

IX Jornades de BioRecerca
Facultat de Biociències
11-14 juny 2024



11 de Juny Bioquímica i Biologia Molecular

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

12 de Juny Biologia Animal, Biologia Vegetal i Ecologia

13 de Juny Biologia Cel·lular, Fisiologia i Immunologia

14 de Juny Genètica i Microbiologia

Conferència de Cloenda BioJornades
12:00 Sala d'Actes

UAB
**Universitat Autònoma
de Barcelona**

IX Jornades de BioRecerca
Facultat de Biociències
11-14 juny 2024

XI Jornada científica del Departament de Genètica i de Microbiologia

PROGRAMA

14 de Juny de 2024		
XI JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA		
9:15	Sala de Graus de la Facultat de Biociències Inauguració i presentació	Dr. Isidre Gibert - Degà de la Facultat de Biociències Dra. Alba Hernández – Directora del Departament
9:30	Primera sessió d'exposicions orals	Moderador: Pere Joan Cardona Sala de Graus de la Facultat de Biociències
9:30	1971-2024. Caminant per la UAB	Dra. Montserrat Llagostera Caterdràtica de Microbiologia, Unitat Microbiologia Campus
10:00	Exposiciones crónicas a nanoplásticos y riesgo de cáncer.	Laura Rúbio Inv. Juan de la Cierva, Unitat de Genètica
10:15	Single point mutations in <i>croS</i> , <i>nusG</i> or <i>rpoB</i> restore cephalosporin resistance to a naturally occurring <i>Enterococcus faecium</i> susceptible isolate	Paula Bierge Investigadora, Unitat de Microbiologia Medicina, UDH Parc Taulí
10:30	Implications of ageing on cancer immunotherapy treatment using mycobacteria	Paula Herrero Investigadora, Unitat de Microbiologia Campus
10:45	Evaluating allele frequency trajectory and selection coefficient estimates from genealogies including ancient DNA	Aina Colomer Inv. Pre-doctoral, Unitat de Genètica
11:00	WISCA (Weighted incidence syndromic combination antibiogram): La importancia de ir más allá de los antibiogramas tradicionales	Celso Soares Pereira Batista Resident, Unitat de Microbiologia Medicina, UD Hospital de la Sta. Creu i Sant Pau
11:15	Pausa cafè i visita zona pòsters i estands patrocinats (Zona vestibul davant Sala de Graus de la Facultat de Biociències)	
12:00	Sala d'Actes de la Facultat de Biociències Conferència Clausura IX Biojornades UABio	Dr. Javier Lafuente-Rector de la UAB Dr. Isidre Gibert -Degà Facultat de Biociències Dra. Alba Hernández - Directora del Departament Presentació del conferenciant: Dr. Antonio Barbadilla
	The genomic basis of environmental adaptation in house mice	Prof. Michael Nachman Prof. of Integrative Biology and Director of the Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley
13:00	Dinar i visita zona pòsters i estands patrocinats (Zona vestibul davant Sala de Graus de la Facultat de Biociències)	
14:15	Sessió de presentació de pòsters Biociències	Zona vestibul davant Sala de Graus de la Facultat de Biociències
Presentació de Pòsters i visita estands patrocinats. Informació dels Serveis Científic-Tècnics de la UAB		

15:30	Segona sessió d'exposicions orals	Moderador: Daniel Yero Sala de Graus de la Facultat de Biociències
15:30	Utilitat de la <i>Drosophila melanogaster</i> en models experimentals d'infecció	Dr. Pere Joan Cardona Prof. Agregat, Unitat de Microbiologia Medicina, UD Germans Trias i Pujol
16:00	Cyclic-di-GMP and quorum sensing regulatory connections in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	Marc Bravo Inv. Pre-doctoral, Unitat de Microbiologia Campus
16:15	A development-based morphological reconstruction of the first multicellular animals.	Hugo Cano Fernández Inv. Pre-doctoral, Unitat de Genètica
16:30	Emergencia y diseminación interterritorial de un linaje de <i>Bordetella pertussis</i> con características antigénicas atípicas, implicado en el actual incremento de tosferina en España.	Alba Mir Inv. Post-doctoral, Unitat de Microbiologia Medicina, UD Vall d'Hebrón
16:45	Enhanced recombinant protein capture, purity and yield from crude bacterial cell extracts by N-Lauroylsarcosine-assisted affinity chromatography	Jan Atienza Inv. Pre-doctoral, Unitat de Microbiologia Campus
17:00	Sala de Graus de la Facultat de Biociències Acte de cloenda Entrega de Premis a les millors presentacions de póster de la Jornada	Dr. Isidre Gibert - Degà de la Facultat de Biociències Dra. Alba Hernández - Directora del Departament

Comitè Científic	
Dra. Susana Campoy	Unitat Microbiologia Campus
Dr. Pere Joan Cardona	Unitat Microbiologia Medicina
Dra. Carme Muñoz	Unitat Microbiologia Medicina
Dra. Susana Pastor	Unitat Genètica
Dr. Isaac Salazar	Unitat Genètica
Dr. Antoni Villaverde	Unitat Microbiologia Campus

PATROCINADORS



RESUM PRESENTACIONS ORALS - BLOC MATÍ-

JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE
GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA

14-6-24

TÍTOL: Exposiciones crónicas a nanoplásticos y riesgo de cáncer.

