



## V JORNADES DE BIO-RECERCA

Sala de Graus, Facultat de Biociències

**3 – 6 de juny de 2019**

Horari: 9:00 – 18:00h

Universitat Autònoma de Barcelona

**Bioquímica i Biologia Molecular**

**3-juny**

**Biología Animal, Biología Vegetal i Ecología**

**4-juny**

**Biología Cel·lular, Fisiología i Immunología**

**5-juny**

**Genètica i Microbiologia**

**6-juny**

Dilluns 3 de juny, 12.00h

Conferència Inaugural, Sala d'Actes

**TISSUE-SPECIFIC AND TIME-  
DEPENDENT MECHANISMS OF  
METASTASIS**

**Dr. Roger Gomis**

*ICREA Research Professor*

*Institut de Recerca Biomèdica (IRB)*

Dijous 6 de juny, 12.00h

Conferència de Cloenda, Sala d'Actes

**¿Y SI LOS ELEMENTOS MÓVILES  
BACTERIANOS NO FUERAN MÓVILES?**

**Prof. José R. Penadés**

*Institute of Infection, Immunity &*

*Inflammation, University of Glasgow, UK*

**A50**

**bIO**  
10 anys Facultat de Biociències

**VII JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA, 6 JUNY 2019**

9:00	Inauguració i presentació	Dr. Noel Xamena - Director del Departament de Genètica i de Microbiologia
	Primera sessió d'exposicions orals	Moderador: Dr. Ricard Marcos
9:15	Sulfonamide-based diffusible signal factor analogs interfere with quorum sensing in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> and <i>Burkholderia cepacia</i>	Pol Huedo Moreno <i>Microbiologia / Campus</i>
9:35	Potential health impact of environmental nanoplastics.	Alba Hernández Bonilla <i>Genètica</i>
9:55	Origin of the mobile DHPS genes conferring sulfonamide resistance	Miquel Sánchez Osuna <i>Microbiologia / Campus</i>
10:15	Comparing and applying four MKT methods to detect and quantify natural selection at the genome level.	Jesús Murga Moreno <i>Genètica</i>
10:35	Noves estratègies diagnòstiques per accedir a poblacions claus i caracteritzar l'epidèmia de l'hèpatitis C.	Elisa Martró Català <i>Microbiologia / Medicina</i>
10:55	<b>Coffee Break + Pòsters + Expositors+ Concurs pastissos</b>	
11:35	Aplicación de la secuenciación de nueva generación en la vigilancia de la infección relacionada con la asistencia sanitaria (IRAS) por bacterias multirresistentes.	Albert Moreno Mingorance <i>Microbiologia / Medicina</i>
11:55	Reposición de fàrmacs en anemia de Fanconi.	Jordi Surrallés <i>Genètica</i>
12:15	Cloenda de les Jornades UABio	Dr. Javier Lafuente - Vicerector d'Innovació i de Projectes Estratègics Dr. Jaume Farrés - Degà Facultat Biociències Dr. Noel Xamena - Director del Departament de Genètica i de Microbiologia
12:30	<b>Conferenciant convidat: Dr. José R. Penadés</b> <b>Institute of Infection, Immunity &amp; Inflammation. University of Glasgow, UK</b> <b>"¿Y si los elementos móviles bacterianos no fuesen móviles?"</b> <b>Presentat pel Dr. Jordi Barbé</b>	
13:45	<b>Dinar + Pòsters + Expositors</b>	
	Segona sessió d'exposicions orals	Moderadora: Dra. Esther Julián
15:00	Study of the tuberculosis lesions obtained in therapeutical surgery (SH-TBL)	Albert Despuig <i>Microbiologia / Medicina</i>
15:20	Controlling the assembling process of histidine-rich protein materials through divalent cations.	Héctor López Laguna <i>Microbiologia / Campus</i>
15:40	Mapping natural selection through the <i>Drosophila melanogaster</i> life cycle.	Marta Coronado Zamora <i>Genètica</i>
16:00	Fast phage detection and quantification: an optical density-based approach.	Denis Rajnovic <i>Microbiologia / Campus</i>
16:20	Amperometric biosensor for rapid detection of <i>Legionella pneumophila</i> in water.	Josune Jiménez Ezenarro <i>Microbiologia / Campus</i>
16:40	Avaluació de la seguretat i toxicitat de micobacteris no patògens en dos models animals.	Marc Bach Griera <i>Microbiologia / Campus</i>
17:00	<b>Fi de la Jornada</b>	



**UAB** Universitat Autònoma  
de Barcelona



VII JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE  
GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA, 6-6-2019

AMB EL PATROCINI DE:



## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

### **TÍTOL:**

Sulfonamide-based diffusible signal factor analogs interfere with quorum sensing in *Stenotrophomonas maltophilia* and *Burkholderia cepacia*

### **Autors:**

Pol Huedo<sup>1,2</sup>, Vydyula P. Kumar<sup>3,4</sup>, Conor Horgan<sup>3,4</sup>, Daniel Yero<sup>1,2</sup>, Xavier Daura<sup>1,5</sup>, Isidre Gibert<sup>1,2#</sup> and Timothy P. O'Sullivan<sup>3,4,6#</sup>.

### **AFILIACIONS :**

<sup>1</sup>Institut de Biotecnologia i de Biomedicina, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain; <sup>2</sup>Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain; <sup>3</sup>School of Chemistry, University College Cork, Cork, Ireland; <sup>4</sup>Analytical and Biological Chemistry Research Facility, University College Cork, Cork, Ireland; <sup>5</sup>Catalan Institution for Research and Advanced Studies, Barcelona, Spain; <sup>6</sup>School of Pharmacy, University College Cork, Cork, Ireland.

### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 11):**

*Stenotrophomonas maltophilia* (*Sm*) and *Burkholderia cepacia* (*Bc*) are two gram-negative bacterial pathogens causing nosocomial and cystic fibrosis infections. Although not being closely related, both bacteria share important common features. Typically, strains of these pathogens are multi-drug resistant (MDR) and are excellent biofilm producers on biotic and abiotic surfaces such as medical devices, further complicating antimicrobial treatment. These crucial phenotypes, in addition to microbial virulence, are both controlled by similar quorum sensing (QS) systems from the DSF (diffusible signal factor) family. *Sm* communicates through the canonical DSF (*cis*-11-methyl-2-dodecanoic acid), whereas *Bc* uses BDSF (*cis*-2-dodecanoic acid).

Interfering with DSF QS communication may, therefore, represent an alternative approach in combatting such difficult-to-treat infections. Accordingly, in this study we have designed and synthesized a series of DSF and BDSF derivatives containing various bioisosteric sulfonamides in place of the original carboxylic acid group. We have subsequently tested these analogues against the major phenotypes regulated by QS that are of clinical interest.

