

VII Jornades de BioRecerca
Facultat de Biociències
7-10 juny 2022



Facultat
Biociències
UAB

7 de Juny Bioquímica i Biologia Molecular

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

8 de Juny Genètica i Microbiologia

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

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

Conferència de Cloenda BioJornades
12:00 Sala d'Actes

UAB

Universitat Autònoma
de Barcelona

Facultat de Biociències 7-10 juny 2022

8 de Juny de 2022

IX JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA I DE MICROBIOLOGIA

9.15	Inauguració i presentació	Dr. Isidre Gibert – Degà Facultat Biociències Dra. Montserrat Llagostera – Directora del Departament
9.30	Conferència plenària	Presentació: Dra. Marta Puig
	A la conquista de los mares: genómica evolutiva de Vibrio en su expansión por un planeta en calentamiento	Jaime Martínez-Urtaza Unitat de Genètica, Facultat de Biociències
10.15	Primera sessió d'exposicions orals	Moderadora: Dra. Marta Puig
10.15	Compuestos sintéticos derivados de furanonas con actividad antibiofilm frente a patógenos humanos oportunistas	A. Celeste Gómez Camacho Unitat de Microbiologia Campus, Facultat de Biociències
10.30	D. subobscura como biosensor ambiental: del calentamiento global a los contaminantes emergentes	Francisco Rodríguez-Trelles Unitat de Genètica, Facultat de Biociències
10.45	Metapneumovirus humà: emergència, impacte i evolució de noves variants	Maria Piñana Moro Unitat de Microbiologia Medicina, UD Hospital Vall d'Hebron
11.00	Pausa cafè i visita zona pòsters	
11.30	Segona sessió d'exposicions orals	Moderador: Dr. Jordi Mas
11.30	Aportación del cultivo virológico a la interpretación de las técnicas moleculares en el diagnóstico de la neumonitis por citomegalovirus	Carla Berengua Pereira Unitat Microbiologia Medicina, UD Hospital Sant Pau
11.45	Estudios genéticos y funcionales de la intrincada relación entre Anemia de Fanconi y cáncer	Massimo Bogliolo Unitat de Genètica, Facultat de Biociències
12.00	In Memoriam Dra. Isabel Esteve	Presentació: Dr. Ricard Guerrero
	Els colors de l'aigua. De viatges i Ciència a la recerca dels bacteris fototròfics del sofre	Dr. Emili Montesinos Universitat de Girona
	Isabel, ecòloga microbiana. La mirada del que és invisible	Dra. Mercedes Berlanga Universitat de Barcelona
	Els darrers projectes d'investigació: metalls, tapissos microbians i microscòpia	Dra. Laia Millach Universitat Autònoma de Barcelona
13.00	Dinar i visita zona pòsters	
14.00	Sessió de presentació de pòsters	
14.30	Sessió de vídeos curts seleccionats	Presentació: Comitè Científic
15.15	Tercera sessió d'exposicions orals	Moderador: Ferran Sanchez
15.15	Modification in grazer and viral pressure and decrease in resource competition leads to steep increase in the culturability of abundant marine bacteria	Xavier Rey Velasco Unitat de Microbiologia Campus, Facultat de Biociències
15.30	Impact of heat stress on the Drosophila subobscura transcriptome	Alejandra Bodelón de Frutos Unitat Genètica, Facultat Biociències
15.45	Emergence of extended-spectrum beta-lactamases producing Shigella sonnei among men who have sex with men in Barcelona	Albert Moreno Mingorance Unitat Microbiologia Medicina, UD Hospital Vall d'Hebron
16.00	Mycobacteroides abscessus and Pseudomonas aeruginosa cooperate to evade immune System in cystic fibrosis context	Víctor Campo Pérez Unitat de Microbiologia Campus, Facultat de Biociències
16.15	Conferència plenària	
	Epidemiologia genòmica del SARS-CoV2 a la Regió Metropolitana Nord de Barcelona, evolució de les variants i de brots en població de risc	Antoni Escalas-Bordoy Servei de Microbiologia, Hospital Germans Trias i Pujol
17.15	Acte de cloenda i lliurament de premis	Dra. Montserrat Llagostera – Directora del Departament

IX Jornada científica del Departament de Genètica i de Microbiologia, 8 de juny 2022

Amb el patrocini de:



RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: A la conquesta de los mares: genómica evolutiva de *Vibrio* en su expansión por un planeta en calentamiento

Autors: Jaime Martínez-Urtaza

FILIACIONS : Unitat de Genètica, Departament de Genètica i de Microbiologia, UAB

RESUM:

La acción del hombre está afectando al planeta de manera irreversible con impactos a todas las escalas ecológicas. La mayor parte del calentamiento está siendo incorporado a los océanos, que capturan más del 90% de todo el calor generado. Esta situación convierte a los ecosistemas marinos en unos de los más profundamente afectados por el calentamiento global, afectando los ciclos de vida de los organismos, la demografía de las poblaciones y la composición de las comunidades marinas. Entre todos los ejemplos de especies afectadas por el cambio climático, una bacteria tropical está convirtiéndose en una especie de barómetro del cambio climático. Las poblaciones de *Vibrio* -uno de los grupos de patógenos humanos mejor conocidos- han mostrado una expansión imparable durante los últimos 30 años y desde sus zonas endémicas tropicales han alcanzado áreas próximas al Círculo Polar Ártico. La aplicación de análisis genómicos a poblaciones mundiales de *Vibrio parahaemolyticus* han permitido conocer la dinámica poblacional y evolutiva que ha llevado a esta bacteria a ser tan exitosa en un planeta cada vez más caliente. Mediante el análisis de 10.000 genomas se ha podido establecer que los patrones de diversidad en estas poblaciones son consistentes con el hecho de haber surgido por divergencia progresiva a través de deriva genética durante aislamiento geográfico.

Sin embargo, este aislamiento ha sido alterado recientemente y la acción del hombre ha facultado dispersiones a larga distancia que han favorecido el intercambio genético y la aparición de solapamiento entre distintas poblaciones. La existencia de corredores biológicos transoceánicos, similares a los que existen para otras especies de plancton o peces, rompería el aislamiento genético, la introducción de poblaciones en lugares distantes del planeta y la mezcla con poblaciones locales, con consecuencias directas a nivel demográfico y evolutivo.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTIFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENETICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TITULO: Compuestos sinteticos derivados de furanonas con actividad anti-biofilm frente a patógenos humanos oportunistas

Autores: Andromeda-Celeste Gómez¹, Therese Lyons², Uwe Mamat³, Daniel Yero¹, Marc Bravo¹, Xavier Daura^{1,4}, Osama Elshafee⁵, Sascha Brunke⁵, Cormac G. M. Gahan², Michelle O'Driscoll², Timothy P. O'Sullivan² i Isidre Gibert¹.

FILIACIONES: ¹Departament de Genetica i de Microbiologia i 18B, UAB; ²University College Cork, Ireland; ³Research Center Borstel, Germany; ⁴ICREA i CIBER-BBN; ⁵Leibniz Institute for Natural Product Research and Infection Biology, Germany.

RESUMEN:

Las enfermedades causadas por patógenos formadores de biofilm son cada vez más frecuentes y representan una gran amenaza para la salud humana. Esta tendencia ha impulsado la búsqueda de nuevos antimicrobianos o inhibidores de la formación de biofilm que podrían, por ejemplo, utilizarse para potenciar el efecto de las drogas existentes. Las furanonas halogenadas de origen natural, aisladas de algas marinas, han demostrado ser inhibidores de biofilm eficaces en varios hongos y bacterias patógenas. Estos derivados de furanonas interfieren con los sistemas de *quorum sensing* basados en moléculas señalizadoras de tipo AI-2. En este trabajo, se evalúa una biblioteca de compuestos derivados de furanonas como inhibidores de biofilm en varios patógenos humanos oportunistas, incluidos *Salmonella enterica*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Candida albicans*. Varios de los compuestos más potentes se sometieron a análisis adicionales mediante microscopía con focal para determinar sus efectos sobre biofilms simples y mixtos de *P. aeruginosa* y *C. albicans*, además de evaluar su toxicidad. Por último, investigamos el impacto de un candidato prometedor en un modelo de infección en larvas de *Galleria mellonella*.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: “*D. subobscura* como biosensor ambiental: del calentamiento global a los contaminantes emergentes”

Autors: Francisco Rodríguez-Trelles

FILIACIONS : Departament de Genètica i Microbiologia, UAB

RESUM:

Su ciclo de vida corto, extensa distribución geográfica, elevada tasa de dispersión, generalismo ecológico y amplio conocimiento de su genética, apuntaban a *Drosophila subobscura* como candidato idóneo para monitorizar la crisis ambiental global contemporánea. No en vano la especie ostenta actualmente el cuestionable honor de figurar en los informes del IPCC (*Intergovernmental Panel on Climate Change*) como uno de los primeros ejemplos de signo emergente de efectos del calentamiento global sobre la composición genética de las especies. En esta ponencia se expondrá brevemente el papel desempeñado por nuestro departamento en las investigaciones que condujeron a estas conclusiones, nuevos resultados y las líneas maestras de un nuevo esfuerzo colaborativo entre mutagenetistas y evolucionistas para explorar el potencial de la especie como biosensor de contaminantes emergentes.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Metapneumovirus humà: emergència, impacte i evolució de noves variants

Autors: Maria Piñana^{1,2}, Alejandra González-Sánchez^{1,2}, Cristina Andrés^{1,2}, Jorgina Vila³, Carolina Maldonado⁴, Juan José Galano-Frutos^{5,6}, Maria Valls³, Javier Sancho^{5,6,7}, Francesc Xavier Nuvials⁴, Juliana Esperalba^{1,2}, Maria Gema Codina^{1,2}, Tomàs Pumarola^{1,2}, Andrés Antón^{1,2}.