Autors: L.Rubio¹, J. Gutiérrez¹, J. Domenech², I. Barguilla³, M. Morataya¹, B. Guyot³, R. Marcos¹, V. Maguer-Satta³, J. Catalán², A. Hernández¹

FILIACIONES :

1. Group of Mutagenesis, Department of Genetics and Microbiology, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès (Barcelona) 08193, Spain
2. Finnish Institute of Occupational Health, Box 40, Työterveyslaitos, 00032 Helsinki, Finland
3. Department of Cancer Initiation and Tumor Cell Identity, Centre de Recherche en Cancérologie, Lyon, France

RESUM:

Los micro y nanoplásticos (MNPLs) se consideran contaminantes emergentes ampliamente distribuidos en todo tipo de ecosistemas. Existe evidencia de que los seres humanos pueden internalizar estos MNPLs mediante la inhalación y la ingestión, y que el reducido tamaño de estas partículas plásticas puede facilitar su absorción, biodistribución sistémica y bioacumulación. A pesar de que sus posibles efectos biológicos están siendo intensamente evaluados, sus potenciales efectos sobre la salud en los seres humanos siguen siendo desconocidos. Una de las áreas de estudio menos desarrollada es la determinación de los efectos inducidos por los MNPLs en exposiciones crónicas, siendo la carcinogenicidad la más relevante en términos de riesgo. En este contexto, la presente charla se centrará en presentar el conocimiento científico actual sobre el potencial carcinogénico de los MNPLs, prestando especial atención a los enfoques y resultados obtenidos en el marco del proyecto europeo PlasticHeal (www.plasticheal.eu/en). Además de los estudios publicados, el conjunto de datos obtenidos en el contexto de este proyecto respalda un posible riesgo carcinogénico asociado a la exposición prolongada a los MNPLs. En esta situación, se hace evidente la necesidad de continuar llevando a cabo estudios que

esclarezcan el potencial efecto carcinogénico de estos contaminantes, sirviendo este conocimiento como punto de partida para llevar a cabo una evaluación completa del riesgo.

TÍTOL: Single point mutations in *croS*, *nusG* or *rpoB* restore cephalosporin resistance to a naturally occurring *Enterococcus faecium* susceptible isolate.

Autors: Paula Bierge Cabrera

FILIACIONS : ¹Laboratori de Recerca en Microbiologia i Malalties Infeccioses, Parc Taulí Hospital Universitari, Institut d'Investigació i Innovació Parc Taulí (I3PT-CERCA), Universitat Autònoma de Barcelona, 08208 Sabadell, Spain

²Institut de Biotecnologia i Biomedicina, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain

RESUM:

La presentació oral s'enfoca en la identificació de tres mutacions en els gens *croS*, *nusG* o *rpoB* que restauren la resistència a les cefalosporines en soques clíniques que, de manera natural, són susceptibles a aquest grup d'antibiòtics.

Els enterococs són bacteris comensals que poden causar infeccions quan la relació amb l'hoste es trenca. Com a comensal, ajuda a mantenir l'equilibri microbià intestinal, però pot convertir-se en patògen quan les condicions afavoreixen la seva proliferació com per exemple l'ús d'antibiòtics. Els *faecium* són intrínsecament resistents a les cefalosporines, principalment a causa de mecanismes com les Penicillin Binding Proteins (PBPs).

L'estudi se centra en l'estudi de soques de *faecium* susceptibles a l'ampicil·lina aïllades de pacients amb bacterièmia. La soca Efm5 ha estat clau per estudiar el desenvolupament de la resistència a les cefalosporines ja que, de manera natural, presenta susceptibilitat a aquest grup d'antibiòtics. Seleccionant variants resistents a partir de la soca Efm5, es van identificar mutacions que expliquen la

resistència. Les variants resistents mostren un increment significatiu en la MIC per les cefalosporines, a costa d'un "fitness cost".

Comparant els genomes de la soca Efm5 i les seves variants resistents, es van trobar SNPs associats amb la resistència. Les mutacions en els gens *croS* i *rpoB*, i una mutació no descrita abans en el gen *nusG*, són crucials. Mutacions úniques en el gen *croS*, expliquen la resistència en les variants EfmR1 i EfmR2, afectant la regulació de gens relacionats amb la resistència.

La identificació i caracterització de mutacions específiques en els gens de *faecium* aporten llum sobre els mecanismes de resistència a les cefalosporines, oferint perspectives per futures investigacions i tractaments clínics.

TÍTOL:

Implications of ageing on cancer immunotherapy treatment using mycobacteria

Autors:

Paula Herrero-Abadía¹, Joan Pagès², Cecilia Cabrera², Esther Julián¹

FILIACIONS :

¹Mycobacteria Research Laboratory, Dept Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès (Barcelona), 08193, Spain.

² Tissue Virology (VITI) group. Irsicaixa. Institute for Health Science Research Germans Trias i Pujol (IGTP), Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Barcelona, Spain,

RESUM:

Debido a los efectos adversos observados en pacientes con cáncer de vejiga no músculo-invasivo (CVNMI) tratados con *Mycobacterium bovis* BCG, se han evaluado inmunomoduladores alternativos. *Mycobacterium brumae*, una micobacteria segura con demostrada actividad antitumoral *in vitro*, *ex vivo* e *in vivo*, emerge como un candidato prometedor para sustituir a BCG. Los estudios sobre inmunomoduladores pasan por alto a los pacientes de más edad, a pesar de que la edad se asocia a la inmunosenescencia y de que la población diana para el tratamiento de los CVNMI son principalmente hombres de más de 60 años. Aquí investigamos la capacidad inmunomoduladora de BCG y *M. brumae* en células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de donantes sanos de varios grupos de edad junto con pacientes con CVNMI.