Our results demonstrate that two of our compounds display significant antibiofilm activity. The majority of our molecules increase the action of the last-resort antibiotic colistin against *Sm* and *Bc* isolates both *in vitro* and *in vivo* using the *Galleria*

*mellonella* infection model. Furthermore, 7 of the 8 sulfonamides derivatives inhibit DSF synthesis in the *Sm* K279a strain using a novel bioassay approach. Finally, none of the series exhibit toxicity to the human kidney cell line HK-2.

Overall, our results support the strategy of interfering with QS communications to combat MDR pathogens, and lay the foundations for future studies focused on designing novel and more effective QS inhibitors against DSF-sensitive pathogens.

**RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA  
DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

**IMPACTO EN LA SALUD DE LOS MICRO Y NANOPLÁSTICOS  
PRESENTES EN EL AMBIENTE**

Josefa Domenech<sup>1</sup>, Constanza Cortés<sup>1</sup>, Sandra Ballesteros<sup>1</sup>, Ricard Marcos<sup>1,2</sup>, Alba Hernández<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>*Grup de Mutagènesi, Departament de Genètica i de Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Spain;* <sup>2</sup>*CIBER Epidemiología y Salud Pública, ISCIII, Spain.*

Los contaminantes plásticos se consideran un problema ambiental importante debido a su volumen y persistencia. Aunque la alarma por la presencia de plásticos se centró inicialmente en la contaminación del agua (principalmente marina), estudios recientes han demostrado que su presencia es ubicua, ya que también se encuentran en matrices de otros ecosistemas. En consecuencia, los seres humanos estamos en riesgo de padecer problemas de salud derivados de la exposición a plásticos con los que diariamente entramos en contacto a través del aire, el agua y los alimentos, por mencionar las fuentes de exposición mayoritarias.

En el medio ambiente, los plásticos sufren una degradación constante que lleva a su transformación en micro y nanoplásticos (MNP). Potencialmente, el menor tamaño de los MNP les facilitaría poder cruzar las barreras del organismo, como la barrera gastrointestinal, e interaccionar con distintos órganos y tejidos, pudiendo generar efectos negativos en la salud de los individuos expuestos. Así pues, el objetivo del presente trabajo es el de evaluar los efectos tóxicos y genotóxicos que produce el poliestireno, uno de los polímeros sintéticos más abundantes en el medio ambiente, en las células del epitelio intestinal Caco-2. Para ello, se ha utilizado poliestireno en su forma nanoparticulada (nPS), y con o sin marca fluorescente, y se han medido diferentes biomarcadores de efecto,

incluyendo la citotoxicidad, el incremento de especies reactivas de oxígeno, la genotoxicidad, el daño oxidativo en el DNA y cambios en la expresión de genes relacionados con el estrés celular. Nuestros resultados indican que el nPS es fácilmente internalizado en las células Caco-2 de forma concentración dependiente, pero que no produce efectos tóxicos o genotóxicos relevantes bajo nuestras condiciones de exposición.

## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

### **TÍTOL:**

Origin of the mobile DHPS genes conferring sulfonamide resistance

### **AUTORS:**

Miquel Sánchez-Osuna<sup>1</sup>, Pilar Cortés<sup>1</sup>, Jordi Barbé<sup>1</sup>, Ivan Erill<sup>2</sup>

### **FILIACIONS:**

<sup>1</sup>Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona

<sup>2</sup>Department of Biological Sciences, University of Maryland Baltimore County

### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14):**

Resistance to antibiotics and chemotherapeutic agents can be acquired through mutation or via the acquisition of resistance determinants through lateral gene transfer. It is widely accepted that antibiotic resistance genes originate from homologs in either the microbes that naturally produce the antibiotics or their competitors, and that the commercial introduction of antibiotics set the stage for the rapid selection and proliferation of resistant strains.

The origin of resistance against chemotherapeutic agents, such as sulfonamides, is harder to elucidate. Since these were designed *in vitro*, it seems unlikely that genes conferring resistance existed before their introduction. Sulfonamides are chemotherapeutic agents that act as inhibitors of the di-hydro-pteroate synthase (encoded by *folP* gene), leading to growth arrest. Sulfonamides were developed in the 1930's, and resistance via chromosomal mutations was reported in

the 1940's. In the early 1970's, plasmid-borne *sul* genes encoding alternative sulfonamide-resistant DHPS enzymes were described.

The presence of a Sul motif associated with *sul*-encoded proteins in chromosomal *fo/P* and the results of molecular Bayesian phylogeny, indicated that the chromosomal origin of the clinical *sul* genes were the *Rhodobiaceae* and the *Leptospiraceae* families. Broth microdilution revealed that these chromosomally-encoded *fo/P* genes confer resistance to sulfonamides. These results indicate that the emergence of the Sul motif in chromosomally encoded FolP proteins is ancient and considerably predates the clinical introduction of sulfonamides. Thus, genes conferring resistance to synthetic chemotherapeutic antimicrobials are available in the microbial pangenome, and its dissemination can take place in short time upon the clinical introduction of these synthetic compounds.

**RESUM PRESENTACION ORAL JORNADA DE RECERCA DEL  
DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

**TÍTOL:** Comparing and applying four MKT methods to detect and quantify natural selection at the genome level.

**Autors:** Marta Coronado-Zamora, Jesús Murga-Moreno, Sergi Hervás, Sònia Casillas and Antonio Barbadilla

**FILIACIONS :** Institut de Biotecnologia i de Biomedicina and Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Barcelona, Spain.

**RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, mida 14 ):**

One of the most striking evidence of the power of natural selection is the characteristic footprints that it leaves on the patterns of genetic variation. The McDonald and Kreitman test (MKT) is one powerful and robust methods to detect the action of natural selection at the molecular level. MKT can detect the action of recurrent positive selection by analyzing polymorphism and divergence data altogether. The main drawback of MKT is that it assumes that only neutral mutations contribute to polymorphism, but weak negative selection abounds in genomes, biasing downward the estimated adaptation values. Several methodological MKT extensions have attempted to correct for this bias by taking into account slightly deleterious polymorphism. Here, we perform a comparison of four different MKT methods: (i) the standard (original) MKT; (ii) the Fay Wickoff and Wu correction; (iii) the Extended MKT and (iv) the asymptotic MKT. Two population genomic data, real and simulated, are used to assess their performance for different datasets and evolutionary scenarios. We test several conditions including gene-to-gene vs gene concatenating analysis, and recombination effect to assess the power and bias of selection estimates of the different MKT methods. Furthermore, we developed the *integrative McDonald and Kreitman test*(iMKT), a web-based service performing the four MKT methods. iMKT allows the detection and estimation of four selection regimes (adaptive, neutral, strongly deleterious and weakly deleterious). User's own population genomic data, and pre-loaded *D. melanogaster* and human

sequences of protein-coding genes for 16 and 26 populations, respectively, can be analyzed. iMKT is a comprehensive reference site for the study of protein adaptation in massive population genomics datasets, especially in *Drosophila* and humans.

## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

### **TÍTOL: Noves estratègies diagnòstiques per accedir a poblacions clau i caracteritzar l'epidèmia de l/hepatitis C**

#### **Autors:**

Saludes V<sup>1,2</sup>, Antuori A<sup>1</sup>, González-Gómez S<sup>1</sup>, Matas L<sup>1,2</sup> i Martró E<sup>1,2\*</sup>, en nom dels Grups d'Estudi HepCdetect I, HepCdetect II i HepC-link.

Grup d'Estudi HepCdetect I: Folch C<sup>2,3</sup>, Morales-Carmona A<sup>4</sup>, Ferrer L<sup>2,3</sup>, Fernàndez-López L<sup>2,3</sup>, Muñoz R<sup>3</sup>, Loureiro E<sup>2,3</sup>, Fernández-Dávila P<sup>3,4</sup>, Bascuñana E<sup>2</sup>, Casabona J<sup>2,3</sup>.

Grup d'Estudi HepCdetect II: Folch C<sup>2,3</sup>, Reyes-Urueña J<sup>2,3</sup>, Casabona J<sup>2,3</sup>, Ibáñez N<sup>5</sup>, Majó X<sup>5</sup>, Gasulla L<sup>5</sup>, Colom J<sup>5</sup>, González N<sup>6</sup>, Cebrián S<sup>7</sup>, Minguell J<sup>8</sup>, Remírez A<sup>9</sup>, Muñoz R<sup>3</sup>, González V<sup>2,3</sup>, Hernández J<sup>1</sup>.

Grup d'Estudi HepC-link: Ferrer L<sup>2,3</sup>, Reyes-Urueña J<sup>2,3</sup>, Casabona J<sup>2,3</sup>, Gómez J<sup>10</sup>, Ouaarab J<sup>10</sup>, Rafi T<sup>10</sup>, Borrás B<sup>10</sup>, Treviño MB<sup>10</sup>, Buti M<sup>11</sup>, Riveiro M<sup>11</sup>, Esteban R<sup>11</sup>.

#### **AFILIACIONS :**

<sup>1</sup> Servei de Microbiologia, Laboratori Clínic Metropolitana Nord, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Institut d'Investigació Germans Trias i Pujol (IGTP), Universitat Autònoma de Barcelona, Badalona.

<sup>2</sup> Consorcio de Investigación Biomédica en Red de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Instituto de Salud Carlos III, Madrid.

<sup>3</sup> Centre d'Estudis Epidemiològics sobre les ITS i la Sida de Catalunya (CEEISCAT), Agència de Salut Pública de Catalunya (ASPCAT).

<sup>4</sup> Departamento de Investigación, Stop Sida, Barcelona.

<sup>5</sup> Agència de Salut Pública de Catalunya, Barcelona.

<sup>6</sup> Sub-direcció general de Drogodependències, Agència de Salut Pública de Catalunya (ASPCAT), Barcelona.

<sup>6</sup> El Local, Fundació IPPS, Sant Adrià del Besòs.

<sup>7</sup>AIDE ONG, Terrassa, Barcelona, Spain.

<sup>8</sup> Fundació AMBIT Prevenció, Gavà i El Prat de Llobregat.

<sup>9</sup> AEC GRIS Fundació Privada, L'Hospitalet de Llobregat.

<sup>10</sup> Unitat de Salut Internacional Vall Hebrón-Drassanes, Barcelona.

<sup>11</sup> Servei d'Hepatologia, Hospital Universitari Vall Hebrón, Barcelona.

#### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14 ):**

**Introducció i objectius:** El 2016 la OMS va aprovar una estratègia global per a l'eliminació de les hepatitis víriques com a problema de salut pública l'any 2030, donat que les hepatitis B i C són les principals causes de cirrosi, carcinoma hepatocel·lular i

trasplantament hepàtic. Entre els principals objectius a assolir, hi ha l'augment de la taxa de diagnòstic al 90% (actualment, 47% a Espanya), i de la taxa de tractament al 80%. No obstant, alguns dels col·lectius més afectats, com les persones que s'injecten drogues (PQID) o els immigrants, tenen un baix accés al sistema sanitari però si que acudeixen sovint a centres comunitaris.

Per tal de millorar el diagnòstic de la infeció activa pel virus de l'hepatitis C (VHC) en l'àmbit comunitari, vam posar a punt i validar una tècnica de detecció de l'ARN del VHC en mostres de sang seca (DBS), que poden ser recollides per personal no sanitari i enviades al laboratori a temperatura ambient. Hem utilitzat aquesta tècnica per cribiar homes que tenen sexe amb homes i treballadors sexuals (Projecte HepCdetect I), PQID (Projecte HepCdetect II), i immigrants de països endèmics (Projecte HepC-link). L'estudi d'aquestes mostres ens ha permès caracteritzar l'epidèmia del VHC en el nostre àmbit, descriuint la prevalença, els determinants i l'ús dels serveis sanitaris en poblacions clau. Així mateix, les mostres de DBS ens han permès realitzar estudis d'epidemiologia molecular en PQID per seqüenciació massiva per tal de poder identificar les noves infeccions per VHC, generant informació útil per a desenvolupar estratègies preventives dirigides a aquells sub-grups de població actualment més involucrats en la transmissió del virus. En conclusió, les mostres de DBS representen una valiosa eina per a facilitar l'accés al diagnòstic de l'hepatitis C per part de col·lectius vulnerables, i també per a caracteritzar i monitoritzar l'epidèmia a nivell local.

## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

**TÍTOL:** Aplicación de la secuenciación de nueva generación en la vigilancia de la infección relacionada con la asistencia sanitaria (IRAS) por bacterias multirresistentes.

**Autors:** Juan José González-López<sup>1</sup>, Albert Moreno-Mingorance<sup>1</sup>, Mireia Rajadell<sup>1</sup>, Joaquín López-Contreras<sup>2</sup>, Belén Viñado<sup>1</sup>, Alba Rivera<sup>2</sup>, Carmen Ferrer<sup>1</sup>, Eduardo Padilla<sup>3</sup>, José Ángel Rodrigo<sup>1</sup>, Engracia Fernández-Piqueras<sup>2</sup>, Marta Rodriguez<sup>1</sup>, Juan Pablo Horcajada<sup>4</sup>, María Pérez-Vázquez<sup>5</sup>, Luis Salas<sup>1</sup>, Àngels Cotura<sup>2</sup>, Anna Fàbrega<sup>1</sup>, Elisenda Miró<sup>2</sup>, Jesús Oteo-Iglesias<sup>5</sup>, Ferran Navarro<sup>2</sup>, Benito Almirante<sup>1</sup>, M. Nieves Larrosa<sup>1</sup>

### **FILIACIONS :**

1 Hospital Universitari Vall d'Hebrón

2 Hospital de la Santa Creu i Sant Pau

3 Laboratori de Referència de Catalunya

4 Hospital del Mar, Barcelona

5 Laboratorio de Resistencia a Antibióticos, Centro Nacional de Microbiología, ISCIII, Madrid

### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14):**

Para la prevención de las infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria (IRAS) producidas por bacterias multirresistentes (MR), las guías recomiendan implementar una serie de medidas de precauciones estándar y de contacto. A pesar de que estas medidas han demostrado ser útiles para contener y erradicar epidemias o brotes, llevan una menor calidad de la atención del paciente, un impacto negativo en su recuperación, el bloqueo de camas

hospitalarias y un aumento del coste de la hospitalización. En condiciones de endemia, no existen evidencias claras de que la aplicación de estas medidas siga siendo necesaria. Actualmente, el uso de las técnicas de secuenciación de genomas completos (WGS) permite conocer el origen y las vías de transmisión de un determinado agente infeccioso. En el presente trabajo se evalua la utilidad de la WGS para la monitorización de la dinámica de clones circulantes en las instituciones sanitarias y el control de su transmisión, con el objetivo de establecer nuevas estrategias para el control de IRAS por bacterias MR. Para ello, se han monitorizado la transmisión de bacterias MR colonizantes e infectantes en unidades de bajo riesgo de tres hospitales durante una fase observacional y se han identificado los clones circulantes así como sus mecanismos de resistencia. Esto servirá como punto de partida para iniciar la fase de intervención en la que se dejarán de aplicar de manera sistemática las precauciones de contacto y manteniendo las precauciones estándar, lo que finalmente permitirá establecer nuevas estrategias dirigidas o “personalizadas” de control de la colonización e infección por bacterias MR basadas en la WGS en el control del IRAS.

**RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA  
DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

**TÍTOL:** Drug repurposing in Fanconi anemia

**Autors:** Helena Montanuy<sup>1</sup>, Águeda Martínez-Barriocanal<sup>4</sup>, José Antonio Casado<sup>6</sup>, Llorenç Rovirosa<sup>1</sup>, Maria José Ramírez<sup>1</sup>, Rocío Nieto<sup>4</sup>, Carlos Carrascoso<sup>6</sup>, Pau Riera<sup>3</sup>, Jordi Carreras<sup>5</sup>, Thomas Helleday<sup>5</sup>, Juan Bueren<sup>6</sup>, Diego Arango<sup>4</sup>, Jordi Minguillón<sup>1</sup>, Jordi Surrallés<sup>1,2,3</sup>

**FILIACIONS :**

<sup>1</sup> Department of Genetics and Microbiology. Universitat Autònoma de Barcelona. Barcelona, Spain.

<sup>2</sup> Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades raras, Barcelona, Spain.

<sup>3</sup> Genetics Department and Biomedical Research Institute, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Barcelona, Spain.

<sup>4</sup> Group of Biomedical Research in Digestive Tract Tumors, CIBBIM-Nanomedicine, Vall d'Hebron Research Institute (VHIR), Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Barcelona, Spain.

<sup>5</sup> Division of Translational Medicine and Chemical Biology, Science for Life Laboratory, Department of Molecular Biochemistry and Biophysics, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden.

<sup>6</sup>Division of Hematopoietic Innovative Therapies, Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas, Madrid, Spain.

**RESUM:**

Fanconi anemia (FA) is a rare genetic disease characterized by bone marrow failure and a high predisposition to solid tumors, especially head and neck squamous cell carcinoma (HNSCC). FA is caused by mutations in any of the 22 FANC genes described so far,

which encode for proteins involved in interstrand-crosslink DNA repair. FA patients with HNSCC are not eligible for conventional chemotherapy or radiotherapy due to high toxicity in healthy cells, predominantly hematotoxicity. Accordingly, no effective anti-tumoral treatment is available for FA patients beyond surgical resection. We conducted a high-content screening of 3,800 drugs in a FANCA-deficient tumor cell line to identify non-genotoxic drugs with cytotoxic/cytostatic activity. We identified several FDA/EMA-approved anticancer drugs, leading to cancer-specific lethality or cell growth inhibition in FA HNSCC cell lines. The two best candidates were gefitinib and afatinib, EGFR inhibitors approved for non-small-cell lung carcinoma (NSCLC). At therapeutic concentrations, neither gefitinib nor afatinib activated the FA signaling pathway and did not induce chromosomal fragility in FA cell lines. More importantly, both gefitinib and afatinib inhibited tumor growth in xenograft experiments in immunodeficient mice using two FA-patient derived HNSCCs. Finally, *in vivo* toxicity studies in Fanca-deficient mice showed that administration of gefitinib or afatinib was well-tolerated, displayed manageable side-effects and no toxicity to bone marrow progenitors or hematological parameters. Our data present a complete preclinical analysis and promising therapeutic line of the first FDA/EMA anticancer drugs exerting cancer specific toxicity for HNSCC in FA patients.

## RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19

**TÍTOL:** Estudi de les lesions tuberculoses obtingudes després de cirurgia terapèutica (SH-TBL).

**Autors:** Albert Despuig i Busquet<sup>1,2</sup>, Asimakis Avramopoulos<sup>1</sup>, Dominic Habgood-Coote<sup>3</sup>, Zaira García Alcázar<sup>1</sup>, Eric García Aguilera<sup>1</sup>, Sergo Vashakidze<sup>4</sup>, Shota Gogishvili<sup>4</sup>, Keti Nikolaishvili<sup>4</sup>, Natalia Shubladze<sup>4</sup>, Zaza Avaliani<sup>4</sup>, Nestan Tukvadze<sup>4</sup>, Maria Rosa Sarrias i Fornes<sup>5,6</sup>, Myrsini Kaforou<sup>3</sup>, Cristina Vilaplana i Massaguer<sup>1,2\*</sup>.

**FILIACIONS:** <sup>1</sup>Experimental Tuberculosis Unit (UTE). Fundació Institut Germans Trias i Pujol (IGTP). Universitat Autònoma de Barcelona (UAB). Edifici Laboratoris de Recerca. Can Ruti Campus. Crtra. de Can Ruti, Camí de les Escoles, s/n. 08916, Badalona; Catalonia; Spain. <sup>2</sup>Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Respiratorias (CIBERES). Av. Monforte de Lemos, 3-5. Pabellón 11. Planta 0. 28029, Madrid, Spain. <sup>3</sup>Division of Infectious Diseases, Department of Medicine, Imperial College London, Norfolk Place, London W2 1PG, UK. <sup>4</sup>National Center for Tuberculosis and Lung Diseases (NCTLD). 50, Maruashvili Str. 0101 Tbilisi, Georgia. <sup>5</sup>Innate Immunity Group. Fundació Institut Germans Trias i Pujol (IGTP). Can Ruti Campus, Edifici Muntanya. Crtra. de Can Ruti, Camí de les Escoles, s/n. 08916, Badalona; Catalonia; Spain. <sup>6</sup>Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Hepáticas y Digestivas (CIBEREhD). Av. Monforte de Lemos, 3-5. Pabellón 11. Planta 0. 28029, Madrid, Spain.

### RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14):

**Introducció:** La tuberculosi (TB) és la malaltia infecciosa més mortífera del món, i a dia d'avui encara no n'existeixen biomarcadors validats. **Objectius:** Amb l'estudi SH-TBL (ClinicalTrials NCT02715271) es pretén explicar els mecanismes subjacents al curs de la TB pulmonar, i trobar biomarcadors que reflexin i prediguin el pronòstic. **Mètodes:** S'han inclòs 40 pacients sotmesos a cirurgia terapèutica per la seva TB, aparellats per sexe i patró de sensibilitat a fàrmacs. Es varen obtenir mostres de sang total, plasma i orina abans de la cirurgia i a l'alta hospitalària per a anàlisi de nivells plasmàtics de citocines, quimocines, proteïnes inflamatòries i de resposta innata mitjançant ELISA i Luminex. Durant la cirurgia també es van prendre mostres de lesió tuberculosa per a anàlisi transcriptòmic. Els resultats de l'estudi de proteïnes circulants s'està analitzant amb les característiques clíniques i amb característiques macroscòpiques i microbiològiques del granuloma tuberculós. L'anàlisi transcriptòmic de mostres de les lesions operades i de sang de 14 pacients s'han fet mitjançant RNA-seq. S'ha generat un perfil transcriptòmic del granuloma tuberculós i de sang i a dia d'avui s'està fent un anàlisi comparatiu d'expressió genètica amb altres perfils transcriptòmics públics relacionats amb severitat. **Resultats:** Els resultats preliminars suggereixen que el perfil proteòmic dels malalts tuberculosos és diferent segons les seves característiques i les de les

lesions. S'ha pogut identificar un perfil transcriptòmic únic pel granuloma, demostrant que aquest s'organitza espacialment, i a dia d'avui estem acabant l'anàlisi. **Conclusions:** Els biomarcadors proteòmics i transcriptòmics identificats, un cop validats, podrien fer-se servir com a indicadors pronòstics en el maneig clínic de la malaltia.

## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

### **TÍTOL:**

Controlling the assembling process of histidine-rich protein materials through divalent cations

### **Autors:**

Hèctor López-Laguna <sup>a,b</sup>, Ugutz Unzueta <sup>b,c,d</sup>, Oscar Conchillo-Solé <sup>a</sup>, Alejandro Sánchez-Chardi <sup>e</sup>, Mireia Pesarrodona <sup>a,b,c</sup>, Olivia Cano-Garrido <sup>a,b</sup>, Eric Voltà <sup>a,b</sup>, Laura Sánchez-García <sup>a,b,c</sup>, Naroa Serna <sup>a,b,c</sup>, Paolo Saccardo <sup>a,c,f</sup>, Ramón Mangues <sup>c,d</sup>, Antonio Villaverde <sup>a,b,c</sup>, Esther Vázquez <sup>a,b,c</sup>

### **FILIACIONS:**

<sup>a</sup> Institut de Biotecnologia i de Biomedicina, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193 Barcelona, Spain

<sup>b</sup> Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193 Barcelona, Spain

<sup>c</sup> CIBER de Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina (CIBER-BBN), C/ Monforte de Lemos 3-5, 28029 Madrid, Spain

<sup>d</sup> Institut d'Investigacions Biomèdiques Sant Pau, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, 08025 Barcelona, Spain

<sup>e</sup> Servei de Microscòpia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193 Barcelona, Spain

<sup>f</sup> Plataforma de Producción de Proteínas, CIBER de Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina (CIBER-BBN) and Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, 08193 Cerdanyola del Vallès, Spain

### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14):**

Nanostructured protein materials show exciting biomedical applications, since both structure and function can be genetically programmed by advanced protein engineering. Self-assembling histidine-rich proteins benefit from functional plasticity that allows the generation of protein-only nanoparticles (as T22-GFP-H6) for cell

targeted drug delivery. However, the rational development of constructs with improved functions is limited by a poor control of the oligomerization process. By exploring cross-interactions between histidine-tagged building blocks, we have identified a critical role of divalent cations, being a powerful biochemical tool to refine and manipulate the architectonic properties of protein-only nanoparticles with high biomedical interest in protein drug delivery.

## RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19

**TÍTOL:** Mapping natural selection through the *Drosophila melanogaster* life cycle

**AUTORS:** Marta Coronado-Zamora<sup>1</sup>, Irepan Salvador-Martínez<sup>2,4</sup>, David Castellano<sup>5</sup>, Antonio Barbadilla<sup>1</sup> and Isaac Salazar-Ciudad<sup>1,2,3</sup>

**FILIACIONS:** <sup>1</sup>Genomics, Bioinformatics and Evolution. Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, 08193, Spain. <sup>2</sup>Evo-Devo Helsinki Community, Centre of Excellence in Experimental and Computational Developmental Biology, Institute of Biotechnology, University of Helsinki, Helsinki, 00014, Finland. <sup>3</sup>Centre de Recerca Matemàtica, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, 08193, Spain. <sup>4</sup>Department of Genetics, Evolution and Environment. University College London, WC1E6BT, United Kingdom. <sup>5</sup>Bioinformatics Research Center, Aarhus University, Aarhus C, 8000, Denmark

**RESUM:** In contrast to the genome of an organism, the transcriptome is a phenotype that varies during the lifetime and across different body parts. Studying a developmental transcriptome from a population genomic and spatio-temporal perspective is a promising approach to understand the genetic and developmental basis of the phenotypic change. We have carried out two different studies integrating patterns of genomic diversity with multiomics layers across development in time and space. In the first study, we give a global perspective on how natural selection acts during the whole life cycle of *D. melanogaster*. In the second study, we draw an exhaustive map of selection acting on the complete embryo anatomy of *D. melanogaster*. Taking all together, our results show that genes expressed in mid- and late-embryonic development stages exhibit the highest sequence conservation and the most complex structure: they are larger, contain more exons and longer introns and encode a large number of isoforms. Selective constraint is pervasive, particularly on the digestive and nervous systems. On the other hand, earlier stages of embryonic development are the most divergent, which seems to be due to the diminished efficiency of natural selection on maternal-effect genes. Additionally, genes expressed in these first stages have on average the shortest introns, probably due to the need for a rapid and efficient expression during the short cell cycles. Adaptation is found

in structures that are known to be under positive selection in the adult, the immune and reproductive systems. Finally, genes expressed in one or few different anatomical structures are younger and have higher rates of evolution, unlike genes expressed in all or almost all structures. The integration of population genomics with other phenotypic multiomics data is the necessary step to gain a global picture of how adaptation occurs in nature.

## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

### **TÍTOL:**

Fast phage detection and quantification: An optical density-based approach

**Autors:** Denis Rajnovic, Xavier Muñoz-Berbel , Jordi Mas

**FILIACIONS :** UAB, IMB-CNM,CSIC

### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14 ):**

Since 1959 with the proposal of Double Agar Layer (DAL) method for phage detection and quantification, many sophisticated methods have emerged meanwhile. However, many of them are either too complex/expensive or insensitive to replace routine utilization of DAL method in clinical, environmental and industrial environments. For that purpose, we have explored an alternative method for the detection and quantification of bacteriophages that fulfills the criteria of being rapid, simple and inexpensive. In this paper we have developed a method based on the analysis of optical density kinetics in bacterial cultures exposed to phage-containing samples. Although the decrease in optical density caused by cell lysis was one of the first observable consequences of the effect of viral infection in bacterial cultures, the potential of the method for the assessment of phage abundance has never been fully exploited. In this work we carry out a detailed study of optical density kinetics in phageinfected bacterial cultures, as a function of both, phage abundance and initial concentration of the host organisms. In total, 90 different combinations of bacteria/phage concentrations have been used. The data obtained provide valuable information about sensitivity ranges, duration of the assay, percentages of inhibition and type of lysing behavior for each phage concentration. The method described can

detect, as few as 10 phage particles per assay volume after a phage incubation period of 3.5h. The duration of the assay can be shortened to 45min at the expense of losing sensitivity and increasing the limit of detection to  $10^8$  pfu/ ml. Despite using non-sophisticated technology, the method described has shown sensitivity and response time comparable to other high-end methods. The simplicity of the technology and of the analytical steps involved, make the system susceptible of miniaturization and automation for high-throughput applications which can be implemented in routine analysis in many environments.

**RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA  
DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

**TÍTOL:**

**Amperometric biosensor for rapid detection of *Legionella pneumophila* in water**

**Autors:**

J.J.Ezenarro<sup>1,2\*</sup>, N.Párraga-Niño<sup>4</sup>, M.Sabrià<sup>4</sup>, FJ del Campo<sup>3</sup>, J.Mas<sup>1</sup>,  
F.X. Pascual-Muñoz<sup>3</sup>, N.Uria<sup>3\*</sup>

**FILIACIONS :**

<sup>1</sup>*Universitat Autònoma de Barcelona, Departament de Genètica i microbiologia, Cerdanyola, Spain E- 08193*

<sup>2</sup> *Waterologies S.L, C/ Dinamarca, 3 (nave 9), Polígon Industrial Les Comes, Igualada, Spain E- 08700*

<sup>3</sup> *Institut de Microelectrònica de Barcelona, CNM-CSIC, Esfera UAB-CEI, Campus Nord UAB, Bellaterra, Spain E-08193*

<sup>4</sup>*Unitat de Malalties Infeccioses, Fundació Institut de Investigació Germans Trias i Pujol, Badalona, Spain E-08916*

**RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14 ):**

*Legionella* is a pathogenic bacterium, ubiquitous in freshwater environments and able to colonize man-made water systems from which it can be transmitted to humans during outbreaks. Monitoring the presence of *Legionella* in order to prevent outbreak levels requires a fast, low cost, automated and often portable detection system. In the present work, an amperometric immunosensor is developed. A nitrocellulose microfiltration membrane inside a homemade holder is used as support for the water sample concentration and *Legionella*

immunodetection. The horseradish peroxidase enzymatic label of the antibodies permits using the redox substrate 3,3',5,5'-Tetramethylbenzidine to generate current changes proportional to the bacterial concentration present. Carbon screen-printed electrodes are employed to perform the amperometric measurements. Our system reduces the detection time: from the 10 days required by the conventional culture-based methods, to 2-3 h, which could be crucial to avoid outbreaks. Additionally, the sensor shows a linear response ( $R^2$  value of 0.97) between the current changes measured and *Legionella* amount and, being able to detect a range of *Legionella* concentration between  $10^1$  and  $10^5$  cfu · in 200 mL<sup>-1</sup> with a detection limit (LoD) of  $10^2$  cfu · in 200 mL (about 1 cfu · mL<sup>-1</sup>).

## **RESUM PRESENTACIONS ORALS JORNADA DE RECERCA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 6-6-19**

### **TÍTOL:**

**Avaluació de la seguretat i toxicitat de micobacteris no patògens en dos models animals.**

### **Autors:**

<sup>1</sup> Marc Bach-Griera, <sup>1,3</sup> Victor Campo-Pérez, <sup>2</sup> Sara Traserra, <sup>2</sup> Sandra Barbosa, <sup>3</sup> Laura Moya, <sup>1</sup> Sandra Guallar-Garrido, <sup>1</sup> Paula Herrero-Abadía, <sup>1</sup> Marina Luquín, <sup>3</sup> Eduard Torrents , <sup>1</sup> Esther Julián.

### **FILIACIONS :**

<sup>1</sup> Mycobacteria Research Lab, Department of Genetics and Microbiology, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, Building C, 08193 Bellaterra, Barcelona, Spain.

<sup>2</sup> Serveis Integrals de l'Animal de Laboratori (SIAL), Department of Cell Biology, Physiology and Immunology, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, Building V, 08193 Bellaterra, Barcelona, Spain.

<sup>3</sup> Bacterial Infections and Antimicrobial Therapies group, Institute for Bioengineering of Catalonia (IBEC), The Barcelona Institute of Science and Technology, Barcelona 08036, Spain.

### **RESUM (màxim 30 línies amb lletra tipus Arial, tamany 14 ):**

La immunoteràpia per mitjà d'instil·lacions intravesicals del *Mycobacterium bovis* BCG (BCG) representa el tractament d'elecció en pacients diagnosticats amb càncer de bufeta no múscul-invasiu, després de la resecció del tumor. No obstant, les instil·lacions de BCG ocasionen efectes adversos en aproximadament el 50% dels pacients tractats. La recerca d'alternatives a BCG, ha conduït al descobriment de la capacitat inmunoestimuladora i antitumoral del *Mycobacterium brumae*, que es postula com a possible alternativa al BCG. Tot i que no s'han descrit infeccions degudes al *M. brumae*, no s'han fet estudis per a demostrar la seva seguretat i/o toxicitat.

En el present estudi es va avaluar la seguretat i/o toxicitat del *M. brumae* en dos models animals, comparat amb el BCG. S'infectaren ratolins SCID per via intravenosa i larves de *Galleria mellonella*, dels que es va fer un seguiment durant 105 i 6 dies, respectivament. Al final de l'estudi s'avaluà la presència de micobacteris en fetge, melsa i pulmó dels ratolins, i en l'hemolimfa de les larves. Alhora es realitzà un ampli аналisis de paràmetres bioquímics i hematològics en sang, i un estudi histopatològic de diversos teixits dels ratolins infectats.

Els resultats van mostrar una supervivència del 100% en ratolins i del 90% en larves infectats amb el *M. brumae* al final de l'estudi. Contràriament, la supervivència en ratolins infectats amb el BCG no va sobrepassar dels 49 dies i en les larves va caure fins al 42% al final de l'estudi. No s'observà la presència del *M. brumae* en cap òrgan evaluat, mentre que en ambdós models es detectà la presència del BCG. A diferència de l'obtingut en ratolins infectats amb el BCG, no es van observar alteracions hematològiques, bioquímiques o histopatològiques en ratolins infectats amb el *M. brumae*.

Per concloure, els resultats obtinguts demostren que el *M. brumae* és un agent biològic terapèutic segur que no mostra els desavantatges de seguretat i toxicitat que presenta BCG en ambdós models animals.

## PÒSTERS JORNADA CIENTÍFICA DEL DGM 6-6-2019

Número	INFECTIOUS DISEASES AND CLINICAL MICROBIOLOGY GROUP (HOSPITAL TAUÍ)	
1	Antonio Casabella <sup>1</sup> , Isabel Sanfeliu <sup>1</sup> , Silvia Capilla <sup>1</sup> Mateu Espasa <sup>1</sup> , Valenti Pineda <sup>2</sup> , Oriol Gasch <sup>3</sup> , Lluís Falgueras <sup>3</sup> , Dionisia Fontanals <sup>1</sup>	Variación en los serotipos de enfermedad neumocócica invasiva entre 2004 y 2017.
2	Anna Ortuño Romero 1, Immaculada Pons Viñas 2, Isabel Sanfeliu Sala 2, Esperança Anton Nieto 2, Joaquim Castellà Espuny 1, Ferran Segura Porta 3	Estudio epidemiológico de <i>R. conorii</i> y <i>R. massiliae</i> Bar 29 en rumiantes domésticos (vacas, ovejas y cabras) y en garrapatas.

GRUP DE MALALTIES INFECCIOSES I MICROBIOLOGIA CLÍNICA (HOSPITAL DE SANT PAU)		
3	J. Llaberia1, C. Berengua1, F. Navarro1, B. Mirelis1, M. Gurgui2, N. Prim1, 3  1. Servei de Microbiologia. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau . 2. Servei de Malalties Infecciooses. Hospital de la Santa Creu i SantPau. 3. Laboratori de Referència de Catalunya.	Bacteriúria per <i>Staphylococcus aureus</i> com alerta d'infecció invasiva estafilocòccica.
4	C. Berengua1 ,Y. González1 , P. Coll1,2.  1. Servei de Microbiologia. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau. 2. Departament de Genètica i Microbiologia. UAB	COMPARACIÓ DELS RESULTATS OBTINGUTS DEL CULTIU BACTERIOLÒGIC D'ÚLCERES CUTÀNIES RECOLLIDES MITJANÇANT FROTIS SUPERFICIAL AMB TURUNDA O BIÒPSIES CUTÀNIES

GRUP VHIR DE RECERCA DE MICROBIOLOGIA (HOSPITAL VALL HEBRON)		
5	Alba Mir-Cros, Albert Moreno-Mingorance, M. Teresa Martín-Gómez, Gema Codina, Thais Cornejo-Sánchez, Anna Fàbrega, Diego Van Esso, Carlos Rodrigo, Magda Campins, Mireia Jané, Tomàs Pumarola, Juan José González-López.	Emergencia y diseminación de un nuevo linaje de <i>Bordetella parapertussis</i> deficiente en pertactina en Barcelona
6	Albert Moreno-Mingorance, Juan José González-López, Mireia Rajadell, Joaquín López-Contreras, Belén Viñado, Alba Rivera, Carmen Ferrer, Eduardo Padilla, José Ángel Rodrigo, Engracia Fernández-Piqueras, Marta Rodríguez, Juan Pablo Horcajada, María Pérez-Vázquez, Luis Salas, Àngels Cotura, Anna Fàbrega, Elisenda Miró, Jesús Oteo-Iglesias, Ferran Navarro, Benito Almirante, M. Nieves Larrosa.	Aplicación de la secuenciación de genomas completos al estudio de la transmisión de bacterias multirresistentes en unidades de bajo riesgo de dos hospitales terciarios
7	Albert Moreno-Mingorance, Anna Fàbrega, Mireia Rajadell, Elisenda Miró, Milagros Herranz, Jesús Oteo-Iglesias, Engracia Fernández-Piqueras, Benito Almirante, Yannick Hoyos, Alba Rivera, Carmen Ferrer, Cristina González Juanes, Belén Viñado, Juan Pablo-Horcajada, María Pérez-Vázquez, Milagros Montero, José Ángel Rodrigo, Àngels Cotura, Joaquín López-Contreras, M. Nieves Larrosa, Juan José González-López.	Diseminación del linaje emergente <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST307 multirresistente en tres hospitales del área de Barcelona

8	Thais Cornejo Sánchez, Joan Pau Millet Vilanova, Anna de Andrés Aguayo, Lidia Goterris Bonet, Cristina Rius i Gibert, Sara Sabaté Camps, Gabriela Alvarez Vilaplana, Pau Gallés i Clarà , Anna Gómez Gutierrez, Maribel Pasarín Rúa, Elena Sulleiro Igual, Lluïsa Forns Cantón , Mireia Jané i Checa , Tomás Pumarola Suñé, Virginia Rodríguez Garrido	Brote de gastroenteritis aguda (GEA) por Cryptosporidium spp asociado a una fuente de juego pública en Barcelona
9	Piñana M, Galano JJ, Vila J, Nuvials FX, Andres C, Sancho J, Valls M, Maldonado C, Gimferrer L, Esperalba J, Codina MG, Pumarola T, Anton A.	Novel duplications in human metapneumovirus G gene: Are we witnessing the evolution of an immune evasion mechanism?
10	Andrés C, Fernandes P, Piñana M, Gimferrer L, Guasch E, van Esso D, Codina MG, Esperalba J, Martín MC, Fuentes F, Rubio S, Pumarola T, Antón A.	Predominance of nonrecombinant and recombinant CV-A6 related to hand, foot and mouth disease and herpangina at primary care centers (Barcelona, Spain) during the 2017-2018 season
11	Salmerón P., Viñado B., Sánchez J., Alcaráz MJ, Martínez-Macias O., Ferrer I., Sánchez Oliver N., Alcoceba E., Morilla A., Torreblanca A., Serra-Pladevall J.	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> antimicrobial resistance in Spain. Should we keep using azithromycin for empirical treatment?

#### BACTERIAL PATHOGENESIS AND ANTIMICROBIAL GROUP

12	Pol Huedo, Xavier Coves, Daniel Yero, Xavier Daura, Isidre Gibert	Global analysis of the gene expression mediated by AHL and DSF quorum sensing signals in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> reveal key components involved in DSF turnover.
13	Xavier Coves, Pol Huedo, Uwe Mamat, Xavier Daura, Daniel Yero, Isidre Gibert.	Studies on an ABC transport system in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> involved in the maintenance of outer membrane lipid asymmetry.
13	Oscar Conchillo-Solé, Daniel Yero, Isidre Gibert, Xavier Daura.	Acquisition / Loss of Proteins and Mutations: Two Genetic Mechanisms Driving the Evolution of ESKAPE Pathogens in the Same Direction.

#### GRUP DE BIOLOGIA EVOLUTIVA

15	Charikleia Karageorgiou, Rosa Tarrío and Francisco Rodríguez-Trelles.	Long-read based assembly and synteny analysis of a reference <i>Drosophila subobscura</i> genome reveals signatures of structural evolution driven by inversions recombination-suppression effects.
16	Jesús Murga-Moreno, Marta Coronado-Zamora, Alejandra Bodelón, Antonio Barbadilla i Sònia Casillas.	Surveying targets of selection with PopHumanScan.

#### GRUP DE MICROBIOLOGIA AMBIENTAL

17	Denis Rajnovic , Xavier Muñoz-Berbel and Jordi Mas.	Fast phage detection and quantification: an optical density-based approach
18	Anahita Hosseini, Prof. Jordi Mas	Use of bacteriophages as specific lysis reagent for the identification of target bacteria in complex samples.
19	Josune J.Ezenarro, Naroa Uria, Óscar Castillo-Fernández, Noemí Párraga, Miquel Sabrià, Francesc Xavier Muñoz-Pascual	Integration of bacteria concentration and detection immunoassay processes for the development of a rapid and portable biosensor
20	Eduard Villagrasa, Neus Ferrer-Miralles, Laia Millach, Aleix Obiol, Jordi Creus, Isabel Esteve and Antoni Solé	Characterization and identification of a bacterium with high tolerance to chromium (III) isolated from a microalga consortium of Ebro delta microbial mats

#### GRUP DE NANOBIOTECNOLOGIA

21	Laura Sánchez-García, Naroa Serna, Patricia Álamo, Rita Sala, María Virtudes Céspedes, Mònica Roldan, Alejandro Sánchez-Chardi, Ugutz Unzueta, Isolda Casanova, Ramón Mangues, Esther Vázquez, Antonio Villaverde	Therapeutic protein-only nanoparticles as targeted antitumoral drugs
22	Hèctor López-Laguna, Ugutz Unzueta, Oscar Conchillo-Solé, Alejandro Sánchez-Chardi, Mireia Pesarrodona, Olivia Cano-Garrido, Eric Voltà, Laura Sánchez-García, Naroa Serna, Paolo Saccardo, Ramón Mangues, Antonio Villaverde, Esther Vázquez.	Controlling the assembling process of histidine-rich protein materials through divalent cations.
23	Jose Vicente Carratalá, Andrés Cisneros, Paolo Saccardo, Mónica Roldán, Antonio Villaverde, Elena Garcia-Fruitós, Anna Arís, Neus Ferrer-Miralles.	Modifying aggregation propensity of recombinant proteins for inclusion body formation through the selection of aggregation-prone peptides by fluorescence microscopy techniques

#### GRUP HOSPITAL GERMANS TRIAS I PUJOL

24	Adrián Antuori, Vincent Montoya, Verónica Saludes, Jeffrey Joy, Sara González-Gómez S, Cinta Folch, Jordi Casabona, Núria Ibáñez, Joan Colom, Elisa Martró. HepCdetect II Study Group.	Dried blood spots: a useful tool for virologically characterising the hepatitis C virus epidemic.
----	--	---

#### GRUP ESTHER JULIÁN

25	Sandra Guallar-Garrido, Míriam Pérez-Trujillo, Victor Campo-Pérez, Alejandro Sánchez-Chardi, Paula Herrero-Abadía, Marc Bach-Griera, Marina Luquin, Esther Julián.	Each mycobacterium requires particular culture conditions to maximize its immunomodulatory and antitumoral effects.
26	Marc Bach-Griera, Víctor Campo-Pérez, Sara Traserra, Sandra Barbosa, Laura Moya, Sandra Guallar-Garrido, Paula Herrero-Abadía, Marina Luquin, Eduard Torrents, Esther Julián.	Safety and toxicity study of the immunomodulatory agent Mycobacterium brumae in two different animal models.

#### GRUP JORDI SURRELLÉS

27	M. Bogliolo <sup>1</sup> , G. Figlioli <sup>2</sup> , I. Catucci <sup>2</sup> , L. Caleca <sup>2</sup> , S. Viz Lasheras <sup>3</sup> , R. Pujol <sup>1</sup> , J. Kiiski <sup>4</sup> , CIMBA - Consortium of Investigators of Modifiers of BRCA1/2 <sup>5</sup> , BCAC – The Breast Cancer Association Consortium <sup>6</sup> , P. Radice <sup>6</sup> , E. Hahen <sup>7</sup> , F. Couch <sup>8</sup> , H. Nevanlinna <sup>9</sup> , J. Surralles <sup>1,3,10</sup> , P. Peterlongo <sup>2</sup>	BREAST CANCER RISK MAGNITUDE OF FANCM TRUNCATING MUTATIONS DEPENDS ON THEIR GENE POSITION
28	Eudald Tejero Laguna	Development and design of bioinformatics tools for the management, analysis, interpretation, exploitation and control of biomedical NGS data.

#### GRUP JORDI BARBÉ

29	Elisabet Frutos, Miquel Sánchez-Osuna, Oihane Irazoki, Pilar Cortés, Jordi Barbé, Susana Campoy	Characterization of the interaction between RecA and CheA proteins of <i>Salmonella enterica</i> sv. <i>Typhimurium</i>
----	---	---