FILIACIONS:

1. Respiratory Viruses Unit, Virology Section, Microbiology Department, Vall d'Hebron Hospital Universitari, Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR), Vall d'Hebron Barcelona Hospital Campus, Passeig Vall d'Hebron 119-129, 08035 Barcelona, Spain
2. Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Salud Carlos III
3. Paediatric Hospitalisation Unit, Department of Paediatrics, Hospital Universitari Maternoinfantil Vall d'Hebron, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain
4. Intensive Care Department, Vall d'Hebron Hospital Universitari, Vall d'Hebron Barcelona Hospital Campus, Universitat Autònoma de Barcelona, Passeig Vall d'Hebron, 119-129, 08035 Barcelona, Spain
5. Biochemistry and Molecular and Cell Biology Department, Sciences Faculty, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, Spain
6. Biocomputation and Complex Systems Physics Institute (BIFI). Joint Units BIFI-IQFR (CSIC) and GBs-CSIC, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, Spain
7. Aragon Health Research Institute (IIS Aragón), Zaragoza, Spain

RESUM:

El metapneumovirus humà (HMPV) és causant d'infeccions del tracte respiratori superior i inferior (ITRS/I) en infants i adults. Per realitzar una vigilància del virus, es va descriure la diversitat genètica, impacte clínic i dinàmiques evolutives del HMPV en pacients pediàtrics i adults atesos a l'Hospital Universitari Vall d'Hebron (HUVH).

De octubre/14 a desembre/21, s'han rebut 72.263 mostres respiratòries, de les quals 1.751 (2,4%) han estat positives per a HMPV, amb una mitjana d'edat de 2 en pediatria i de 70 en l'adult. El HMPV ha presentat una estacionalitat típica entre febrer i maig, excepte durant la pandèmia de SARS-CoV-2, on es va interrompre la seva circulació i va ser desplaçat a l'estiu i l'hivern de 2021, fora de la seva estacionalitat típica. La seqüenciació del gen G va mostrar la cocirculació dels genotips A i B, predominant sempre un de manera cíclica. A més, es va descriure l'emergència de dues duplicacions de 180 i 111 nucleòtids al genotip A, que van anar incrementant en prevalença fins a substituir les variants que no portaven duplicacions. Clínicament, aquest virus es va associar a la ITRI, provocant la hospitalització del 57% dels pacients pediàtrics i 37% dels adults, i el 9.5% i el 13% respectivament van ingressar a UCI. Les variants amb duplicacions es van associar a ITRI en els adults i es va comprovar que provocaven una major protrusió de la proteïna, elongant-la i emmascarant millor a la proteïna F, diana d'anticossos.

En conclusió, el HMPV ha mostrat una important morbiditat. Les variants portadores de duplicacions han modificat l'estructura de la proteïna, probablement millorant la seva funció d'evasió del sistema immune, com s'ha pogut observar clínicament a l'adult. Això demostra que la vigilància virològica és una necessitat, i que només la combinació de dades microbiològiques, epidemiològiques i clíniques permetrà la monitorització de la emergència, impacte i evolució de noves variants.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Aportación del cultivo virológico a la interpretación de las pruebas moleculares en el diagnóstico de neumonitis por citomegalovirus

Autors: Carla Berengua Pereira

FILIACIONS : Unitat Microbiologia Medicina, UD Hospital Sant Pau

RESUM:

Introducción: Citomegalovirus (HCMV) puede causar infecciones graves en pacientes inmunodeprimidos, como la neumonitis. La neumonitis (probable) por HCMV se define como la detección de HCMV mediante aislamiento viral, cultivo-centrifugación o cuantificación de DNA en lavado broncoalveolar (BAL), en combinación con síntomas y/o signos clínicos de neumonía. La interpretación de la detección de DNA de HCMV en BAL es difícil, ya que no hay establecido un punto de corte de carga viral (CV) que permita diferenciar los casos con infección viral activa. El método de referencia para el diagnóstico de infecciones virales activas es el cultivo.

Objetivo: Utilizar el cultivo virológico para interpretar los resultados de las pruebas moleculares realizadas en BALs para el diagnóstico de neumonitis por HCMV, así como conocer qué aporta el estudio de DNAemia.

Material-Métodos: Estudio prospectivo de los BALs que llegaron a nuestro laboratorio para estudio de neumonitis por HCMV durante el año 2021. El método para la detección de HCMV en BAL en nuestro laboratorio es el cultivo virológico. A partir de marzo, se realizó además una PCR cuantitativa de HCMV. De forma retrospectiva se analizó la CV en sangre (DNAemia) durante el mes anterior-posterior a la recogida del BAL.

Resultados: Se estudió la presencia de HCMV en 84 BALs mediante cultivo y PCR cuantitativa. Diez BALs (11,9%) fueron positivos por ambos métodos, 18 (21,4%) solo por PCR y 56 (66,7%) negativos por ambos. De las 28 muestras con PCR positiva, solo en el 35,7% de los casos se detectó en cultivo. Se observó diferencia significativa de CV en BAL y plasma entre las muestras en las que se aisló HCMV en cultivo respecto a las que no.