Se estimularon con *M. brumae* o BCG PBMC de voluntarios sanos jóvenes (18-35 años) y mayores (60-75 años), así como de pacientes CVNMI (mayores de 65 años). El fenotipado de las PBMC se realizó mediante citometría de flujo. Se analizó la citotoxicidad directa e

indirecta de las PBMC activadas por micobacterias contra células tumorales de vejiga y la liberación de un amplio panel de citocinas.

Se observó un impacto significativo dependiente de la edad en el perfil de diferenciación de las células T. Las frecuencias de marcadores inducidos por la activación (CD69 y CD137) en células T CD4⁺ y CD8⁺ estimuladas con micobacterias diferían significativamente entre grupos de edad, así como, entre individuos sanos y pacientes con CVNMI. Se observó una disminución de la producción de citocinas (IL-8, IL-17, IFN- γ) en PBMC activadas por micobacterias en individuos de edad avanzada, mientras que la actividad citotóxica contra células tumorales se redujo significativamente en pacientes con CVNMI.

La funcionalidad de las células del sistema inmunitario difiere en función de las características intrínsecas del grupo de población. Esta heterogeneidad puede influir en la eficacia de la activación por micobacterias inmunomoduladoras, repercutiendo en última instancia en la capacidad antitumoral.

TÍTOL: Evaluating allele frequency trajectory and selection coefficient estimates from genealogies including ancient DNA

Autors:

Aina Colomer-Vilaplana^{1,2}, Sònia Casillas^{1,2}, Antonio Barbadilla^{1,2}, Leo Speidel^{3,4}

FILIACIONS :

1. Institute of Biotechnology and Biomedicine, Universitat Autònoma de Barcelona, Parc de Recerca, Mòdul B, 08193 Cerdanyola del Vallès, Catalonia, Spain
2. Department of Genetics and Microbiology, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Cerdanyola del Vallès, Catalonia, Spain
3. Genetics Institute, University College London, 99-105 Gower St, London WC1E 6AA, United Kingdom
4. Francis Crick Institute, 1 Midland Road, London NW1 1AT, United Kingdom

RESUM:

During the dispersal across continents, humans have experienced different environments, exposure to new pathogens, and technological innovations. Yet, a question still unsolved is the extent to which selection has played a role in shaping our genomes across different time periods of human evolution. Recent advances in genomic methodologies, including the use of ancient DNA, have provided new opportunities to study our genetic past. The availability of large cohorts of ancient DNA samples from single populations has enabled the inference of allele frequency trajectories and their associated selection coefficients. Recently, new methods for inferring genealogies - such as Relate and tsinfer -, as well as new methods that feed from these genealogies - like Clues - have made it possible to extrapolate allele frequency trajectories from sequencing data of modern-day samples. Here, we evaluate the effectiveness of these methods against known genealogies from simulated data using SLiM. Moreover, we developed our strategy to infer a selection coefficient from a pre-estimated genealogy incorporating ancient

DNA. We test this method under different selective regimes ranging from neutral to strong selection, showing that aDNA substantially improves selection estimates derived from genealogies. With our proposed method, we aim for a better understanding of the genomic marks left by selection over the past tens of thousands of years of human evolution.

TÍTOL: WISCA: la importancia de ir más allá de los antibiogramas tradicionales

Autors: Celso Soares Pereira Batista

FILIACIONES :

Estudiante del 2º año del Doctorado en Microbiología, Universidad autónoma de Barcelona.

Residente de 4º año de Microbiología y parasitología, Hospital de la Santa Creu i Sant Pau.

RESUM:

Introducción / Objetivo: Los informes de antibiogramas acumulados ofrecen datos sobre la sensibilidad antimicrobiana de bacterias prevalentes. El análisis sindrómico bayesiano denominado *weighted-incidence syndromic combination antibiogram* (WISCA) propone una alternativa que estima la probabilidad de lograr una cobertura empírica apropiada para síndromes infecciosos específicos, considerando la incidencia de los patógenos implicados. El objetivo del estudio fue comparar un modelo WISCA con el antibiograma acumulado tradicional para determinar el tratamiento empírico más efectivo en pacientes con bacteriemia atendidos en Urgencias.

Método: Se realizó un estudio ambispectivo analizando episodios consecutivos de bacteriemia significativa en pacientes atendidos en el Servicio de Urgencias de un hospital de tercer nivel durante dos años (2022-2023). Se evaluaron ocho regímenes antimicrobianos de tratamiento empírico. **Resultados:** Las especies más frecuentes fueron *E. coli* 47,8%, *K. pneumoniae* 11,4%, *S. aureus* 6,55%, *P. aeruginosa* 5,31%. Según antibiograma acumulado, en gramnegativos únicamente amikacina piperacilina/tazobactam y carbapenémicos mostraron tasas de sensibilidad superiores al 90%, que también que consiguieron una cobertura superior al 90% según WISCA. Cuando se estratificó por origen se observó una mejora significativa de la cobertura en infecciones comunitarias respecto a relacionadas con la asistencia sanitaria de ceftriaxona (83% vs 59,1%) y levofloxacino (83,5% vs 59,9%). Teniendo en cuenta el foco, se observó una cobertura adecuada para foco respiratorio de levofloxacino 97,1% y ceftriaxona 89,7%. **Conclusiones:** El modelo WISCA ofrece una herramienta clínica valiosa para la orientación de tratamientos empíricos en pacientes con bacteriemia y puede ser de utilidad para la realización de protocolos adaptados a cada centro y su microbiología.

