polystyrene nanoplastics	Genètica
10	Villacorta A, L. Rubio, M. Alaraby, M. Lopez-Mesas, V. Fuentes-Cebrian, O.H. Moriones, R. Marcos, A. Hernández	A new source of representative secondary PET nanoplastics. Obtention, characterization, and hazard evaluation	Genètica
11	Annangi B, A. Villacorta, M. López Mesas, V. Fuentes-Cebrian, R. Marcos, A. Hernandez	Hazard assessment of polystyrene nanoplastics in primary human nasal epithelial cells, focusing on the autophagic effects	Genètica
12	P. Herrero-Abadía, Dra. C. Cabrera, Dra. E. Julián	Caracterización de la capacidad inmunoterapéutica de las micobacterias en cáncer vesical en diferentes grupos poblacionales	Microbiologia
13	J. Martín, G. Banaei, A. Tavakolpournegari, M. Morataya-Reyes, A. García-Rodríguez, R. Marcos, A. Hernández	Polystyrene nanoplastics: Surface- and size-dependent effects on human primary endothelial cells	Genètica
14	Indira Bhambi, Antonio Casabella, Marina Alguacil, Gladys Virginia Guedez, Noelia González, Sonia Calzado, Marta Navarro, Sílvia Capilla, Mateu Espasa	Estudio de la sensibilidad a delafloxacino en cepas de <i>Neisseria gonorrhoeae</i>	Parc Taulí

15	Indira Bhambi , Marina Alguacil , Gladys Virginia Guedez , Sílvia Capilla , Antonio Casabella , Natalia García, Ariadna Sánchez , Aina Gomila , Oriol Gasch , Mònica Vidal , Mateu Espasa	Evaluación de la técnica de detección de antígeno de neumococo en orina STANDARD TM F S. pneumoniae Ag FIA para el diagnóstico de la enfermedad neumocócica	Parc Taulí
16	G.V. Guedez López, A. Casabella, M. Alguacil Guillén, S. Capilla, I. Bhambi, A. Marron, M. Pedrosa, V. Pineda, M. Espasa	Impacto de la Pandemia COVID-19 en el Diagnóstico Microbiológico de la Infección por <i>Streptococcus pneumoniae</i>	Parc Taulí
17	Gooya Banaei, Alba García-Rodríguez, Alireza Tavakolpournegari, Juan Martín-Pérez, Aliro Villacorta, Ricard Marcos, Alba Hernández	The release of polylactic acid nanoplastics (PLA-NPLs) from commercial teabags. Obtention, characterization, and hazard effects of true-to-life PLA-NPLs	Genètica
18	Rocabert A, L. Pareras, J. Martín-Pérez, A. Santos, A. Munaylla, A. García-Rodríguez, M. Alaraby, J. Martínez-Urtaza, R. Marcos, A. Hernández	Assessing the usefulness of <i>Drosophila</i> larvae to analyze microbial dysfunction	Genètica
19	Pareras L, A. Rocabert, J. Martín-Pérez, A. Santos, A. Munaylla, A. García-Rodríguez, M. Alaraby, J. Martínez-Urtaza, R. Marcos, A. Hernández	Evaluation of DNA extraction kits to characterize the midgut microbiome of <i>Drosophila</i> larvae	Genètica
20	Ortiz, G., Robles, C., Balsalobre, C., Gaona, M., Conill, P., Pérez-Varela, M., Barbé, J., Campoy, S.	Characterization of the implication of six different iron uptake systems in the virulence of <i>Enterobacter cloacae</i>	Microbiologia
21	Joan L Pons, Marc Bravo, Òscar Conchillo-Solé, Isidre Gibert, Xavier Daura and Daniel Yero	Transcriptomic analysis in mutant strains of the two genetic variants of the DSF-based QS system in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	Microbiologia
22	Luisa Carvalho, Joan L Pons, Òscar Conchillo-Solé, Marc Bravo, Andròmeda-Celeste Gómez, Isidre Gibert, Daniel Yero and Xavier Daura	Assembling a protein phosphorylation map for <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	Microbiologia
23	Marc Bravo, Joan L Pons, Andrea García, Andròmeda-Celeste Gómez, Òscar Conchillo-Solé, Xavier Coves, Pol Huedo, Xavier Daura, Daniel Yero and Isidre Gibert	DSF quorum sensing regulatory cascade in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> coordinates biofilm and motility	Microbiologia
24	Gordo M, Rivera A, Altaba R, de Miniac D, Siguero L, Navarro F	Evaluación del antibiograma rápido de EUCAST para la detección de betalactamasas de espectro extendido en <i>Escherichia coli</i> y de resistencia a meticilina en <i>Staphylococcus aureus</i>	Hospital de la Santa Creu i Sant Pau
25	A. Cruells Gascon, M. Rubio Bueno, L. Mateu Arrom,, A. Paytuví-Gallart, W. Sanseverino, C. Errando-Smet, N. Luqui Scarcelli, J. López-Contreras, C. Vanrell Barbat, C. Alonso-Tarrés, E. Miro Cardona, F. Navarro Risueño	Dysbiosis index of gut and vaginal microbiomes in recurrent urinary tract infection	Hospital de la Santa Creu i Sant Pau

26	Adrià Cruells Gascón, Marc Rubio Bueno, Laura Mateu Arrom, Carlos Errando-Smet, Andreu Paytuví-Gallart, Walter Sanseverino, Nerea Luqui Scarcelli, Joaquim López-Contreras Gonzalez, Cristina Vanrell Barbat, Carles Alonso-Tarrés, Elisenda Miro Cardona, Ferran Navarro Risueño	Caracterización del microbioma intestinal y vaginal en mujeres con infecciones recurrentes de orina	Hospital de la Santa Creu i Sant Pau
27	Diana Carolina Ortega, Heiber Cárdenas, Ranulfo Gonzáles, Guillermo Barreto	Ancestral reconstruction and correlation of the frequencies of the hemoglobin S allele and the Duffy blood group alleles in human populations	Genètica
28	Cristina Amor-Jimenez, Alejandro Arangua, Adrià Mompert, Sònia Casillas i Antonio Barbadilla	PopLife: A Population Genomics Browser across the Tree of Life	Genètica
29	Jordi Manuel Cabrera Gumbau i Jaime Martínez-Urtaza	Machine Learning for predicting Vibrio vulnificus infections in the US	Genètica
30	Ruth Gómez-Graciani, Antonio Barbadilla, Mario Cáceres	The role of recombination in the origin and evolution of human inversions	Genètica
31	Aina Colomer-Vilaplana, Sònia Casillas, Antonio Barbadilla & Leo Speidel	Evaluating Allele Frequency Trajectory and Selection Coefficient Estimates from Genealogies	Genètica
32	Noah Jornet, Antonio Barbadilla, Oscar Lao i Sònia Casillas	Detecting genetic variation patterns in simulated altruism populations using deep Learning	Genètica
33	Iris Sarmiento, Andrés Santos, Lourdes Lobato, Oscar Cabezón, Jaime Martínez-Urtaza	Nanopore sequencing of RdRp gene used as a marker for characterization of coronaviruses present in bat samples	Genètica