Conclusiones: 1) En más de la mitad de los BALs con PCR positiva para HCMV no se aisló el virus en cultivo. 2) Las CV tanto en BAL como en sangre, fueron significativamente superiores en pacientes con cultivo positivo. 3) En los BALs con CV de HCMV >4.970 copias/mL siempre se aisló el virus en cultivo. 4) Todos los pacientes con BAL positivo para HCMV en cultivo, presentaron también DNAemia positiva.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA i MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Estudios genéticos y funcionales de la intrincada relación entre Anemia de Fanconi y cáncer

Autors: Massimo Bogliolo^{1,2} and Jordi Surralles^{1,2}

FILIACIONS :

1: Unitat de Genètica, Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona.

2: Unitat de Medicina Genòmica, Institut d'Investigació Biomèdica Sant Pau (IIB Sant Pau), Barcelona.

RESUM:

La anemia de Fanconi (FA) es un trastorno genético que se caracteriza por insuficiencia de la médula ósea, así como una predisposición a enfermedades malignas como la leucemia y el carcinoma de células escamosas. Al menos 22 genes están asociados con la FA, y constituyen la vía de reparación conocida como "FA/BRCA pathway". Esta vía coordina múltiples procesos y proteínas para facilitar la reparación de los enlaces cruzados entre cadenas (ICL) al DNA que son generados por carcinógenos ambientales, agentes quimioterapéuticos y productos del metabolismo del alcohol. Si no se eliminan y reparan correctamente, los ICL provocan roturas en el DNA y provocan inestabilidad genómica. Además, Mutaciones en heterocigosis de un subconjunto de genes FA (BRCA1, BRCA2, PALB2, BRIP1, RAD51C y FANCM) se asocian con un mayor riesgo de cáncer de mama y/o de otro tipo. En esta exposición, presentaremos las características genéticas y fenotípicas de la FA, y el riesgo de cáncer asociado, subrayando las nuestras contribuciones más importantes en los últimos años a la investigación de la intrincada relación entre FA i y cáncer.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT DE GENÈTICA I
MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Modification in grazer and viral pressure and decrease in resource competition leads to steep increase in the culturability of abundant marine bacteria

Autors: Xavier Rey-Velasco¹, Adrià Auladell¹, Ona Deulofeu¹, Isabel Sanz- Sáez¹, Josep M. Gasol¹, Olga Sánchez²

FILIACIONS:

1 Department of Marine Biology and Oceanography, Institut de Ciències del Mar (CSIC), 08003 Barcelona, Spain)

2 Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Spain

RESUM:

Isolation of relevant microorganisms is a useful tool to gather knowledge about their ecology, physiology and genomic properties, in addition to characterize novel taxa. To date, marine bacterial isolation efforts have been made directly from environmental samples, mainly taxa from the 'rare biosphere'. In this study, we have performed an extensive isolation effort on samples from manipulation experiments that were carried out during the four astronomical seasons in the coastal NW Mediterranean to evaluate the impact of grazing, viral mortality, resource competition and light on bacterioplankton growth. Isolates were cultured in two media with different properties and their full 16S rDNA was sequenced intending to (a) obtain an isolate collection, (b) assess how environmental conditions affect isolation success and (c) isolate bacteria exhibiting a blooming behaviour (i.e. fast growth) after the treatments.

A total of 1643 isolates were obtained, mainly affiliated to classes *Gammaproteobacteria* (44%), *Alphaproteobacteria* (26%) and *Bacteroidia* (16%). The most commonly isolated genera were *Alteromonas* and *Limimarinicola*. Compared to the controls, isolates pertaining to class *Gammaproteobacteria* were more abundant in all experiments, while *Bacteroidia* were enriched in the predator-reduced treatments. 68 isolates had a similarity below 97% to public databases and their novelty will be further tested. Comparison of isolate sequences with high-throughput 16S rDNA sequencing amplicon reads showed that the percentage of reads corresponding to isolates dramatically increased up to 70% and 47% in the summer virus-reduced and nutrient-enriched treatments respectively. Finally, we isolated 11 taxa that became dominant in the different experiments. In conclusion, our study indicates that grazer and viral pressure as well as nutrient availability are key factors affecting isolation success in marine environments.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Impact of heat stress on the *Drosophila subobscura* transcriptome

Autors: Alejandra Bodelón de Frutos¹, Marie Fablet², Cristina Vieira², María Pilar García Guerreiro¹

FILIACIONS:

(1) *Departament de Genètica i Microbiologia. Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona), Spain.*

(2) *Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR5558, Université Lyon 1, Villeurbanne, France.*

RESUM:

Transposable elements (TEs) are DNA sequences able to move to different locations in the genome, inducing mutations. Different types of stress have been suggested to induce TE activation, among them the environmental stress caused by temperature. Several studies have found that heat shocks may deregulate the expression of some specific TE families, but we ignore the global impact on the whole genome. In addition, it has been reported that some heat shock proteins, which are well-known chaperones helping protein re-folding after a stress, have an active role in the piRNA pathway.