RESUM CONFERÈNCIA DE CLAUSURA

JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE
GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA

14-6-24

Conferència de Clausura IX Jornades de BioRecerca

Author: **Michael Nachman**

Title: The genomic basis of environmental adaptation in house mice

Abstract:

Connecting genotype with phenotype for adaptive traits is a central goal of evolutionary biology. House mice (*Mus musculus domesticus*) have recently been introduced into new environments where they have adapted through changes in morphology, physiology, and behavior, making them an excellent model for studying the evolution and genomic basis of complex traits. We collected 186 house mice across North and South America, from 55° S latitude to 54° N latitude and sequenced their exomes. We also established inbred strains of mice from diverse environments, allowing us to study traits in a controlled laboratory environment and to conduct crosses between strains differing in traits of interest. House mice in the Americas conform to Bergmann's rule (larger body size farther from the equator) and Allen's rule (shorter extremities farther from the equator). These differences are genetically based, although differences in the length of extremities also show considerable phenotypic plasticity when mice are reared at different temperatures. Through a combination of genome scans for selection, studies of gene expression in the wild and in the lab, association studies in natural populations, and genetic crosses in the lab, we have begun to identify genes and genomic patterns associated with adaptation to new environments.

RESUM PRESENTACIONS ORALS - BLOC TARDA –

JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE
GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA

14-6-24

TÍTOL: *Drosophila melanogaster* i l'estudi de les infeccions

Autor: Pere-Joan Cardona

Filiacions: Unitat docent "Germans Trias i Pujol"

RESUM:

Drosophila melanogaster és un organisme amb qui tenim una homologia genètica del 60%. Es tracta d'un model molt estudiat a nivell genètic i té una característica que és molt interessant per nosaltres, que la seva defensa contra les infeccions es basa només en la resposta innata. Aquesta resposta, inclou una resposta cel·lular vehiculitzada essencialment per un ancestre dels nostres macròfags, els hemòcits; i humoral, a través de la secreció de pèptids antimicrobians. És una resposta que es pot estudiar conjuntament amb les vies metabòliques i humorals, permetent una visió molt holística i alhora relativament poc complicada, donat que les seves vies efectores són poc redundants.

Aquest model permet fer un tipus d'estudi que difícilment es podria fer amb altres models animals, com ara la determinació de les respostes de tolerància i resistència contra les infeccions. Entenem resistència com la capacitat de l'hoste de destruir als paràsits; i tolerància, com aquella capacitat per permetre la presència del paràsit dins del cos bo i mantenint la salut.

En aquesta presentació presentem dos exemples. Per un cantó l'impacte de la infecció per *Mycobacterium marinum*, que té un gran paral·lelisme amb la tuberculosi humana, en el sexe i l'estat reproductiu de les mosques. Es tracta de factors molt importants perquè a l'hora de dissenyar els experiments no sabem la influència que pot tenir mantenir les mosques d'ambdós sexes juntes de cara a fer front a la infecció. També podem veure l'impacte que té la fecundació, ja que es pot treballar fàcilment amb mosques verges.

Com a conclusió descobrim que en mantenir ambdós sexes junts afavorim una resposta resistent.

Un altre exemple és el que ens mostra la infecció per *Candida albicans*. Comparant una soca de llevat clínica amb una de referència (col·lecció ATCC) veiem que la primera és molt agressiva, donat que causa la mort dels animals en uns 2 dies, mentre que la de referència permet la supervivència fins més enllà dels 20 dies. Curiosament, si fem un estímul previ (“priming”) amb *Candida albicans* inactivada per calor (hkCa) o *Mycobacterium manresensis* (khMm), una micobactèria ambiental, es genera una resposta immune molt forta que impedeix el creixement del llevat, és a dir, augmenta la seva resistència; però no evita la seva mortalitat, per tant no millora la tolerància. Tot plegat és degut a la desmesurada resposta immune que genera tant el llevat quan es multiplica, com la seva simple inoculació en animals prèviament immunitzats.

Finalment presentem una plataforma en que podem avaluar de manera fàcil futurs candidats a antibiòtics. El model permet donar un informació més complerta que la simple infecció de cèl·lules, evitant el pas immediat cap a la utilització de ratolins. És doncs una eina molt valuosa per reduir la utilització d'animals de laboratori, contribuint a la política de 3R, en aquest cas amb el reemplaçament, que és un dels objectius a assolir en el Centre de Medicina Comparativa i Bioimatge de Catalunya (CMCiB), de l'Institut de Recerca Germans Trias i Pujol (IGTP).

TÍTOL: Cyclic-di-GMP and quorum sensing regulatory connections in *Stenotrophomonas maltophilia*

Autors: Marc Bravo^{1,2}, Celeste Gómez^{1,2}, Joan-Lluís Pons¹, Òscar Conchillo-Solé^{1,2}, Xavier Coves¹, Pol Huedo¹, Xavier Daura^{1,3}, Isidre Gibert^{1,2} and Daniel Yero^{1,2}

FILIACIONS :

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

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

³ Catalan Institution for Research and Advanced Studies (ICREA), E-08010 Barcelona.

RESUM:

Stenotrophomonas maltophilia are environmental multi-drug resistant organisms that are increasingly associated with nosocomial infections in humans. In these bacteria the quorum sensing (QS) system is mainly based on the DSF (Diffusible Signal Factor) signal, and it plays a crucial role in coordinating bacterial population and serves as key regulatory mechanism for pathogenesis. *S. maltophilia* control DSF-QS communication via genes located in the *rpf* (regulation of pathogenicity factors) cluster. This cluster comprises the fatty Acyl-CoA ligase RpfB, the DSF synthase RpfF, and a two-component system composed of the sensor kinase RpfC and the c-di-GMP phosphodiesterase response regulator RpfG. Activation of the quorum sensing system by DSF leads to biofilm dispersion and increased motility by regulating intracellular levels of the second messenger c-di-GMP, which binds to the transcription factor Clp, regulating its transcriptional activity. Individual mutants of each of the components of the system have been obtained and studied both phenotypically and functionally. The effect of these deletions on DSF and

c-di-GMP levels was also determined. Mutants for *rpf* components and *clp* exhibit increased biofilm formation and reduced motility, except for *rpfB*, showing opposite phenotypes, as it is involved in DSF degradation. These phenotypes become more evident as one delves deeper into the regulatory cascade, reaching the transcription factor. The observed phenotypes are influenced by intracellular c-di-GMP levels and the activity of c-di-GMP-dependent transcriptional regulators. Although all individual mutants in the system modify c-di-GMP levels, the mutant lacking the phosphodiesterase, as the cascade ultimately leads to its activation, exhibits the highest c-di-GMP levels. Correlation of these phenotypes with transcriptomic profiles during peak DSF production has been established based on RNA-seq data. Additionally, other transcription factors regulated by Clp and indirectly by c-di-GMP levels have been identified and further studied. These advancements in *S. maltophilia* QS system functionality pave the way for novel strategies targeting virulence factors such as biofilm formation.

TÍTOL: A development-based morphological reconstruction of the first multicellular animals.

Autors: Hugo Cano-Fernández¹, Miguel Brun-Usan², Tazio Tissot³ & Isaac Salazar-Ciudad^{1,4}

FILIACIONS :

1. Departament de Genètica i de Microbiologia, Universidad Autónoma de Barcelona (Spain).
2. Departamento de Paleobiología, Universidad Autónoma de Madrid (Spain).
3. Electronics and Computer Science Department, University of Southampton (UK).
4. Centre de Recerca Matemàtica, Universidad Autónoma de Barcelona (Spain).

RESUM:

How were the first multicellular animals? This is a central question in biology since it represents the evolutionary starting point of all animal phyla. Here we offer a novel first developmental principles approach to this question. We assumed that morphogenesis results from the genetic regulation of cell properties and behaviors (adhesion, contraction...). We inferred from molecular phylogeny studies the molecules that were present in the first animals and, therefore, what properties and behaviors they could have regulated. Based on this information, we reconstructed the possible morphologies of these organisms. We used EmbryoMaker, a general model of development

that can simulate any gene network regulating cell properties and behaviors, the mechanical interactions and signaling between cells and the morphologies arising from those. We created spherical initial conditions with anterior and dorsal territories of gene expression. We performed thousands of simulations changing the cell properties and behaviors regulated in these territories to explore which morphologies may have been possible. Our reconstruction suggests that the morphology of the first multicellular animals probably included elongations, folds and condensations. We also show that morphogenesis does not require any particular conditions to arise in multicellular animals. Even when only growing by cell division, our spheres folded randomly creating morphologies like the fossil *Caveasphaera*. Developing the complex Ediacaran morphologies, however, may have required further regulation of morphogenesis by extracellular cell signaling.

TÍTOL:

Emergència i disseminació interterritorial d'un llinatge de *Bordetella pertussis* amb característiques antigèniques atípiques, implicat en l'actual increment de casos de tosferina a Espanya

AUTORS:

Alba Mir-Cros¹, Albert Moreno-Mingorance², Daniel Romero³, Patricia Nadal³, Manuel Solivella-Rodríguez², Josep Roca-Grande³, Guillem Puigsech-Boixeda¹, Eugènia Agustí², M. Teresa Martín-Gómez³, Adrià Antuori⁴, Cristina Casañ⁴, Alba Llop⁴, Miriam Campos⁴, M. Elena Rodríguez⁵, Alejandro González-Praetorius⁵, Pere-Joan Cardona⁴, M. Nieves Larrosa³, Juan José González-López³

FILIACIONS:

1. CIBER de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), Instituto de Salud Carlos III
2. Institut de Recerca Vall d'Hebron (VHIR), Vall d'Hebron Barcelona Hospital Campus
3. Servei de Microbiologia, Hospital Universitari Vall d'Hebron
4. Servei de Microbiologia, Laboratori Clínic Metropolitana Nord. Institut de Recerca i Hospital Germans Trias i Pujol (IGTP)
5. Servicio de Microbiología, Hospital Universitario de Guadalajara

RESUM:

Des de 2024 s'ha documentat un important augment de tosferina a Espanya, suposant un increment del 353,5% respecte als casos diagnosticats el 2023. Les vacunes acel·lulars (ACV) utilitzades actualment contra la tosferina estan compostes per entre 2 i 5 antígens de *Bordetella pertussis*: toxina pertussis (PT, *ptxA2/4*), hemaglutinina filamentosa (FHA, *phaB1*), pertactina (PRN, *prn1/7*) i fimbries 2 i 3 (FIM2, *fim2.1* i FIM3, *fim3.1*). L'objectiu de l'estudi és caracteritzar els aïllats de *B. pertussis* causants del recent augment de casos de tosferina a Espanya, en relació amb les poblacions circulants anteriorment. Es van estudiar mitjançant WGS 81 aïllats de *B. pertussis* obtinguts entre 2023 i 2024 a l'Àrea Metropolitana de Barcelona i Guadalajara. Es va identificar la relació clonal existent