This pathway is the main one in the *Drosophila* germ line TE repression. We hypothesize that after a heat stress, most of the heat shock proteins will be involved in re-folding, neglecting their role in the piRNA pathway and contributing to TE derepression. Our main goal is to know the impact of heat stress on *Drosophila subobscura* transcriptome (mRNA and piRNAs) of the germ line of males and females from two populations. We found that under heat stress conditions, in addition to the overexpression of heat shock protein genes, a sex-specific deregulation of other genes related to stimulus response, biological regulation and cellular and metabolic processes, among others, has also been observed.

We as well observed a deregulation of some TE families, mainly towards overexpression, together with some piRNA expression changes in stressed individuals compared to controls. However, these changes in piRNAs amounts were not always correlated to TE deregulation indicating that other factors as heat-shock dependent chromatin modulation, could also be involved.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Emergència de *Shigella sonnei* i *Shigella flexneri* productores de betalactamasa de espectre estès entre homes que tenen relacions sexuals amb homes durant els anys 2020 i 2021 a Barcelona.

Autors: Albert Moreno-Mingorance ^{1,2}, Lidia Goterris ^{1,3}, Virginia Rodriguez ^{1,3}, Yannick Hoyos-Mallecot ^{1,3}, M. Jesús Barberà ⁵, Mireia Alberny ⁴, Elena Sulleiro ^{1,3}, Thais Cornejo-Sánchez ¹, Alba Mir-Cros ¹, Josep Roca-Grande ¹, Belén Viñado ^{1,2,3}, Tomàs Pumarola ^{1,2,3}, M. Nieves Larrosa ^{1,2,3}, Juan José González-López^{1,2,3}

FILIACIONS :

1. Vall d'Hebron Institut de Recerca (VHIR)
2. Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona
3. Servi de Microbiologia, Vall d'Hebron Hospital Universitari
4. Institut Català de Salut (ICS)
5. Drassanes-Vall d'Hebron Unitat Malalties de Transmissió Sexual

RESUM:

Recentment s'ha identificat un increment de shigel·losi en homes que tenen relacions sexuals amb homes (HSH). Aquest fet, unit amb l'emergència de *Shigella* spp. multiresistent, fa que es consideri la shigel·losi una emergència de salut pública. Estudis previs del nostre grup van documentar que entre 2015-2019, la prevalença a HSH de *Shigella* productora de BLEE va ser del 2.8%.

L'objectiu d'aquest estudi és caracteritzar *Shigella sonnei* (Ss) i *Shigella flexneri* (Sf) aïllades d'HSH entre 2020 i 2021 a l'Hospital Vall d'Hebron, identificant la seva relació genòmica i els determinants de resistència.

Es van aïllar 37 Ss i 44 Sf, de les quals 22 (60%) i 29 (65%) pertanyien a HSH respectivament. El 37% de *Shigella* spp. d'HSH van ser productores de BLEE, essent totes elles simultàniament resistents a ciprofloxacina i azitromicina.

La seqüenciació de genomes complets va revelar que els aïllats de Ss d'HSH portadors de BLEE pertanyien a un mateix llinatge genètic i codificaven *bla*_{CTX-M-27}.

Els resultats d'aquest estudi demostren la disseminació al nostre medi de soques de Ss i Sf entre HSH amb elevada resistència a antimicrobians orals de primera/segona línia, així com un increment significatiu de soques productores de BLEE. Aquest increment va ser principalment degut al augment de la prevalença de Ss productor de BLEE entre HSH (3.8% vs 68%). Aquests resultats reforcen la necessitat urgent d'implementar mesures de salut pública centrades en la detecció i tractament precoç, i la prevenció de la transmissió d'aquest patògen, que està contribuint a la crisi de resistència antimicrobiana en les infeccions de transmissió sexual.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: *Mycobacteroides abscessus* y *Pseudomonas aeruginosa* cooperan para evadir la respuesta del sistema inmune en el contexto de fibrosis quística y enfermedad pulmonar obstructiva crónica.

Autors: Víctor Campo ^{1,2}, Eduard Torrents ^{2,3,*}, Esther Julián ^{1,*}

FILIACIONS:

¹ Departamento de Genética y de Microbiología, Facultad de Biociencias, Universidad Autónoma de Barcelona, 08193 Barcelona, España.

² Grupo de infecciones bacterianas y terapias antimicrobianas, Instituto de Bioingeniería de Cataluña (IBEC), Instituto de Ciencia y Tecnología de Barcelona (BIST). Baldiri Reixac 15-21. 08028 Barcelona. España.

³ Sección de Microbiología, Departamento de Genética, Microbiología y Estadística, Facultad de Biología, Universidad de Barcelona, 643 Diagonal Ave., 08028, Barcelona, España.

RESUM:

Las enfermedades asociadas a las vías respiratorias como la enfermedad pulmonar obstructiva crónica o la fibrosis quística, entre otras, están asociadas a una inflamación del tejido pulmonar que dificulta seriamente la respiración. Además, en estas condiciones, se intensifica la secreción de moco al sobre el epitelio bronquial, desarrollándose capas mucosas gruesas y adherentes. Esta superficie mucosa representa un ambiente ideal para su colonización por diversos microorganismos patógenos, que se asientan y desarrollan infecciones, que en algunos casos conllevan la formación de biofilms.

La especie más comúnmente asociada a estas infecciones es *Pseudomonas aeruginosa*, siendo la más prevalente, patógena y cronicada en los enfermos de fibrosis quística y enfermedad pulmonar obstructiva crónica.

Además, entre otros patógenos, recientemente se está incrementando notablemente la incidencia de micobacterias no tuberculosas, destacándose *Mycobacteroides abscessus* como patógeno emergente. La presencia de esta micobacteria infectando las vías respiratorias está relacionada directamente con una mayor morbilidad y mortalidad entre pacientes, que en la mayoría de los casos se encuentran co-infectados simultáneamente por *P. aeruginosa*. El presente estudio nace de la necesidad de estudiar el comportamiento conjunto de ambos patógenos: *P. aeruginosa* y *M. abscessus* en diferentes aspectos relevantes en las infecciones pulmonares. Para ello, se desarrollan biofilms estáticos mixtos con ambas bacterias para caracterizar su crecimiento y organización. También se evalúan los efectos de ambas bacterias infectando células epiteliales bronquiales en cultivos *in-vitro*, cuantificando la inhibición de la proliferación y la producción de citocinas proinflamatorias. Finalmente, se caracteriza la co-infección *in-vivo* en larvas de *Galleria mellonella* realizando curvas de supervivencia y valorando la activación y/o represión de diferentes genes del sistema inmune innato de las larvas.

RESUM PRESENTACIONS ORALS.
JORNADA CIENTÍFICA DEL DEPARTAMENT
DE GENÈTICA I MICROBIOLOGIA, 8-6-2022

TÍTOL: Epidemiologia genòmica del SARS-CoV-2 a la Regió Metropolitana Nord de Barcelona: evolució de les variants i estudi de brots en població de risc

Autors: Antoni E. Bordoy^{1,2}, Verónica Saludes¹⁻³, Anna Not², Alexia Paris de León¹, David Panisello², Andreu Coello Pelegrin^{1,2}, Gemma Clarà¹, Laia Soler¹, Sara González-Gómez², Mercedes Guerrero-Murillo^{4,5}, Cristina Casañ¹, Marc Noguera-Julian^{6,7}, Francesc Català-Moll⁶, Maria Pilar Armengol², Lauro Sumoy², Montserrat Giménez^{1,8}, Pere Joan Cardona^{1-3,8,9}, Ignacio Blanco^{1,5}, Elisa Martró¹⁻³

FILIACIONS :

1. Servei de Microbiologia, Laboratori Clínica de la Metropolita Nord, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol (HUGTiP).
2. Institut d'Investigació en Ciències de la Salut Germans Trias i Pujol (IGTP).
3. CIBER en Epidemiologia i Salut Pública (CIBERESP).
4. Unitat de Recerca en Genòmica Clínica, Institut d'Investigació en Ciències de la Salut Germans Trias i Pujol (IGTP).
5. Unitat de Genòmica Clínica, Servei de Genètica Clínica, Laboratori Clínica de la Metropolita Nord, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol (HUGTiP).
6. Institut de Recerca de la SIDA – IrsiCaixa, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol (HUGTiP).
7. Universitat de Vic-Universitat Central de Catalunya (UVic-UCC).
8. CIBER en Malalties Respiratòries (CIBERES).
9. Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB).

RESUM:

La vigilància genòmica del SARS-CoV-2 ha ajudat a fer front a la pandèmia de COVID-19 des del seu inici. Els esforços de seqüenciació del genoma a escala global han permès un seguiment en temps real de la propagació i la diversificació del virus des del salt zoonòtic a la població humana el 2019.

Des de mitjans de 2020, el Servei de Microbiologia (LCMN) de l'HUGTIP va entrar a formar part del consorci nacional de vigilància genòmica SeqCOVID, i des de principis de 2021, el consorci *Can Ruti Sequencing Hub* ha dut a terme la vigilància genòmica del SARS-CoV-2 en la Regió Sanitària de la Metropolitana Nord de Barcelona, contribuint amb més de 12.000 genomes vírics publicats al repositori GISAID. Durant la pandèmia, la detecció de l'entrada de noves variants ha estat clau per la presa de decisions sobre les mesures per limitar la propagació del virus així com per la planificació dels ingressos hospitalaris i l'ocupació de les unitats de cures intensives. Per altra banda, el gran nombre de pacients hospitalitzats per COVID-19 i l'altra transmissibilitat del SARS-CoV-2 han desencadenat l'aparició de brots en l'entorn hospitalari. En aquest context, la integració de la informació epidemiològica i la informació genòmica del virus mitjançant l'epidemiologia molecular és molt útil per delimitar adequadament els pacients i personal sanitari involucrats en el brot amb l'objectiu de millorar-ne el control i intentar disminuir al màxim l'impacte sobre l'atenció hospitalària. En aquest àmbit hem introduït la seqüenciació ràpida al laboratori, perquè en aquests casos l'epidemiologia molecular és clau per limitar l'abast dels brots. La necessitat de controlar ràpidament l'aparició de nous casos és també molt important en les poblacions més vulnerables com els usuaris de les residències per gent gran i els presos. En la presentació s'inclouran exemples dels diferents estudis realitzats.

PÒSTERS JORNADA CIENTÍFICA DGM 8-6-22

	AUTORS	TÍTOL	UNITAT
1	Aina Colomer-Vilaplana, Jesús Murga-Moreno, Aleix Canalda Baltrons, Clara Inserte, Daniel Soto, Marta Coronado-Zamora, Antonio Barbadilla, Sònia Casillas	PopHumanVar: an interactive application for the functional characterization and prioritization of adaptive genomic variants in humans	Genètica
2	Hugo Cano-Fernández. Tazzio Tissot. Miguel Brun-Usan. Isaac Salazar-Ciudad	How do complex and robust phenotypes evolve?	Genètica
3	Víctor Campo-Pérez*, Maria del Mar Cendra, Eduard Torrents and Esther Julián.	Easily applicable modifications to electroporation conditions improve the transformation efficiency rates for rough morphotypes of fast-growing mycobacteria.	Microbiologia Campus
4	Víctor Campo-Pérez*, Sandra Guallar-Garrido, Marina Luquin, Alejandro Sánchez-Chardi and Esther Julián.	Ultrastructural and compositional analyses of internal lipid inclusions in mycobacteria grown under different culture conditions.	Microbiologia Campus
5	Marc Bach-Griera*, Manuela Costa, Margarida Saraiva, and Esther Julián.	Role of mycobacteria-induced macrophages polarization in bladder cancer treatment.	Microbiologia Campus
6	Eric Voltà-Durán*, Olivia Cano-Garrido, Naroa Serna, Hèctor López-Laguna, Laura Sánchez-García, Mireia Pesarrodonà, Alejandro Sánchez-Chardi, Ramón Mangues, Antonio Villaverde, Esther Vázquez, Ugutz Unzueta.	Controlling self-assembling and tumor cell-targeting of protein-only nanoparticles.	Microbiologia Campus
7	Jan Atienza-Garriga*, Jose Vicente Carratalá-Tomás, Genís Pérez-Collell, Ricard Baltà-Foix, Adrià López-Cano, Julieta Maria Sánchez, Joaquin Seras-Franzoso, Anna. Arís, Elena Garcia-Fruitós, Neus Ferrer-Miralles.	Characterisation and stability analysis of multivalent protein complexes containing antimicrobial peptides formulated with liposomes or micelles.	Microbiologia Campus

8	Daniel Yero*, Meissiner Gomes-Fernandes, Andromeda-Celeste Gomez, Marc Bravo, Oscar Conchillo-Solé, Pol Huedo, Xavier Coves, Cristina Prat-Aymerich, Alicia Lacoma, Xavier Daura and Isidre Gibert.	Strain-specific quorum sensing interactions between co-isolated pairs of <i>Pseudomonas aeruginosa</i> and <i>Staphylococcus aureus</i> from patients with tracheobronchitis or bronchial colonization.	Microbiologia Campus
9	Marc Bravo*, Xavier Coves, Òscar Conchillo-Solé, Celeste Gómez, Xavier Daura, Isidre Gibert and Daniel Yero	A novel acyl-homoserine-lactone acylase in <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> with bifunctional activity.	Microbiologia Campus
10	Sandra Guallar-Garrido, Jordi Senserrich, Elisabet Gomez-Mora, Víctor Urrea, Bonaventura Clotet, Thierry Soldati, Cecilia Cabrera, <u>Esther Julián</u> .	Remodelling the bladder immune microenvironment by mycobacterial species with changes in their cell envelope composition.	Microbiologia Campus
11	Carla Pereira García ¹ , Isabel Sanz-Sáez ¹ , Pablo Sánchez ¹ , Felipe Hernandez Coutinho ¹ , Andrea G. Bravo ¹ , Olga Sánchez ² and Silvia G. Acinas ^{1*}	Genomic and transcriptomic analyses of a deep ocean marine <i>Alteromonas</i> sp. ISS312 with capacity for methylmercury detoxification	Microbiologia Campus
12	Montserrat Llagostera ¹ , Jennifer Otero ¹ , Pilar Cortés ¹ , Inês M Gomes ² , Ana Martins ² , Pablo Catalá-Gregori ³ , Sandra Sevilla-Navarro ³ , Maarten De Gussem ⁴ , Hilde Van Meirhaeghe ⁴ , Marcin Los ⁵ , Daniela Silva ² 1Grupo de Microbiología Molecular, Departament de Genètica i de Microbiologia, Univeritat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès, montserrat.llagostera@uab.cat 2ALS Controlvet – Segurança Alimentar, S.A. Tondela, Portugal. 3Centro de Calidad Avícola y Alimentación Animal de la Comunidad Valenciana (CECAV), Les Alqueries, Castellón 4Vetworks, Knokstraat 38, B-9880 Poeke, Flanders, Belgium 5Phage Consultants, Partyzantow 10/18, 80-254 Gdansk, Poland	Bacteriophages: a therapeutic approach in animal health	Microbiologia Campus

13	<p>Jennifer Otero¹, Alba García-Rodríguez¹, Mary Cano-Sarabia², Daniel MasPOCH^{2,3}, Ricard Marcos^{1,4}, Pilar Cortés¹, Montserrat Llagostera¹. ¹Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain, jenniferotero@gmail.com ²Catalan Institute of Nanoscience and Nanotechnology (ICN2), CSIC and the Barcelona Institute of Science and Technology, Campus UAB, Bellaterra, 08193 Cerdanyola del Vallès, Spain. ³ICREA, Pg. Lluís Companys 23, 08010 Barcelona, Spain. ⁴Consortium for Biomedical Research in Epidemiology and Public Health (CIBERESP), Carlos III Institute of Health, Madrid, Spain</p>	<p>Biodistribution and transcytosis of liposome-encapsulated bacteriophages in oral phage therapy</p>	<p>Microbiologia Campus</p>
14	<p>Martí Pla-Ferriol, Eduardo Beltrán-Flores, Paqui Blánquez, Montserrat Sarrà, Nuria Gaju, Maira Martínez-Alonso</p>	<p>Monitoring microbial community dynamics of a rotary drum bioreactor with immobilized <i>Trametes versicolor</i> developed for agricultural wastewater treatment</p>	<p>Microbiologia Campus</p>
15	<p>Carla Berengua¹, Marta Santos¹, Pilar Marin¹, Montserrat Esteban¹, Paula Ramos¹, Marina Lopez¹, Margarita del Cuerpo¹, Elisenda Miró¹, M^a del Mar Mosquera¹, Ferran Navarro¹, M^a Angeles Marcos², Nuria Rabella¹. ¹ Servicio de Microbiología. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau. Barcelona. ² Servicio de Microbiología. Hospital Clínic. Barcelona.</p>	<p>Cultivo del SARS-CoV-2 en el Hospital de la Santa Creu i Sant Pau: relación entre la multiplicación del virus y el valor del CI de la RT-PCR</p>	<p>Microbiologia Medicina. UD Hospital Sant Pau.</p>
16	<p>A. Rivera¹, C. Soares¹, Y. Martinez¹, J. Ruiz², V. Pomar³, M. López⁴, A. Piera⁴, M. Puig⁴, P. Berenguer¹, F. Navarro¹. ¹ Servicio de Microbiología. ² Servicio de Farmacia. ³ Unidad de Infecciones infecciosas. ⁴ Servicio de Urgencias Generales. Hospital de la Santa Creu i Sant Pau. Barcelona</p>	<p>¿Es difícil acertar con el tratamiento empírico en pacientes con bacteriemia? Experiencia en el Servicio de Urgencias de un hospital de tercer nivel</p>	<p>Microbiologia Medicina. UD Hospital Sant Pau.</p>

17	<p>Marc Rubio¹, Mariana Jose Fernandez², Griselda Tudó³, Montserrat Garrigo¹, Julià Gonzalez-Martín^{2, 3} - 1 Fundació Gestió Sanitària Hospital de la Santa Creu i Sant Pau, Barcelona. 2 Hospital Clínic de Barcelona - ISGlobal, Barcelona. 3 Fundació Privada Institut en Salut Global, Barcelona.</p>	<p>WGS of <i>M. Intracellulare</i> subsp. <i>chimaera</i> isolates from pulmonary infection shows very closely relation in the core-genome</p>	<p>Microbiologia Medicina. UD Hospital Sant Pau.</p>
18	<p>Pablo Soldevilla. Anna Buissán. Sergi Saladrigas. Lilibeth Arias. Alexandra Jimenez-Melsió. Cristina Vilaplana. Mercè Amat. Pere-Joan Cardona</p>	<p>Efficacy study of therapeutic vaccine RUTI in the murine model C3HeB/FeJ of active tuberculosis</p>	<p>Microbiologia Medicina. UD Hospital Germans Trias i Pujol</p>
19	<p>Maria Vidal. Marta Arch. Esther Fuentes. Pere-Joan Cardona</p>	<p>Developing mycobacterial infections in <i>Drosophila melanogaster</i>: model characterization and future antituberculous therapies testing</p>	<p>Microbiologia Medicina. UD Hospital Germans Trias i Pujol</p>
20	<p>Natàlia Pozuelo, Maria Vidal, Marta Arch, Esther Fuentes, Pere-Joan Cardona</p>	<p>Evaluation of the possible cheating phenomenon in diferent phenazine-producing atrains of <i>Pseudomonas aeruginosa</i> and its advantages for the host's fitness in the <i>Drosophila melanogaster</i> infection model.</p>	<p>Microbiologia Medicina. UD Hospital Germans Trias i Pujol</p>