entre ells i amb una col·lecció de 545 aïllats obtinguts a Espanya entre 1986 i 2020. Entre 2023 i 2024 es va identificar la co-circulació de dos llinatges de *B. pertussis* tant a Barcelona com a Guadalajara: un primer llinatge compost per 38 aïllats (46,9%), caracteritzats per presentar el perfil antigènic BPagST74-*prn1* (*ptxA1/ptxP1/fhaB1/prn1/fim2.3/fim3.4*) i un segon llinatge format per 38 aïllats (46,9%), caracteritzats per presentar el perfil antigènic BPagST4-*prn2* (*ptxA1/ptxP3/fhaB1/prn2/fim2.1/fim3.1*). Es va observar un clúster de 5 aïllats (6,2%) recollits el 2024 a Barcelona que van presentar el perfil antigènic BPagST9-*prn2* (*ptxA1/ptxP3/fhaB1/prn2/fim2.1/fim3.2*). A diferència dels principals llinatges de *B. pertussis* que van circular durant les últimes onades epidèmiques a Espanya, els aïllats actuals es van caracteritzar per ser productors de PRN, destacant el llinatge BPagST74-*prn1* per presentar un recanvi de gran part dels antígens vacunals i ser filogenèticament proper a soques ancestrals que van circular entre els anys 80-90, durant l'ús de les vacunes WCV. L'emergència i disseminació interterritorial del nou llinatge BPagST74-*prn1* de *B. pertussis* amb característiques antigèniques atípiques i genèticament molt distant de les soques que han circulat en el nostre medi al llarg dels últims vint anys, juntament amb la circulació del llinatge BPagST4-*prn2*, el qual ha evolucionat cap a la producció de PRN, ha pogut condicionar la recent emergència de la tosferina a Espanya. La ràpida disseminació d'aquests llinatges amb potencial per escapar de la immunitat induïda per les ACV, juntament amb la manca d'immunitat natural deguda a la baixa circulació del microorganisme des de 2020 i la pèrdua al llarg del temps de la protecció conferida per les ACV en individus vacunats, podria ser la causa de l'augment explosiu del nombre de casos de tosferina detectat durant els últims mesos en el nostre entorn.

TÍTOL:

Enhanced recombinant protein capture, purity and yield from crude bacterial cell extracts by N-Lauroylsarcosine-assisted affinity chromatography

Autors: Jan Atienza- Garriga^{1,2,3†}, José Vicente Carratalá^{1,2,3}, Hèctor López-Laguna^{1,2,3}, Esther Vázquez^{1,2,3}, Antonio Villaverde^{1,2,3}, Julieta M. Sánchez^{1,2,3,4} and Neus Ferrer-Miralles^{1,2,3}

FILIACIONS :

† Jan Atienza-Garriga and José Vicente Carratalá contributed equally to this work

¹ Institut de Biotecnologia i de Biomedicina, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain

² CIBER de Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina (CIBER-BBN), Instituto de Salud Carlos III, 08193 Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain

³ Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Cerdanyola del Vallès, Barcelona, Spain

⁴ Instituto de Investigaciones Biológicas y Tecnológicas (IIBYT) (CONICETUniversidad Nacional de Córdoba), ICTA, FCEFyN, UNC., Av. Velez Sarsfield 1611, X 5016GCA Córdoba, Argentina

RESUM:

The study presents an advanced methodology aimed at improving the purification of recombinant proteins from bacterial cell extracts. By utilizing the specific properties of N-Lauroylsarcosine in affinity chromatography, the research addresses a longstanding challenge in

the efficient isolation of proteins with cationic domains. These proteins have traditionally been difficult to purify due to their complex nature and typically low yields. This novel approach not only enhances the capture, purity, and yield of target proteins but also has potential applications in various fields, including biomedicine, biotechnology, and industrial production.

The methodological innovation demonstrated in this study represents a significant advancement in protein purification, providing a sophisticated and practical solution to persistent challenges in producing high-quality recombinant proteins. By improving the efficiency and effectiveness of protein purification processes, this new approach could lead to major developments in drug discovery, protein engineering, and biotechnological applications.

The strategic incorporation of N-Lauroylsarcosine in the purification workflow not only streamlines the production of purified proteins but also sets a new benchmark for industrial-scale purification processes. This advancement has the potential to enhance productivity, cost-effectiveness, and quality control in the biopharmaceutical and biotechnology industries. Overall, this research highlights the significant impact of innovative methodologies on the field of protein science, paving the way for new opportunities in the development of next-generation therapeutics and biotechnological products.

PROGRAMA DE PÒSTERS

	TÍTOL DEL PÒSTER	PERSONA QUE EL PRESENTA	PROGRAMA DE DOCTORAT O DE MÀSTER
1	Fly Wing Development in silico: A Computational Investigation of Morphological Plasticity in Drosophila Wings	Aleksa Ratarac, Carlos Mora Martinez, Isaac Salazar Ciudad	Genètica
2	Nanopore sequencing of RdRp gene used as a genetic marker for characterization of coronaviruses in clinical samples.	Iris Sarmiento Guàrdia, Andrés Santos, Lourdes Lobato-Bailón, Carlota Passetto, Johan Espunyes, Maria Puig Ribas, Ignasi Marco, Oscar Cabezón, Jaime	Genètica
3	PopLife: A Population Genomics Browser across the Tree of Life	M. Arreaza, C. Amor-Jimenez, A. Arangua, A. Mompert, S. Casillas, A. Barbadilla.	Genètica
4	Changes in Drosophila microbiome caused by nanoplastics.	Arnau Rocabert	Genètica
5	Analysing the effects of short- and long-term oral exposure to nanoplastics in the gut microbiota of Mus musculus.	Hannes Van Goethem	Genètica
6	Drosophila melanogaster as bioindicator of microbiome dysfunction.	Alba García	Genètica
7	The release of polylactic acid nanoplastics (PLA-NPLs) from commercial teabags. Obtention, characterization, and hazard effects of true-to-life PLA-NPLs	Alba García	Genètica
8	3D In vitro model of human bronchial epithelium to assess the toxicity of MNPLs following exposure to the air-liquid interface (ALI)	Laura Rubio	Genètica
9	Long-term effects of PS and PET in lung cells	Javier Gutiérrez	Genètica
10	Polystyrene nanoplastics: Surface- and size-dependent effects on HUVECs	Juan Martín	Genètica
11	Nanoplastics Affect the Behavior of the Different Cell Populations in Peripheral Blood from Healthy Donors	Jéssica Arribas	Genètica
12	Reproductive toxicity of AgNPs in Drosophila melanogaster	Mohamed Alaraby	Genètica
13	In vitro long-term exposures to PET-NPLs promote carcinogenic hallmarks in BEAS-2B cells.	Laura Ruano	Genètica
14	Potential effects of in vitro digestion on the physicochemical and biological characteristics of polystyrene nanoplastics.	Michelle Morataya	Genètica
15	Fluorescent labeling of micro/nanoplastics for biological applications with a focus on "true-to-life" tracking.	Aliro Villacorta	Genètica
16	Bioinformatics pipeline development for integrative transcriptomic analysis across cell lines exposed to NPLs.	Raquel Egea	Genètica
17	Genomic Responses to Interspecific Hybridization in Drosophila: Insights into Gene Expression, Transposable Elements, and Hybrid Sterility	Bodelón, Alejandra 1, Siqueira de Oliveira, Daniel 2,3, Cristina Vieira2, Garcia Guerreiro, Maria Pilar 1. 1 Grup de Genòmica, Bioinformàtica i Biologia	Genètica
18	Population Structure analysis of <i>Vibrio parahaemolyticus</i> in two different ecological contexts	Hernandez-Lopez David Emiliano, Martínez-Urtaza Jaime.	Genètica

19	Evaluating Summary Statistics to Pinpoint Putative Positively Selected SNPs in Latin American Populations	Ana Acosta Bedon, Aina Colomer-Vilaplana, Antonio Barbadilla, Sònia Casillas.	Genètica
20	COSAN boosts colistin's bactericidal power against Gram-negative nosocomial pathogens.	Andromeda-Celeste Gómez, Daniel Yero, Xavier Daura, Rosario Núñez and Isidre Gibert.	Microbiologia Campus Gibert.
21	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> non-essential hub proteins are implicated in virulence.	Daniel Yero, Oscar Conchillo-Solé, Joan Lluís Pons, Marc Bravo, Isidre Gibert and Xavier Daura.	Microbiologia Campus
22	Molecular and structural insights into the functionality of the quorum-sensing signal synthase RpfF in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>.	Juan Camilo Ortiz, Oscar Conchillo-Solé, Marc Bravo, Joan Lluís Pons, Lucía Sánchez-Alba, Xavier Coves, Andrómeda-Celeste Gómez, David Reverter, Xavier Daura, Daniel Yero, and Isidre Gibert.	Microbiologia Campus
23	DSF Quorum Sensing regulatory cascade in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> coordinates virulence phenotypes through regulation of c-di-GMP levels.	Marc Bravo, Celeste Gómez, Joan-Lluís Pons, Óscar Conchillo-Solé, Xavier Coves, Pol Huedo, Xavier Daura, Isidre Gibert and Daniel Yero.	Microbiologia Campus
24	Comparative genomic analysis hints at functional characteristics of blooming bacteria	Xavier Rey-Verdasco, Adrià Auladell, Ona Deulefeu-Capo, Danilo di Leo, Daniel Lundin, Jarone Pinhassi, Olga Sánchez, Josep M. Gasol	Microbiologia Campus
25	Physiological characterization of mercury detoxifying bacteria isolated from marine polluted sediments	Olga Sánchez, Carla Pereira-García, Elena H. del Amo, Núria Vigués, Xavier Rey-Velasco, Blanca Rincón-Tomás, Carla Pérez-Cruz, Mónica Estupiñán, Elisabeth Bilbao, Isabel Sanz-Sáez, Haiyan Hu, Stefan Bertilsson, Silvia G. Acinas, Andrea G. Bravo, Laura Alonso-Sáez.	Microbiologia Campus
26	A Novel DUF4238-Containing Protein Confers Defence against Autographiviridae's ϕ78_UAB phage in <i>Salmonella enterica</i> sv. Thyphimurium	P.Conill, K. Rueda, M. Pérez-Varela, P. Cortés, J. Barbé i S. Campoy	Microbiologia Campus
27	Secretion Dynamics In Metal-Supported Synthetic Amyloids	Eloi Parladé, Julieta M. Sánchez, Hèctor López-Laguna, Ugutz Unzueta, Antonio Villaverde y Esther Vázquez	Microbiologia Campus
28	Implications of ageing on cancer immunotherapy treatment using mycobacteria	Paula Herrero-Abadía, Joan Pagès, Cecília Cabrera, Esther Julián	Microbiologia Campus
29	Genomic characterization and vaccine reactivity prediction to 4CMenB of Neisseria meningitidis collected from respiratory samples in Spain.	J. ROCA-GRANDE, A. MIR-CROS, C. ARDANUY, A. BELLÉS, J. CALVO, J. CÂMARA, E. CENDEJAS-BUENO, E. CERCENADO, F. GÓMEZ-BERTOMEU, P. LÓPEZ ROA, A. MARTÍN NALDA, L. MARTÍNEZ-MARTÍNEZ, C. MUÑOZ-ALMAGRO, D. NAVARRO DE LA CRUZ, M.A. ORELLANA, A. PÉREZ-ARGÜELLO, M. DOLORES QUESADA, C. RODRIGO, J.Á. RODRIGO-PENDÁS, A. RODRÍGUEZ-FERNÁNDEZ, E. RUIZ DE GOPEGUI, C. SARVISÉ, A. SOLER-GARCÍA, P. SOLER-PALACÍN, J.J GONZÁLEZ-LÓPEZ.	Microbiologia Medicina
30	Molecular epidemiology and genomic insights into cefiderocol resistant carbapenemase-producing <i>Citrobacter</i> spp. isolates obtained in Barcelona	Guillem Puigsech-Boixeda, Albert Moreno-Mingorance, Arantxa Pérez-Ugarte, Ester del Barrio-Tofiño, Belén Viñado, María Nieves Larrosa i Juan José González-López.	Microbiologia Medicina
31	Implication of <i>Staphylococcus aureus</i> isolation from intravenous catheter tips in the absence of positive blood cultures.	Y.M. Martínez, S.G. Grillo, C.B. Batista, M.G. Gordo, Y.M. Rodríguez, J.L. Lopez-Contreras, F.N. Navarro, M.R. Rivera.	Microbiologia Medicina
32	Non-Typhoidal <i>Salmonella</i> breast implant infection and bacteraemia in an HIV patient: a case report.	M. Rodríguez-Velasco, S.G. Grillo, C.B. Batista, Y.M. Martínez M.G. Gordo, J.L. Lopez-Contreras, F.N. Navarro, M.R. Rivera.	Microbiologia Medicina
33	Adequació del tractament empíric en infeccions del tracte urinari causades per Enterobacterials productors de β-lactamases d'espectre estès al servei d'urgències d'un hospital de tercer nivell.	Y. Martínez Ysasis. A. Rivera. M. Garrigó. J. Ruiz. C. Soares-Pereira. M. Gordo. M. Rodríguez. M. Puig. F. Navarro.	Microbiologia Medicina
34	Toxoplasmosis surveillance in a tertiary hospital in Barcelona, Spain.	C. Batista, Y. Martínez, M. Gordo, Y. Rodríguez, R. Labeaga, T. Llovet, F. Navarro, C. Muñoz.	Microbiologia Medicina
35	WISCA: la importancia de ir más allá de los antibiogramas tradicionales	Soares C, Escolà-Vergé L, De Miniac D, Altaba R, Navarro F, Rivera A.	Microbiologia Medicina
36	Factores asociados con el tratamiento empírico inapropiado en pacientes con bacteriemia: un estudio de cohorte retrospectivo	Soares C, Martínez Y, Ruiz J, Pomar V, Moliné A, Agra I, Escolà-Vergé L, Puig M, Navarro F, Rivera A.	Microbiologia Medicina

PROGRAMA DE PÒSTERS (cont.)

	TÍTOL DEL PÒSTER	PERSONA QUE EL PRESENTA	PROGRAMA DE DOCTORAT O DE MÀSTER
37	Evaluation of intra-individual sample pooling in the screening of <i>Neisseria gonorrhoeae</i>, <i>Chlamydia trachomatis</i> and <i>Mycoplasma genitalium</i> by molecular test	I. Aparicio-Calvente 1, S. Acebo 1, A. Casabella 1, A. Caro 1, A. Sánchez 1, M. Navarro 2, S. Capilla 1. 1Clinical Laboratory, Microbiology Department. 2 Department of Infectious Diseases. Parc Taulí Hospital Universitari. Institut d'Investigació i Innovació Parc Taulí (I3PT-CERCA), Universitat Autònoma de Barcelona, Sabadell, Spain	Microbiologia Medicina
38	<i>Drosophila melanogaster</i> as a model for the characterization of host-pathogen interactions of rapid growing <i>Mycobacterium manresensis</i> .	Marta Arch, Maria Vidal, Mariona Cortacans, Esther Fuentes, Pere-Joan Cardona	Microbiologia Medicina
39	Unveiling the novel model for Latent Tuberculosis Infection: <i>Mycobacterium tuberculosis</i> infection in <i>Drosophila melanogaster</i>	Maria Vidal, Marta Arch, Pablo Soldevilla, Esther Fuentes, Pere-Joan Cardona	Microbiologia Medicina

Comitè Científic

Dra. Susana Campoy	Unitat Microbiologia Campus
Dr. Pere Joan Cardona	Unitat Microbiologia Medicina
Dra. Carme Muñoz	Unitat Microbiologia Medicina
Dra. Susana Pastor	Unitat Genètica
Dr. Isaac Salazar	Unitat Genètica
Dr. Antoni Villaverde	Unitat Microbiologia Campus

PATROCINADORS



BONSAILAB



eco
Gen

Making lab life easier

SGSH
LAB SOLUTIONS

PMC

Soluciones integrals per a l'oficina

www.pmc.es

SARSTEDT

XI JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA

Premis per les presentacions dels pòsters:

PRIMER PREMI:

- **Javier Gutiérrez Garcia:** *Long-term effects PS and PET in lung cells*

SEGON PREMI:

- **Yole Martínez Ysasis:** *Adequació del tractament empíric en infeccions del tracte urinari causades per Enterobacterials productors de β -lactamases d'espectre estès al servei d'urgències d'un hospital de tercer nivell*

ACCÈSITS:

- **Hannes Van Goethem:** *Analysing the effects of short-term and long-term oral exposure to nanoplastics in the gut microbiota of *Mus musculus**
- **Eloi Parladé Molist:** *Secretion Dynamics in Metal-Supported Synthetic Amyloide*

Patrocinat per:

