



FACULTAD DE VETERINARIA

**X Jornada de Difusión de la Investigación de los Alumnos de
Doctorado de la Facultad de Veterinaria de la UCM
(X VETINDOC-8º PhDay UCM)**



Madrid, 27 de junio de 2024
Facultad de Veterinaria - UCM

**LIBRO DE RESÚMENES
2024**



**X Jornada de Difusión de la Investigación de los Alumnos
de Doctorado de la Facultad de Veterinaria de la UCM
(X VETINDOC-PhDay UCM 2024)**

Madrid, 27 de junio de 2024

LIBRO DE RESÚMENES

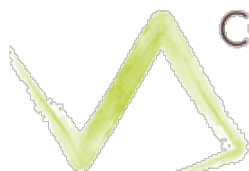


FACULTAD DE VETERINARIA



ESCUELA DE
DOCTORADO
UNIVERSIDAD COMPLUTENSE
DE MADRID

Con la colaboración de



COLEGIO OFICIAL
DE VETERINARIOS
DE MADRID



MSD
Animal Health

COMITÉ DE HONOR

Equipo decanal de la Facultad de Veterinaria

Consuelo Serres Dalmau (Decana)

Manuela Fernández Álvarez (Vicedecana de Posgrado, Ordenación Académica y Relaciones Institucionales)

María Arias Álvarez (Vicedecana de Investigación, Transferencia y Biblioteca)

Paloma Forés Jackson (Vicedecana de Estudiantes y Orientación Profesional)

Amalia Diez Martín (Vicedecana de Calidad)

María de los Ángeles Jiménez Martín (Vicedecana de Comunicaciones, Redes e Innovación Docente)

José Antonio Ruiz Santa Quiteria Serrano de la Cruz (Secretario Académico)

Ignacio de Gaspar Simón (Delegado para la Coordinación del Grado en Veterinaria)

Raquel Pérez Sen (Delegada para Ciencia y Tecnología de los Alimentos)

Elena Martínez de Merlo (Delegada para Prácticas Externas, Rotatorio y Trabajo de Fin de Grado del Grado de Veterinaria)

Isabel Cambero Rodríguez (Delegada para la Orientación y Proyección de Ciencia y Tecnología de los Alimentos)

COMITÉ ORGANIZADOR

Estudiantes de Doctorado de la Facultad de Veterinaria

Lucía Alamán Trigo (Departamento de Medicina y Cirugía Animal)

Paula Carrizo Coronado (Departamento de Sanidad Animal)

Belén Crespo Cortés (Sección Departamental de Fisiología)

Laila El Ouazizi El Kahia (Departamento de Producción Animal)

Jon Fernández González (Departamento de Producción Animal)

Josué Jara Pérez (Sección Departamental de Tecnología Alimentaria)

Sergio Quevedo Caraballo (Departamento Sanidad Animal)

Ada Quintero Pérez (Sección Departamental de Farmacología y Toxicología)

Carlos Serna Bernaldo (Departamento de Sanidad Animal)

Con el apoyo de:

Vicedecanato de Posgrado, Ordenación Académica y Relaciones Institucionales (Facultad de Veterinaria)

Vicedecanato de Investigación, Transferencia y Biblioteca (Facultad de Veterinaria)

Unidad de Divulgación Científica-UdcVet (Facultad de Veterinaria)

Gerencia de la Facultad de Veterinaria

COMITÉ CIENTÍFICO

Profesores y Doctores de los Departamentos y Secciones Departamentales de la Facultad de Veterinaria

Sergio Álvarez Pérez (Departamento de Sanidad Animal)

Virginia García Sanz (Departamento de Medicina y Cirugía Animal)

Silvia Gimeno Martos (Sección Departamental de Fisiología Animal)

Izaskun Martín Cabrejas (Sección Departamental de Tecnología Alimentaria)

Helena María Moreno Conde (Sección Departamental de Tecnología Alimentaria)

Pilar Pérez Lloret (Sección Departamental de Anatomía y Embriología)

Raquel Velasco de Diego (Sección Departamental de Tecnología Alimentaria)

Alejandro Vicente Carrillo (Departamento de Producción Animal)

9:00–9:30 h. APERTURA DE LA JORNADA

D.^a Consuelo Serres Dalmau, Decana de la Facultad de Veterinaria

D.^a Manuela Fernández Álvarez, Vicedecana de Posgrado, Ordenación Académica y Relaciones Institucionales

9:30–11:15 h. SESIÓN 1 DE COMUNICACIONES ORALES

Inmunidad y enfermedades zoonóticas

9:30–9:45 h. Evaluación de la virulencia de aislados tipo III de *Toxoplasma gondii* en un modelo murino normalizado. **Martha Ynés Salas Fajardo**. Departamento de Sanidad Animal.

9:45–10:00 h. Efecto de la inmunidad entrenada en SARS-CoV-2 en modelo ratón. **Lidia Sánchez Morales**. Departamento de Sanidad Animal.

10:00–10:15 h. Nanovacunas contra la leishmaniosis canina: un ensayo clínico doble ciego, controlado y multicéntrico. **Clara Hurtado Morillas**. Departamento de Sanidad Animal.

10:30–10:45 h. El papel de los lagomorfos silvestres como reservorios de la infección por *Leishmania infantum* en parques zoológicos de Madrid. **Pablo Moraleda Berral**. Departamento de Sanidad Animal.

10:45–11:00 h. Identificación de biomarcadores durante el aborto temprano en la toxoplasmosis ovina. **Natalia Velasco Jiménez**. Departamento de Sanidad Animal.

11:00–11:15 h. La selección natural como herramienta contra la infestación de varroa en las colmenas de *Apis mellifera*. **Antonio Pérez Pérez**. Departamento de Sanidad Animal.

11:30–12:00 h. SESIÓN DE PÓSTERES

Cambios en los ácidos grasos ramificados fecales en perros con distintas enteropatías crónicas. **Cristina Higuera López**. Departamento de Producción Animal.

Secuenciación y análisis bioinformático y funcional del genoma de *Streptococcus salivarius* MDI13 y *Lactilactobacillus sakei* MEI5: dos bacterias lácticas con potencial probiótico aisladas de merluzas europeas (*Merluccius merluccius*, L.). **Lara Díaz Formoso**. Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos.

Los tratamientos anti-receptor de andrógenos reducen la progresión tumoral en el cáncer de mama inflamatorio canino. **Belén Crespo Cortés**. Sección Departamental de Fisiología.

Huella metabolómica de distintos tipos de jamón curado elaborados en España: Monitorización y caracterización mediante 1H-RMN. **Víctor Remiro Yagüe**. Sección Departamental de Tecnología Alimentaria.

Efecto de las citoquinas proinflamatorias IFN- γ y TNF- α en la infección por *Neospora caninum* en células de placenta bovina. **Sandra Montaner Da Torre**. Departamento de Sanidad Animal.

Differences in transcriptional regulation of common ALV-E promoter SNPs in response to molecules of biological interest. **Sergio Fandiño González**. Departamento de Sanidad Animal.

12:15–14:00 h. SESIÓN 2 DE COMUNICACIONES ORALES

Innovaciones en medicina veterinaria y bienestar animal

12:15–12:30 h. Determinación de los índices hemodinámicos renales por ecografía Doppler en perros sanos. **Jorge Ortiz Gutiérrez**. Departamento de Medicina y Cirugía Animal.

12:30–12:45 h. Desentrañando los efectos de la exposición prolongada a fungicidas sobre el crecimiento de *Metschnikowia reukaufii*. **Sergio Quevedo-Caraballo**. Departamento de Sanidad Animal.

12:45–13:00 h. Formalización del conocimiento de la medicina interna en veterinaria para la creación de un sistema inteligente de apoyo al diagnóstico. **Lucía Alamán Trigo**. Departamento de Medicina y Cirugía Animal.

13:15–13:30 h. Efecto del peso corporal y el genotipo sobre el transcriptoma hepático fetal en cerdo ibérico. **Pedro Vázquez Ortego**. Departamento de Producción Animal.

13:30–13:45 h. Logros y dificultades en la construcción de un repertorio naïve de anticuerpos recombinantes de conejo. **Santiago Rodríguez Gómez**. Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos.

13:45–14:00 h. Bienestar de la trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) en el aturdimiento previo al sacrificio. **Roberto González Garoz**. Departamento de Producción Animal.

16:00–17:30 h. SESIÓN 3 DE COMUNICACIONES ORALES

Resistencia a antibióticos y genética microbiana

16:00–16:15 h. Epidemiología molecular de β -Lactamasas de Espectro Extendido en un entorno *One Health*. **Javier F. Favieres**. Departamento de Sanidad Animal.

16:15–16:30 h. Heterogeneidad fenotípica en el Superintegrón. **Amalia Prieto Nieto**. Departamento de Sanidad Animal.

16:45–17:00 h. La anaerobiosis modula la función de los genes de resistencia en *Enterobacterales*. **Laura Ortiz Miravalles**. Departamento de Sanidad Animal.

17:00–17:15 h. Bases moleculares de la amplificación adaptativa del gen de la carbapenemasa NDM-1. **Mario Pulido Vadillo**. Departamento de Sanidad Animal.

17:15–17:30 h. *Salmonella* Typhimurium monofásica en porcino: ¿Más resistente y más virulenta? **Paula Carrizo Coronado**. Departamento de Sanidad Animal.

17:30–18:00 h. CLAUSURA

ÍNDICE

COMUNICACIONES ORALES

01.	Evaluación de la virulencia de aislados tipo III de <i>Toxoplasma gondii</i> en un modelo murino normalizado Martha Ynés Salas Fajardo	9
02.	Efecto de la inmunidad entrenada en SARS-CoV-2 en modelo ratón Lidia Sánchez Morales	10
03.	Nanovacunas contra la leishmaniosis canina: un ensayo clínico doble ciego, controlado y multicéntrico Clara Hurtado Morillas	11
04.	El papel de los lagomorfos silvestres como reservorios de la infección por <i>Leishmania infantum</i> en parques zoológicos de Madrid Pablo Moraleda Berral	12
05.	Identificación de biomarcadores durante el aborto temprano en la toxoplasmosis ovina Natalia Velasco Jiménez	13
06.	La selección natural como herramienta contra la infestación de varroa en las colmenas de <i>Apis mellifera</i> Antonio Pérez Pérez	14
07.	Determinación de los índices hemodinámicos renales por ecografía doppler en perros sanos Jorge Ortiz Gutiérrez	15
08.	Desentrañando los efectos de la exposición prolongada a fungicidas sobre el crecimiento de <i>Metschnikowia reukaufii</i> Sergio Quevedo Caraballo	16
09.	Formalización del conocimiento de la medicina interna en veterinaria para la creación de un sistema inteligente de apoyo al diagnóstico Lucía Alamán Trigo	17
010.	Influencia funcional del hígado en el desarrollo prenatal en cerdo ibérico Pedro Vázquez Ortego	21
011.	Logros y dificultades en la construcción de un repertorio naïve de anticuerpos recombinantes de conejo Santiago Rodríguez Gómez	22
012.	Bienestar de la trucha arcoíris (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) en el aturdimiento previo al sacrificio. Roberto González Garoz	23
013.	Epidemiología molecular de β -Lactamasas de Espectro Extendido en un entorno <i>One Health</i> . Javier Fernández Favieres	24
014.	Heterogeneidad fenotípica en el Superintegrón Amalia Prieto Nieto	25
015.	La anaerobiosis modula la función de los genes de resistencia en <i>Enterobacterales</i> . Laura Ortiz Miravalles	26
016.	Bases moleculares de la amplificación adaptativa del gen de la carbapenemasa NDM-1 Mario Pulido Vadillo	27
017.	<i>Salmonella</i> Typhimurium monofásica en porcino: ¿Más resistente y más virulenta? Paula Carrizo Coronado	28

ÍNDICE

COMUNICACIONES EN PÓSTER

- P1. Cambios en los ácidos grasos ramificados fecales en perros con distintas enteropatías crónicas
Cristina Higuera López 30
- P2. Secuenciación y análisis bioinformático y funcional del genoma de *Streptococcus salivarius* MDI13 y *Lactilactobacillus sakei* MEI5: dos bacterias lácticas con potencial probiótico aisladas de merluzas europeas (*Merluccius merluccius*, L.)
Lara Díaz Formoso 31
- P3. Los tratamientos anti-receptor de andrógenos reducen la progresión tumoral en el cáncer de mama inflamatorio canino
Belén Crespo Cortés 32
- P4. Huella metabolómica de distintos tipos de jamón curado elaborados en España: Monitorización y caracterización mediante ¹H-RMN
Víctor Remiro Yagüe 33
- P5. Efecto de las citoquinas proinflamatorias IFN- γ y TNF- α en la infección por *Neospora caninum* en células de placenta bovina
Sandra Montaner Da Torre 34
- P6. Differences in transcriptional regulation of common ALV-E promoter SNPs in response to molecules of biological interest
Sergio Fandiño González 35

Comunicaciones orales

EVALUACIÓN DE LA VIRULENCIA DE AISLADOS TIPO III DE *Toxoplasma gondii* EN UN MODELO MURINO NORMALIZADO

Martha Ynés Salas-Fajardo^{1,2}, Ana Huertas-López^{2,3}, Natalia Velasco-Jiménez²,
Gema Álvarez-García², Luis Miguel Ortega-Mora², Rafael Calero-Bernal²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia, España

marthays@ucm.es

Toxoplasma gondii es un parásito zoonótico con un gran impacto en la sanidad animal y en la salud pública. La virulencia de *T. gondii* se ha evaluado basándose en la mortalidad observada en un modelo murino experimental. Según este paradigma, los aislados del tipo III se han clasificado como de virulencia baja o nula, aunque estudios recientes señalan resultados discrepantes. El objetivo de este estudio fue evaluar la virulencia de 20 aislados del tipo III usando un modelo normalizado murino (estirpe Swiss-CD1) inoculado con una DL₍₅₀₎ de 1000 taquizoítos por vía intraperitoneal. Los parámetros evaluados hasta el día 30 postinoculación (postin) fueron la mortalidad, la morbilidad, los signos clínicos, el recuento y medición de quistes cerebrales mediante inmunotinción (DBL-FITC). Del total de aislados, el 25% fueron avirulentos, el 30% moderadamente virulentos y el 45% altamente virulentos (con grados de mortalidad >60%). La aparición de signos clínicos en los ratones se observó a partir del día 7 postin. en todos los aislados. Además, no se encontraron diferencias significativas entre el número de quistes cerebrales presentes entre aislados de baja, media y alta virulencia en el día 30 postin. Estos hallazgos sugieren que existe una alta variabilidad en el grado de virulencia entre las cepas del tipo III de *T. gondii* circulantes.

Agradecimientos: Proyecto PID2022; Beca PRONABEC (MYSF); Margarita Salas UE-NextGenerationEU (R-1593/2022) (AHL); Contrato FPI (CT62/23) (NVJ).

EFEECTO DE LA INMUNIDAD ENTRENADA EN SARS-COV-2 EN MODELO RATÓN

Lidia Sánchez-Morales^{1,2,3}, Néstor Porras², Teresa García-Seco², Marta Pérez-Sancho^{2,3}, Fátima Cruz², Sandra Barroso-Arévalo^{2,3}, Marta Diaz-Frutos^{2,3}, Aránzazu Buendía², Antonio Rodríguez-Bertos², Andrea Pérez-Domingo², Lucas Domínguez^{2,3}

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Centro de Vigilancia Sanitaria VISAVET, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

lidsan05@ucm.es

A raíz de la pandemia del COVID-19, surgieron preguntas sobre los posibles efectos de la vacuna de la BCG en la respuesta inmunitaria a la infección del SARS-CoV-2. En este estudio, utilizamos ratones k18-hACE2 divididos en tres grupos: (1) inmunizados con BCG e infectados con SARS-CoV-2 (BCG-SARS-CoV-2), (2) solo infectados con SARS-CoV-2 (SARS-CoV-2), y (3) controles negativos. Evaluamos las cargas virales, histopatología e inmunohistoquímica, especialmente en el cerebro, así como las tasas de mortalidad, signos clínicos, y biomarcadores inflamatorios y de coagulación en plasma. Los sacrificios se realizaron a los 3, 4 días post infección (dpi) y tras el desarrollo de la enfermedad. Los resultados mostraron que los ratones del grupo BCG-SARS-CoV-2 presentaron cargas virales más elevadas en el cerebro y mayor frecuencia de neuroinvasión. El análisis histopatológico reveló una mayor severidad de las lesiones cerebrales caracterizadas por neuroinflamación, aumento de la población de células gliales y degeneración neuronal en los ratones de este grupo a partir del 5 dpi. Estos ratones también presentaron valores más elevados de TNF- α y de dímero D que los animales del grupo SARS-CoV-2.

Los resultados de este estudio indican que esta estimulación previa con BCG podría haber intensificado las lesiones inflamatorias y neurodegenerativas que promueven la neuroinvasión y la diseminación del virus. Estos resultados resaltan la necesidad de investigar más a fondo la interacción entre inmunizaciones previas y la respuesta a nuevas infecciones virales.

Agradecimientos: Esta investigación fue financiada parcialmente por una subvención REACT-Unión Europea de la Comunidad de Madrid al proyecto ANTICIPA de la Universidad Complutense de Madrid (referencia PR38/21) y parcialmente por el PID2020-112966RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033.

NANOVACUNAS CONTRA LA LEISHMANIOSIS CANINA: UN ENSAYO CLÍNICO DOBLE CIEGO, CONTROLADO Y MULTICÉNTRICO

Clara Hurtado Morillas^{1,2}, Alicia Mas², Laura de Urbina², Abel Martínez-Rodrigo³, Gustavo Domínguez-Bernal²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España.

²Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

clarahur@ucm.es

La leishmaniosis canina (Lcan) es una enfermedad zoonótica causada por el protozoo *Leishmania infantum*, para la que no existe una vacuna capaz de evitar la infección en los perros [1]. En este contexto, el péptido HisDTC encapsulado en nanopartículas (NP) ha demostrado ser una alternativa preventiva eficaz frente a *L. infantum* en el modelo murino [2].

El objetivo de este estudio ha sido evaluar la seguridad e inmunogenicidad de esta formulación en la especie destino, los perros, realizando un ensayo clínico controlado, doble ciego y multicéntrico con 40 perros sanos de diferentes razas, sexos y edades. Los animales recibieron dos dosis (días 0 y 14) de la vacuna o placebo y se obtuvieron muestras de sangre en diferentes momentos a lo largo de un año para evaluar el perfil serológico e inmunológico. Tras la infección con *L. infantum* de macrófagos procedentes de los animales del ensayo, se observó, mediante citometría de flujo, que los perros vacunados presentaron menores porcentajes de infección en presencia de linfocitos autólogos. Asociada a esta protección, los perros vacunados presentaron un inmunofenotipo resistente caracterizado por la producción de IFN- γ y TNF- α , activación de linfocitos T y altos títulos de anticuerpos IgG2a anti-HisDTC. Además, ningún perro mostró reacciones adversas. Estos resultados convierten a HisDTC en NP en una opción preventiva segura y eficaz contra la Lcan.

Bibliografía

1. Velez, R., Gállego, M. Commercially approved vaccines for canine leishmaniosis: a review of available data on their safety and efficacy. *Trop Med Int Health*, 2020. 25(5): p. 540-557.
2. Hurtado-Morillas, C., *et al.*, Enhancing control of *Leishmania infantum* infection: A multi-epitope nanovaccine for durable T-cell immunity. *Animals* (Basel), 2024. 14(4).

Agradecimientos: Esta investigación ha sido posible gracias a la financiación del Ministerio de Economía (PID2019-106487RB-I00).

EL PAPEL DE LOS LAGOMORFOS SILVESTRES COMO RESERVORIOS DE LA INFECCIÓN POR *LEISHMANIA INFANTUM* EN PARQUES ZOOLOGÍCOS DE MADRID

Pablo Moraleda-Berral^{1,2}, Ana Montoya², Eva Martínez-Nevado³, Lino Pérez de Quadros⁴, Juncal García³, Manuel de la Riva⁴, Efrén Estévez², Jaime Heredia², Juan Pedro Barrera², Rosa Gálvez⁵, Guadalupe Miró²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Zoo de Madrid, España.

⁴Faunia, Madrid, España

⁵Departamento de Didácticas Específicas, Facultad de Formación de Profesorado y Educación, Universidad Autónoma de Madrid, España

pmoraled@ucm.es

En los últimos años se ha reportado una prevalencia variable (10%- 61%) de la infección por *Leishmania infantum* en lagomorfos silvestres en España; asimismo, se han descrito casos de leishmaniosis clínica en animales silvestres alojados en parques zoológicos de España [wallaby de Bennet (*Macropus rufogriseus*), orangután (*Pongo pygmaeus*), nutria europea (*Lutra lutra*)], localizándose estos centros zoológicos en zonas endémicas de leishmaniosis tanto humana como animal.

El objetivo del estudio fue evaluar la infección por *Leishmania infantum* en los conejos silvestres (*Oryctolagus cuniculus*) que pueden acceder a los parques zoológicos de Madrid, pudiendo actuar como reservorio de esta enfermedad y suponer un riesgo para las especies de estos parques.

Para ello, se recogieron muestras *post mortem* de piel de la oreja (n=50) y bazos (n=49) de conejos de campo del Zoo Aquarium de Madrid y de Faunia, que han aparecido muertos en estos centros. Todas las muestras biológicas se almacenaron a -20°C para su posterior análisis. Para la detección de ADN de *Leishmania* en las muestras biológicas mencionadas se empleó la técnica de PCR anidada.

Los resultados preliminares indican la detección de ADN de *L. infantum* en el 12,5% (2/16) de las muestras de piel y el 10,5% (4/38) de las muestras de bazo.

En conclusión, es necesario considerar y analizar el papel de estos lagomorfos por si pueden suponer un riesgo para los animales residentes de los parques zoológicos de Madrid.

Agradecimientos: Al personal veterinario de ambos parques zoológicos por permitir realizar este estudio y siempre estar dispuestos a ayudar en todo, así como al equipo investigador de PetParasiteLab por la oportunidad de hacer la tesis doctoral con ellos.

IDENTIFICACIÓN DE BIOMARCADORES DURANTE EL ABORTO TEMPRANO EN LA TOXOPLASMOSIS OVINA

Natalia Velasco-Jiménez^{1,2}, Roberto Sánchez-Sánchez², Ana Huertas-López^{2,3}, David Arranz-Solís², Rafael Calero-Bernal², Pilar Horcajo², Luis Miguel Ortega-Mora²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España
Madrid, España

³Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia, España

natalvel@ucm.es

Toxoplasma gondii es un parásito zoonótico que produce fallo reproductivo en ovino y caprino. El aborto temprano es una forma clínica de presentación de la toxoplasmosis ovina que se ha observado en infecciones experimentales y cuyas características (trombosis placentaria en ausencia del parásito en este tejido y madre seronegativa en el momento del aborto) dificultan su diagnóstico. El objetivo de este trabajo fue la identificación de biomarcadores que faciliten la identificación del aborto temprano. Para ello, se llevó a cabo el estudio de la respuesta inmunitaria periférica en ovejas gestantes desafiadas con 1000 ooquistes de *T. gondii* (cepa TgShSp1). Los resultados mostraron que, en los animales inoculados, se produce un aumento de citoquinas proinflamatorias (CXCL9, CXCL10 e IFN-g) a partir del día 5 postinfección (pi), antes de la aparición del aborto temprano (día 8 pi). Posteriormente, se produce un incremento en los niveles séricos de IgM e IgG específicos a partir de los días 10 y 20 pi, respectivamente. Estos biomarcadores se utilizarán para investigar la presencia de abortos tempranos en brotes de la infección natural y se estudiará su especificidad mediante el análisis de muestras de ovejas abortadas por otras causas infecciosas.

Agradecimientos: financiación MICIU/AEI (PID2022-138673OB-C21). Contrato FPI (CT62/23) (NVJ). Margarita Salas UE-Next Generation EU (R-1593/2022) (AHL). Atracción de Talento Comunidad de Madrid modalidad 2 (2020-T2/BIO-19840) (DAS).

LA SELECCIÓN NATURAL COMO HERRAMIENTA CONTRA LA INFESTACIÓN DE VARROA EN LAS COLMENAS DE *APIS MELLIFERA*

Antonio Pérez^{1,2,3}, Mariano Higes², Raquel Martín², Aránzazu Meana³

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Centro de Investigación Apícola y Agroambiental (CIAPA), Marchamalo, Guadalajara, España

³Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

antope05@ucm.es

Uno de los problemas sanitarios más relevantes en la actual apicultura es la infestación de las colonias por el ácaro *Varroa destructor*. La selección natural en *Apis mellifera* ha demostrado que hay colonias que han desarrollado mecanismos para resistir las infestaciones de *Varroa* sin control alguno sobre ellos. Esto se ha verificado en colmenas silvestres, mientras que en colmenas en las que algún tratamiento químico se ha utilizado, este efecto no es tan apreciable.

Existe un problema relacionado con la forma de apareamiento de las abejas, que provoca que los genes de resistencia entre poblaciones vecinas se dispersen a una velocidad mayor de la que tardan en estabilizarse en la propia población. Esto reduce notablemente el efecto de la selección natural.

Entre los más eficientes mecanismos utilizados por las abejas frente a los ácaros están la limpieza de ácaros en fase dispersiva entre individuos, el comportamiento higiénico y la limpieza de celdas infectadas. Los genes relacionados se ven potenciados por la selección natural, buscándose detectar su presencia mediante PCR.

En la UE, ya se han obtenido colmenas resistentes en siete países y se han creado programas de cría de estas líneas genéticas. El objetivo de este trabajo es presentar los protocolos elaborados en el proyecto Better-B la basado en el sistema “Darwinian Black Box Selection”, para intentar obtener poblaciones resistentes en España y calcular la eficiencia en nuestro país.

Agradecimientos: Al personal del CIAPA, a mis tres tutores.

DETERMINACIÓN DE LOS ÍNDICES HEMODINÁMICOS RENALES POR ECOGRAFÍA DOPPLER EN PERROS SANOS

Jorge Ortiz Gutiérrez^{1,2,3}, María de los Ángeles Daza Gonzalez³, Hernán Fominaya
García^{2,3}, Miriam Portero Fuentes^{2,3}

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad
Complutense de Madrid, España

²Departamento de Medicina y Cirugía Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de
Madrid, España

³Hospital Clínico Veterinario Complutense, Universidad Complutense de Madrid, España

jorgor01@ucm.es

Antecedentes: los índices hemodinámicos renales (IHR) permiten evaluar la microcirculación renal ayudando a determinar el grado de daño renal. Los principales IHR son el índice de Resistencia (IR) y el Índice de Pulsatilidad (IP). A pesar de esto, su uso en veterinaria no está extendido, existiendo muy pocos estudios al respecto.

Objetivos:

- Determinar los valores de referencia en IHR para perros.
- Estudiar el efecto de la edad en los IHR.
- Evaluar si existe relación entre los IHR y la frecuencia cardiaca, presión arterial, sexo, estado reproductivo y hematocrito.

Material y métodos: se han medido mediante ecografía Doppler los IHR en 85 perros sanos (analítica sanguínea y exploración física) clasificados según edad.

Resultados: el envejecimiento en el paciente canino tiene una correlación positiva media con los IHR ($p < ,0001$ and $\rho = ,41$). Los valores de referencia propuestos para perros menores a 11 años son 0,48-0,71 y 0,7-1,51 para IR e IP respectivamente, mientras que en los mayores a 11 años son 0,54-0,79 y 0,78-1,83. La frecuencia cardiaca, presión arterial, sexo y hematocrito no ejercen ningún efecto en los IHR. Por otro lado, los IHR sí se pueden ver afectados por el estado reproductivo ($p = ,014$).

Conclusiones: la edad tiene influencia en los IHR. Por lo tanto, es recomendable tener valores de referencia específicos para perros geriátricos.

Agradecimientos: A todos los alumnos, veterinarios y otros miembros del HCVC que con su ayuda me han permitido hacer este estudio.

DESENTRAÑANDO LOS EFECTOS DE LA EXPOSICIÓN PROLONGADA
A FUNGICIDAS SOBRE EL CRECIMIENTO DE *METSCHNIKOWIA*
REUKAUFII

Sergio Quevedo-Caraballo^{1,2}, José L. Blanco², Marta E. García², Sergio Álvarez-Pérez²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

squeve01@ucm.es

Los fungicidas inhibidores de la 14 α -demetilasa (IDMs) son fundamentales para la agricultura moderna. Sin embargo, los IDMs pueden liberarse al ambiente y afectar a organismos no diana, incluyendo las levaduras que habitan el néctar floral y actúan como mediadores de las interacciones planta-animal. En este estudio se analizó el efecto de la exposición a largo plazo a imazalil (IZL), un IDM ampliamente utilizado en todo el mundo, sobre el crecimiento de *Metschnikowia reukaufii* (MR), la principal levadura del néctar a nivel mundial. Tres poblaciones de 10 cepas de MR fueron inoculadas en néctares artificiales con diferentes concentraciones de IZL. Tras 3,5 días, se transfirió una alícuota de los cultivos correspondientes a los tratamientos con IZL y de control a nuevos viales del mismo medio para simular la dispersión por insectos. Esta operación se repitió durante 4 meses. Los resultados mostraron que el número de células viables dependían significativamente de la concentración de IZL (0,5 μ g/ml \ll 0,031 | 0,125 | control), el tiempo de exposición y la interacción entre estos factores. Por otro lado, el análisis cluster de las series temporales de crecimiento de las poblaciones en los distintos tratamientos, mostró una clara diferenciación en el n^o células viables entre los tratamientos con mayor concentración de IZL (0,5 y 0,125 μ g/ml) y con respecto a la menor concentración (0,031 μ g/ml) y el tratamiento control. Por tanto, los IDMs tienen un impacto significativo sobre la capacidad de MR para medrar en su hábitat. Se deberá investigar en el futuro otros efectos que la exposición a IDMs pueda tener sobre las poblaciones microbianas del néctar y sus interacciones con plantas y polinizadores.

Agradecimientos: Proyecto CNS2022-135237 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por FEDER, UE.

FORMALIZACIÓN DEL CONOCIMIENTO DE LA MEDICINA INTERNA EN VETERINARIA PARA LA CREACIÓN DE UN SISTEMA INTELIGENTE DE APOYO AL DIAGNÓSTICO

Lucía Alamán Trigo^{1,2}, Ruth Luque Mengíbar³, Silvia Penelo Hidalgo², Gustavo Ortiz Díez^{2,4}

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Hospital Clínico Veterinario Complutense, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Universidad Alfonso X el Sabio, Facultad de Veterinaria, Villanueva de la Cañada, Madrid, España

⁴Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia, España

lalaman@ucm.es

El término “inteligencia artificial” (IA) se acuñó en 1956 en una conferencia realizada en Dartmouth. La IA se define como: “campo de la ciencia y la ingeniería que se ocupa de la comprensión computacional de lo que comúnmente se denomina comportamiento inteligente y de la creación de artefactos que muestren dicho comportamiento” [1]. La IA puede utilizarse en diferentes ámbitos, entre ellos: sanidad, educación, electrónica, desarrollo de software, farmacia, videojuegos, ingeniería, comunicación y desarrollo [2,3].

En medicina humana la IA se puede dividir en dos ramas. La rama física, que se basa en la creación de robots que realizan una función humana (ej.: Robot quirúrgico Da Vinci); y la rama virtual se basa en la creación de sistemas de control de gestión sanitaria y sistemas de manejo clínico que tienen como objetivo mejorar el diagnóstico, el tratamiento y la gestión de enfermedades [4-6]. Los sistemas de apoyo a la decisión clínica (CDSS, por sus siglas en inglés), forman parte de este segundo grupo, y son sistemas informáticos de apoyo a la toma de decisiones en medicina que se han utilizado para una amplia variedad de propósitos (calidad, seguridad, y eficiencia), y en una variedad de dominios clínicos, como la detección, el diagnóstico y la terapia [7,8].

La clasificación de los CDSS puede realizarse dependiendo de su intención clínica (diagnóstico, tratamiento, prevención), forma de intervención (activa o pasiva), momento de intervención (antes, durante o después de la decisión clínica), entrada de datos (manual o automática) y la tecnología utilizada: *Knowledge-based* (KB) o *non-Knowledge-based* (nKB) [8,9] Los sistemas KB se basan en conocimiento experto elaborado a partir de médicos, libros, artículos, y *guidelines*, mientras que los CDSS nKB se basan en extraer información de los datos, creándose de manera automática conocimiento [10,11].

Desde la década de los sesenta, algunos investigadores han desarrollado sistemas denominados sistemas de soporte a la decisión diagnóstica, los cuales utilizan datos para generar posibles diagnósticos. Estos sistemas expertos aplican conocimientos médicos y son capaces de procesar grandes cantidades de información para producir resultados de diagnóstico precisos. En 1982, aparece el primer sistema que apoya la toma de decisiones diagnósticas en todo el campo de la medicina interna humana, INTERNIST-I. Se tardó en crear el equivalente a 15 años/persona. E igualó a un médico promedio al proponer un diagnóstico, pero no consiguió igualar a médicos expertos en el área [4,5,12].

En el campo de la medicina veterinaria, se han desarrollado varios sistemas para el diagnóstico de enfermedades en diferentes especies [13-17]. La mayor parte de estos sistemas han sido desarrollados por informáticos haciendo énfasis en el desarrollo de la tecnología informática que permite realizar el diagnóstico, empleando el ámbito veterinario como un banco de pruebas para comprobar su efectividad. Una consecuencia de lo anterior es que, casi siempre se considera un número bastante reducido de enfermedades y signos, siendo más pruebas de concepto de las tecnologías informáticas, que sistemas preparados para su uso real.

En los últimos años, hay un auge de los sistemas basados en nKB. Actualmente son los más investigados, y se están creando sistemas de diagnóstico sobre todo basados en imágenes como pueden ser los estudios radiológicos [18,19].

También se están realizando investigaciones con bases de datos extensas tratados mediante diferentes nKB en distintas universidades reconocidas a nivel mundial como pueden ser: UC Davis Center for Data Science and Artificial Intelligence Research en la Universidad de California [20] o Small Animal Veterinary Surveillance Network de la Universidad de Liverpool [21].

Nuestro trabajo consiste en crear un sistema de apoyo al diagnóstico mediante el uso de una herramienta KB con el objetivo de que sea útil para la práctica clínica veterinaria de pequeños animales y que también, sea una herramienta para la formación de los estudiantes de veterinaria.

La base de datos se está construyendo a través del conocimiento recogido en libros expertos de medicina interna en pequeños animales [22,23]. El lenguaje utilizado para la transformación de este conocimiento experto a un lenguaje con el que un ordenador pueda trabajar es el “lenguaje de marcado extensible” (XML, por sus siglas en inglés), ya que está diseñado para almacenar y transmitir datos estructurados y cuenta con diversas ventajas, tales como: legibilidad humana (utiliza etiquetas y elementos fácilmente reconocibles que permiten una fácil interpretación y comprensión de los datos), plataforma independiente, flexibilidad y extensibilidad (se pueden definir etiquetas y estructuras personalizadas según las necesidades específicas de una aplicación), compatibilidad con otros lenguajes, separación entre datos y presentación y un amplio soporte y herramientas.

Este proyecto consta de cuatro etapas: Análisis (definición de la hipótesis de trabajo), Creación (de un primer prototipo), Integración (pruebas en entorno real) y Extensión y refinamiento.

Actualmente, se ha escrito en lenguaje de almacenamiento XML, los árboles de decisión de “*Textbook of Veterinary Internal Medicine*” [22] cuya novena edición ha salido en marzo de 2024, por lo que, se han tenido que reescribir las partes que han cambiado con respecto la octava edición, evidenciando una de las desventajas de los KB. También se ha comenzado el lenguaje XML para las listas de diagnósticos diferenciales cogiendo el conocimiento del “*Small Animal Medical Differential Diagnosis*” [23], y se ha comenzado con la maquetación de la aplicación que permitirá al usuario utilizar dicho conocimiento.

Consideramos que es un proyecto innovador ya que rara vez estos sistemas expertos de diagnóstico de enfermedades en medicina veterinaria han sido realizados por un veterinario. Y que, además, puede mejorar la eficiencia y la atención al paciente, y ser una herramienta útil en la educación.

Bibliografía

1. Combi, C., Shahar, Y., Abu-Hanna, A. (2009). *Artificial Intelligence in Medicine: 12th Conference on Artificial Intelligence in Medicine in Europe, AIME 2009, Verona, Italy, July 18-22, 2009, Proceedings* (Vol. 5651). Springer Science & Business.
2. Zhang, C., Lu, Y. (2021). Study on artificial intelligence: The state of the art and future prospects. *Journal of Industrial Information Integration*, 23.
3. Lu, Y. (2019). Artificial intelligence: a survey on evolution, models, applications and future trends. *Journal of Management Analytics*, 6(1), 1-29.
4. Hamet, P., Tremblay, J. (2017). Artificial intelligence in medicine. *Metabolism*, 69, S36-S40.
5. Kaul, V., Enslin, S., Gross, S.A. (2020). History of artificial intelligence in medicine. *Gastrointestinal endoscopy*, 92(4), 807-812.
6. Schatz, C.V.D., Schneider, F.K. (2011, September). Intelligent and expert systems in medicine—a review. *XVIII Congreso Argentino de Bioingeniería SABI*, pp. 28-30.
7. Berner, E.S., La Lande, T.J. (2016). Overview of clinical decision support systems. *Clinical decision support systems: Theory and practice*, 1-17.
8. Wright, A., Sittig, D.F. (2008). A four-phase model of the evolution of clinical decision support architectures. *International Journal of Medical Informatics*, 77(10), 641-649.
9. Middleton, B., Sittig, D.F., Wright, A. (2016). Clinical decision support: a 25 year retrospective and a 25 year vision. *Yearbook of Medical Informatics*, 25(S 01), S103-S116.
10. Beeler, P.E., Bates, D.W., Hug, B.L. (2014). Clinical decision support systems. *Swiss Medical Weekly*, 144(5152), w14073-w14073.
11. Farooq, K., Khan, B.S., Niazi, M.A., Leslie, S.J., Hussain, A. (2017). Clinical decision support systems: A visual survey. *arXiv preprint arXiv:1708.09734*.
12. Ramesh, A.N., Kambhampati, C., Monson, J.R., & Drew, P.J. (2004). Artificial intelligence in medicine. *Annals of the Royal College of Surgeons of England*, 86(5), 334.
13. Hennes Thoenner, M.B., Ersbøll, B.K., Jansson, N., Hesselholt, M. (2003). Diagnostic decision rule for support in clinical assessment of the need for surgical intervention in horses with acute abdominal pain. *Canadian Journal of Veterinary Research*, 67(1), 20.
14. Li, D., Fu, Z., Duan, Y. (2002). Fish-Expert: a web-based expert system for fish disease diagnosis. *Expert Systems with Applications*, 23(3), 311-320.
15. Xu, Y. (2002). K9er (canine emergency room): a veterinary practice simulator based on the integration of an expert system and a physiological simulation.
16. Marlinda, L., Widiyawati, W., Indrarti, W., Widiastuti, R. (2020). Dog disease expert system using certainty factor method. *Sinkron: Jurnal dan Penelitian Teknik Informatika*, 4(2), 98-104.
17. Niu, L., Yang, C., Du, Y., Qin, L., Li, B. (2020). Cattle Disease Auxiliary Diagnosis and Treatment System Based on Data Analysis and Mining. In *2020 5th International Conference on Computer and Communication Systems (ICCCS)* (pp. 24-27). IEEE.
18. Hennessey, E., DiFazio, M., Hennessey, R., Cassel, N. (2022). Artificial intelligence in veterinary diagnostic imaging: A literature review. *Veterinary Radiology & Ultrasound*.

19. Li, S., Wang, Z., Visser, L.C., Wisner, E.R., Cheng, H. (2020). Pilot study: application of artificial intelligence for detecting left atrial enlargement on canine thoracic radiographs. *Veterinary Radiology & Ultrasound*, 61(6), 611-618.
20. Artificial Intelligence in Veterinary Medicine – University of California. Accessed May 6, 2024. <https://ai.vetmed.ucdavis.edu/>
21. Small Animal Veterinary Surveillance Network (SAVSNET) – University of Liverpool. Accessed May 7, 2024. <https://www.liverpool.ac.uk/savsnet/>
22. Ettinger, S.J., Feldman, E.C., Cote, E. (2024). *Ettinger's Textbook of Veterinary Internal Medicine*. Elsevier Health Sciences.
23. Thompson, M. (2017). *Small Animal Medical Differential*. Elsevier Health Sciences.

INFLUENCIA FUNCIONAL DEL HÍGADO EN EL DESARROLLO PRENATAL EN CERDO IBÉRICO

Pedro Vázquez-Ortego^{1,2}, A. López-García², Y. Núñez², C. García-Contreras², M. Vázquez-Gómez³, S. Astiz², A. Heras-Molina³, B. Isabel³, A. González-Bulnes², C. Óvilo², M. Muñoz²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, España

³Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

pedrov01@ucm.es

El cerdo ibérico se caracteriza por tener una baja capacidad uterina y presentar una alta variabilidad en el peso al nacimiento de los lechones, que viene determinada durante el desarrollo fetal y condiciona el crecimiento posterior. El hígado es el órgano principal de control de la homeostasis metabólica y es clave para la programación intrauterina. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es analizar el transcriptoma hepático de fetos de cerdo ibérico con crecimiento fetal extremo para poder determinar los genes y rutas biológicas que intervienen en su crecimiento y desarrollo.

Se realizó la secuenciación del RNAseq hepático de fetos ibéricos con peso corporal extremo procedentes de cerdas ibéricas que fueron sometidas a una restricción dietética. El análisis bioinformático subsiguiente se llevó a cabo con los programas Hisat2–HTseq-counts–DESeq2, considerándose como genes diferencialmente expresados (DEGs) aquellos con un q -value < 0.1 y fold-change (FC) $\geq |1.2|$.

El análisis de expresión génica diferencial entre fetos ibéricos con valores extremos de peso permitió identificar 824 DEGS: 398 sobreexpresados en ibéricos pequeños y 426 en los grandes. Se encontraron diferentes DEGs, destacando el gen LEPR, que regula el balance energético, y otros genes implicados en el metabolismo lipídico y la respuesta inmune e inflamatoria

Este trabajo permitió identificar genes relacionados con la regulación del desarrollo y la homeostasis metabólica durante el periodo de vida fetal.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2013-48121-C3-R y PID2019-108695RB-C31/MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (MICINN, FEDER, AEI). Ayuda PREP2022-000441 financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por el FSE+.

LOGROS Y DIFICULTADES EN LA CONSTRUCCIÓN DE UN REPERTORIO NAÏVE DE ANTICUERPOS RECOMBINANTES DE CONEJO

Santiago Rodríguez^{1,2}, Aina García², Teresa García², Rosario Martín²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Bioquímica, Biología Molecular y Biomedicina, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid, España

santro03@ucm.es

Durante décadas, los conejos han sido una fuente excepcional de anticuerpos empleados en técnicas de detección, diagnóstico y terapia. La singular ontogenia de sus linfocitos B les proporciona repertorios de anticuerpos con una elevada diversidad, afinidad y especificidad. Entre los métodos actuales para la generación de anticuerpos monoclonales, destaca la tecnología de *phage display*, que permite la selección *in vitro* de anticuerpos recombinantes mediante su presentación en la superficie de fagos filamentosos. El éxito de esta tecnología depende de la disponibilidad de un repertorio de anticuerpos altamente diverso.

En este trabajo, se presenta la optimización del proceso para la construcción de un repertorio naïve de anticuerpos de tipo scFv de conejo con suficiente diversidad para la selección de scFvs frente a una amplia variedad de dianas. Para lograr este objetivo, se extrajo el ARN de células B de sangre, médula ósea y bazo de 17 conejos sanos, utilizando diferentes procedimientos. Se realizaron 350 amplificaciones por PCR (86 combinaciones de cebadores), para cubrir la totalidad de genes V codificantes de las regiones variables de la cadena ligera (VL) y pesada (VH) de las inmunoglobulinas de conejo. Las regiones VL y VH se unieron mediante un péptido flexible a través de 400 reacciones de PCR por solapamiento. El repertorio se clonó en el vector pComb3XTT y se transformó en células de *E. coli* TG1 supercompetentes.

BIENESTAR DE LA TRUCHA ARCOÍRIS (*ONCORHYNCHUS MYKISS*) EN EL ATURDIMIENTO PREVIO AL SACRIFICIO

Roberto González Garoz^{1,2}, María Teresa Díaz², Almudena Cabezas², Jesús de la Fuente², Concepción Pérez⁴, Elisabet González de Chavarri², Andrea Martínez Villalba², Álvaro de la Llave-Propín^{2,3}, Morris Villarroel³, Rubén Bermejo-Poza²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³CEIGRAM-ETSIAAB. UPM, Madrid, España

⁴Departamento de Fisiología Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

robgon02@ucm.es

El reconocimiento de los peces como seres sintientes y la creciente preocupación social por su bienestar están impulsando el desarrollo de métodos de aturdimiento respetuosos en acuicultura. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el impacto en el bienestar de la trucha arcoíris del método de aturdimiento más habitual, el choque térmico, frente a dos alternativas de aturdimiento eléctrico en seco. Para este estudio se utilizaron 90 truchas arcoíris: 30 se aturdieron por choque térmico con agua y hielo (1:1), 30 eléctricamente a 200mA-2 seg (E200), y 30 a 400mA-0,5 seg seguido de 200mA-1,5 seg (E400). Ambos aturdimientos eléctricos fueron a 50Hz y 90V. Tras aturdir a los individuos se estudió el estado de consciencia y se tomaron muestras sanguíneas para estudiar parámetros relacionados con la respuesta de estrés. Los grupos E200 y E400 alcanzaron el estado de inconsciencia inmediatamente tras la aplicación del aturdimiento mientras que el grupo IH no. El cortisol plasmático presentó niveles más bajos en el grupo E400. Los ácidos grasos libres en plasma (NEFAs) fueron más bajos en los peces aturdidos eléctricamente (E200, E400) y la osmolalidad fue menor en E200 respecto al resto de grupos. Los resultados obtenidos muestran que el aturdimiento eléctrico tiene una mayor capacidad de generar inconsciencia y podría tener un menor impacto en el bienestar animal.

Agradecimientos: Proyecto WELLSTUN. Financiado por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA). PNAC/21.

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE β -LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO EN UN ENTORNO *ONE HEALTH*

Javier F. Favieres^{1,2}, José F. Delgado-Blas², Carlos Serna², Mario Pulido-Vadillo^{1,2}, Natalia Montero² y Bruno González-Zorn²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Antimicrobial Resistance Unit (ARU). Departamento de Sanidad Animal (Facultad de Veterinaria) y Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET), Universidad Complutense de Madrid, España

fferna10@ucm.es

La resistencia a antibióticos es una amenaza crítica para la salud humana, animal y ambiental. Por ello, es fundamental entender como los genes responsables fluyen entre estos compartimentos. El objetivo de este proyecto es estudiar las dinámicas de transmisión de genes de resistencia entre humanos, animales y el medio ambiente. Se utilizó como modelo *Escherichia coli* productor de β -lactamasas de espectro extendido (BLEEs).

Se tomaron muestras de granjas de cerdos, pacientes hospitalarios, aguas residuales y aguas fluviales. Utilizando medios selectivos con cefalosporinas, se aislaron 238 *E. coli* productores de BLEEs. Todos los aislados se secuenciaron con la tecnología Illumina.

El 76% de los aislados portaba *bla*_{CTX-M-15} o *bla*_{CTX-M-32}. Los aislados clínicos y de aguas residuales mostraban mayor heterogeneidad, con *bla*_{CTX-M-15} en el 36% de los aislados, *bla*_{CTX-M-32} en el 22% y *bla*_{CTX-M-27} en el 15%. En aislados porcinos, se encontró *bla*_{CTX-M-32} en el 77% de los genomas.

Se hallaron varios secuenciotipos en ambos ambientes, incluyendo ST38, ST410 y ST414. Los análisis filogenéticos revelaron una relación muy cercana entre aislados humanos y porcinos pertenecientes a ST38. Se observaron también plásmidos portadores de BLEEs muy similares provenientes de ambientes diferentes.

En conclusión, el estudio de un ecosistema mínimo nos permite, por primera vez, determinar la transmisión de clones de *E. coli* y elementos genéticos móviles entre humanos, animales y el medio ambiente.

HETEROGENEIDAD FENOTÍPICA EN EL SUPERINTEGRÓN

Amalia Prieto^{1,2,3}, Alberto Hipólito^{2,3}, Lucía García-Pastor^{2,3}, José Antonio Escudero^{2,3}

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET). Universidad Complutense de Madrid. España

amaliapr@um.es

El *Superintegrón* (SI) de *Vibrio cholerae* es una plataforma genética que capta, almacena y modula la expresión de genes codificados en pequeños elementos móviles denominados *cassettes*. La integrasa del SI es responsable de la integración y escisión de los *cassettes* y su expresión está regulada por la respuesta SOS (en ausencia de estrés está bloqueada por la unión de LexA a su caja). Hemos estudiado a nivel de células individuales la expresión de la integrasa del SI. Usando un reportero GFP y citometría detectamos heterogeneidad fenotípica en un 0.3-0.5% de la población, que expresa la integrasa en ausencia de estrés. Esto origina la formación de subpoblaciones P_{int}^{ON} y P_{int}^{OFF} . En mutantes *lexA_{ind}*, (respuesta SOS inactiva) la población P_{int}^{ON} desaparece, sugiriendo que es dependiente de la respuesta SOS. Para probar que los niveles de integrasa en la subpoblación P_{int}^{ON} son biológicamente relevantes, hemos desarrollado un reportero de recombinación en el que la actividad de la integrasa reconstituye un marcador de resistencia. Los ensayos sugieren que la expresión es suficiente para ser funcional. Actualmente estamos analizando la relación de la heterogeneidad en la transferencia horizontal de genes usando mutantes de los sistemas de defensa a plásmidos DdmABC y DdmDE. Los integrones generan adaptación a demanda en presencia de estrés, pero aquí demostramos que también generan variabilidad genética en su ausencia, representando una estrategia de pre-adaptación y *bet hedging*.

LA ANAEROBIOSIS MODULA LA FUNCIÓN DE LOS GENES DE RESISTENCIA EN *ENTEROBACTERALES*

Laura Ortiz Miravalles^{1,2,3}, Amalia Prieto Nieto^{1,2,3}, Nicolas Kieffer^{2,3}, Ester Vergara^{2,3}, Alberto Hipólito^{2,3}, José Antonio Escudero^{2,3}

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET). Universidad Complutense de Madrid. España

lortiz05@ucm.es

La resistencia antibiótica es una amenaza para la medicina moderna, y los integrones juegan un papel clave en su propagación al reclutar y portar *cassettes* de resistencia antibiótica (ARCs). Su caracterización suele hacerse en condiciones de laboratorio, que pueden diferir del ambiente anaerobio del tracto intestinal.

Para evaluar el impacto de la anaerobiosis en estos genes, se midió el perfil de resistencia en ausencia de oxígeno de 136 ARCs en *E. coli* MG1655, aislados humanos y plásmidos clínicos. Aunque se observó un efecto general de la anaerobiosis en la resistencia natural de *E. coli*, algunas combinaciones de genes y antibióticos mostraron desviaciones significativas. Por ejemplo, *fosI* mostró un mayor cambio en aerobiosis frente a fosfomicina, mientras que *fosE* lo hizo en anaerobiosis. Un caso particular es *bla_{VIM-1}*, cuya actividad frente a ertapenem se redujo hasta 128 veces en ausencia de oxígeno, situando su CMI en *E. coli* por debajo del punto de corte clínico.

Estas diferencias también se observaron en aislados y plásmidos clínicos, indicando que no es un fenómeno exclusivo de la plataforma utilizada. Los resultados sugieren que los efectos de los ARCs varían según la disponibilidad de oxígeno, lo que podría permitir usar estrategias terapéuticas descartadas inicialmente si se consideraran las condiciones de oxígeno en el sitio de la infección.

Agradecimientos: Gracias a Álvaro San Millán, Fernando Baquero y Rafael Cantón por las cepas cedidas para este trabajo a través del proyecto de R-GNOSIS. Del mismo modo, gracias por la ayuda intelectual prestada.

BASES MOLECULARES DE LA AMPLIFICACIÓN ADAPTATIVA DEL GEN DE LA CARBAPENEMASA NDM-1

Mario Pulido Vadillo^{1,2}, José F. Delgado-Blas^{2,3}, Carlos Serna², Alicia Olivares², Natalia Montero², Bruno González Zorn²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Antimicrobial Resistance Unit (ARU). Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Institut Pasteur, Université Paris Cité, Biodiversity and Epidemiology of Bacterial Pathogens, París, Francia

mpulid02@ucm.es

Las carbapenemasas son los mecanismos de resistencia a antibióticos más preocupantes para la Salud Pública. Entre ellas, NDM-1 es de las más relevantes por su prevalencia y su facilidad para la movilización entre estructuras genéticas y hospedadores.

En este trabajo estudiamos la dinámica del gen *bla*_{NDM-1} en un entorno genético ecológicamente exitoso. Usamos una cepa de *Escherichia coli* MG1655 con el plásmido pCW-NDM-1, caracterizado en un trabajo previo del grupo en enterobacterias de aguas residuales de Ghana. Este plásmido posee varias unidades de 9kb repetidas en tándem portadoras de *bla*_{NDM-1} flanqueado por regiones homólogas con elementos *ISCR1*.

Se analizó la adaptabilidad y reversibilidad de la amplificación de copias de esta región, y del fenotipo de resistencia asociado, mediante la realización de experimentos evolutivos en diferentes condiciones. Además, se diseñaron diferentes mutantes de estructuras genéticas potencialmente responsables de la amplificación, y de genes cromosómicos reguladores de la dinámica genética bacteriana.

Se evaluó el nivel de resistencia a meropenem y el número de copias de *bla*_{NDM-1} en el plásmido por PCR en tiempo real en las diferentes poblaciones evolucionadas.

Los resultados revelaron la amplificación estable y adaptativa de gran número de copias de *bla*_{NDM-1}, asociado a un fenotipo de hiperresistencia a carbapenemas, lo que supone una grave amenaza para la efectividad de antibióticos de último recurso necesarios en medicina.

SALMONELLA TYPHIMURIUM MONOFÁSICA EN PORCINO: ¿MÁS RESISTENTE Y MÁS VIRULENTE?

Paula Carrizo^{1,2,3}, María Ugarte Ruiz³, Álvaro Aguarón Turrientes⁴, Soledad Collado Cortés⁵, Julio Álvarez^{2,3}

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET). Universidad Complutense de Madrid, España

⁴Syva S.A, León, España

⁵Subdirección General de Sanidad e Higiene Animal y Trazabilidad, Dirección General de la Producción Agraria, Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, Madrid, España

pcarrizo@ucm.es

La variante monofásica de *Salmonella* Typhimurium es el tercer serotipo zoonótico en personas en la Unión Europea, siendo su principal origen alimentos derivados del cerdo, pudiendo causar cuadros entéricos (EFSA, 2023). La detección de fenotipos multirresistentes supone un desafío para la salud pública y la industria porcina, y por ello es crucial la identificación de las dinámicas de transmisión de la variante monofásica a lo largo de la cadena alimentaria.

En este estudio se analiza la diversidad en los fenotipos de resistencia frente a 11 antimicrobianos en aislados procedentes de cerdos sanos (n=282) y enfermos (n=68) en el periodo de 2001 a 2023 para identificar cambios en los perfiles y características asociadas con cuadros clínicos.

Los análisis revelaron diferencias significativas en los fenotipos de resistencia de los aislados en función de su origen: los aislados de animales enfermos mostraron una mayor diversidad fenotípica y una mayor probabilidad de presentar multirresistencia, siendo significativamente más resistentes a trimetoprim y cloranfenicol. Estos resultados sugieren la existencia de factores a nivel genético que confieren resistencia en animales enfermos, lo que podría estar vinculado a diferencias en las cepas causantes de enfermedad y/o al uso de antimicrobianos en animales enfermos. El uso de la secuenciación masiva puede contribuir a determinar los posibles mecanismos y factores que contribuyen a la diseminación de las resistencias en este serovar.

Bibliografía

EFSA, ECDC (2023). The European Union One Health 2022 Zoonoses Report. *EFSA Journal*. 2023;21:e8442. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8442>

Comunicaciones en póster

CAMBIOS EN LOS ÁCIDOS GRASOS RAMIFICADOS FECALES EN PERROS CON DISTINTAS ENTEROPATÍAS CRÓNICAS

Cristina Higuera^{1,2}, Ángel Sainz³, José Francisco Segura Plaza⁴, Ana Isabel Rey Muñoz²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Medicina y Cirugía Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

⁴Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

crhiguer@ucm.es

Los ácidos grasos ramificados (AGR) son ácidos grasos saturados que se clasifican como iso o anteiso dependiendo de la posición de su grupo metilo. Estos ácidos son unos de los principales componentes de las membranas bacterianas, además de haberse encontrado en el meconio de los recién nacidos.

En perros con enteropatías gastrointestinales crónicas, como la enteropatía que responde a dieta (ERD) y enteropatía que responde a inmunosupresores (ERI), se han detectado alteraciones en el microbioma, con afectación en distintos metabolitos microbianos.

Por ello, el objetivo de este estudio es evaluar el perfil de AGR en perros con ERD y ERI en comparación con perros control con el propósito de buscar posibles diferencias entre grupos.

Se recogieron muestras de heces de 22 perros control, 35 perros con ERD y 18 con ERI. Los ácidos grasos se analizaron mediante cromatografía de gases.

Los perros con ERI presentaron las mayores proporciones de iso C17:0, total iso e iso/anteiso; e inferiores de anteiso C15:0 y total anteiso. Aunque se ha estudiado el perfil de estos ácidos en especies productivas como los rumiantes, en los cuales se han observado niveles superiores de formas iso en terneros con diarrea, este es el primer estudio que evalúa los AGR en perros con distintas patologías gastrointestinales crónicas.

En conclusión, los perros con ERI se diferenciaron en los niveles de AGR de los perros control, mientras que los perros con ERD presentaron valores intermedios.

SECUENCIACIÓN Y ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO Y FUNCIONAL DEL GENOMA DE *STREPTOCOCCUS SALIVARIUS* MDI13 Y *LACTILACTOBACILLUS SAKEI* MEI5: DOS BACTERIAS LÁCTICAS CON POTENCIAL PROBIÓTICO AISLADAS DE MERLUZAS EUROPEAS (*MERLUCCIUS MERLUCCIUS*, L.)

Lara Díaz-Formoso^{1,2}, Diogo Contente^{1,2}, Javier Feito², Pablo E. Hernández², Juan Borrero², Estefanía Muñoz-Atienza², Luis M. Cintas²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Grupo de Seguridad de los Alimentos por Bacterias Lácticas, Bacteriocinas y Probióticos (SEGABALBP), Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

lardia01@ucm.es

Tradicionalmente, las enfermedades en acuicultura se han combatido con el empleo, a veces abusivo, de antibióticos, lo que ha contribuido a la generación y propagación de resistencias bacterianas. Por ello, es necesario el desarrollo de estrategias alternativas/complementarias a la antibioterapia seguras para el ser humano y los animales y respetuosas con el medio ambiente, entre las que destaca el empleo de probióticos. El objetivo de este trabajo fue la secuenciación y el análisis bioinformático y funcional del genoma de *S. salivarius* MDI13 y *L. sakei* MEI5, dos cepas aisladas del intestino de merluzas europeas (*M. merluccius*, L.). La secuenciación del genoma completo (WGS) y los análisis bioinformáticos confirmaron sus características probióticas (*e.g.*, genes implicados en la adhesión, agregación, biosíntesis de vitaminas, producción de ácido láctico, metabolismo activo y/o adaptación al estrés y a las condiciones adversas del tracto gastrointestinal del hospedador), así como la ausencia de genes de resistencia a antibióticos y factores de virulencia. Asimismo, en el genoma de *S. salivarius* MDI13 se identificaron los operones que codifican la producción de tres bacteriocinas (SlvV, BlpK y BlpE), de las que BlpK sintetizada *in vitro* mostró actividad antimicrobiana frente a los ictiopatógenos *Lactococcus garvieae* y *Streptococcus parauberis*. Los resultados revelan la seguridad *in vitro* de *S. salivarius* MDI13 y *L. sakei* MEI5 y su potencial como probióticos para la acuicultura.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con fondos de los proyectos RTI2018-094907-B-I00 y PID2019-104808RA-100 concedidos por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICINN), Madrid.

LOS TRATAMIENTOS ANTI-ANDROGÉNICOS REDUCEN LA PROGRESIÓN TUMORAL EN EL CÁNCER MAMARIO INFLAMATORIO CANINO

Belén Crespo^{1,2}, Sara Cáceres², Juan Carlos Illera²

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

belencre@ucm.es

El carcinoma inflamatorio mamario canino (CIMC) presenta un mal pronóstico y una alta tasa de mortalidad. En los últimos años, se ha postulado que el estudio de la expresión del receptor de andrógenos (RA) podría ser de gran utilidad para el tratamiento del cáncer mamario, ya que es bien sabido que el desarrollo de esta neoplasia se ve influida por las alteraciones en la ruta esteroidogénica. Así pues, el objetivo de este estudio fue evaluar la eficacia de terapias anti-androgénicas para el tratamiento del CMIC. Para ello, se determinó la expresión del RA en la línea celular IPC-366 mediante inmunofluorescencia y se realizaron ensayos de sensibilidad, proliferación y migración bajo el efecto de Bicalutamida (antagonista del RA) y Ailanthone (inhibidor del RA a nivel transcripcional). Además, se realizaron xenotrasplantes de células de IPC-366 en ratones Balb/SCID que posteriormente se trataron con dichos tratamientos. Los resultados mostraron una reducción del 5 y 40% de la viabilidad celular con Bicalutamida y Ailanthone respectivamente, y un descenso del 25 y 80% de la migración celular. Además, el volumen tumoral se redujo significativamente un 20 y 40% bajo Bicalutamida y Ailanthone, respectivamente.

Estos resultados demuestran que los inhibidores del RA pueden ser de gran utilidad para el tratamiento del CMIC y que la inhibición a nivel transcripcional del RA con Ailanthone obtiene resultados prometedores para la clínica.

Agradecimientos: A mis directores y compañeros de departamento.

HUELLA METABOLÓMICA DE DISTINTOS TIPOS DE JAMÓN CURADO ELABORADOS EN ESPAÑA: MONITORIZACIÓN Y CARACTERIZACIÓN MEDIANTE ¹H-RMN

Víctor Remiro^{1,2,3}, João E. Rodrigues⁴, M. Isabel Cambero², M. Encarnación Fernández-Valle³, M. Dolores Romero de Ávila², Ana M. Gil⁴

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Sección Departamental de Tecnología Alimentaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³ICTS Bioimagen Complutense (BioImaC). Universidad Complutense de Madrid, España

⁴Departamento de Química/CICECO-Aveiro Institute of Materials. Universidade de Aveiro, Portugal

vremiro@ucm.es

El jamón tiene una gran importancia económica y gastronómica en España. Su proceso de elaboración es fundamental en el desarrollo de sus características sensoriales y nutritivas.

El objetivo de este trabajo es profundizar en el perfil metabolómico durante el proceso de curado de distintos jamones elaborados en España mediante espectroscopía de ¹H-RMN.

Se han utilizado tres tipos de jamones de cerdo blanco (Serrano, D.O.P. Teruel y curado con pimentón) en diferentes etapas del proceso de curado (pernil fresco, al final de la etapa de post-salado y producto curado final). Los extractos polares de estos productos se han analizado mediante espectroscopía de ¹H-RMN (500 MHz).

El perfil metabolómico muestra diferencias cuantitativas y cualitativas durante el proceso de curado. Los perniles frescos se asocian a una mayor concentración de azúcares, lactato y diversos nucleótidos, mientras que los jamones curados destacan por su mayor contenido en aminoácidos y glicerol. Además, se ha visto que este perfil difiere en los tres tipos de jamones, asociándose estas diferencias a metabolitos de distinta naturaleza.

Se concluye que la espectroscopía de ¹H-RMN tiene un gran potencial para monitorizar el proceso de maduración de jamón curado, así como para la diferenciación de productos con distinto origen, lo que permitiría, entre otras cosas caracterizar jamones y evitar posibles fraudes.

Agradecimientos: PID2019-107542RBC22, Incarlopsa y Departamento de Química (Universidade de Aveiro).

EFFECTO DE LAS CITOQUINAS PROINFLAMATORIAS IFN- γ Y TNF- α EN LA INFECCIÓN POR *NEOSPORA CANINUM* EN CÉLULAS DE PLACENTA BOVINA

Sandra Montaner Da Torre^{1,2}, Rafael Amieva², Luis Miguel Ortega Mora², Esther Collantes Fernández², Pilar Horcajo².

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²SALUVET, Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

sanmonta@ucm.es

La neosporosis bovina, causada por *Neospora caninum*, es la primera causa infecciosa de aborto en ganado bovino. Su patogenia es compleja y depende en gran medida de la respuesta inmunitaria en la placenta. En infecciones experimentales se ha observado una sobreexpresión de genes relacionados con las rutas del IFN- γ y TNF- α en la placenta de vacas infectados con el aislado de alta virulencia Nc-Spain7. El objetivo de este estudio fue investigar el efecto de un ambiente proinflamatorio sobre el ciclo lítico de *N. caninum* en células de carúncula (BCEC-1) y trofoblasto (F3) de origen bovino. Para ello, estas células se estimularon con IFN- γ o TNF- α y se infectaron con el aislado Nc-Spain7 GFP-luc. Las muestras se recogieron a diferentes tiempos postinoculación y se cuantificó la carga parasitaria por qPCR y la tasa de infección por inmunofluorescencia.

En las células de trofoblasto (F3), la tasa de infección y la multiplicación del parásito fue menor en las células estimuladas con ambas citoquinas que sin estimular. Sin embargo, en las células BCEC-1, el IFN- γ fue capaz de controlar la infección, pero la estimulación con TNF- α aumentó la tasa de infección y la multiplicación del parásito. Este hallazgo subraya la importancia del tipo celular en la respuesta inmunitaria frente a la infección por *N. caninum*, así como, la relevancia del ambiente inmunitario en el desenlace de la infección.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto PID2022-139673OB-I00 del MICIU/AEI. Sandra Montaner es beneficiaria de un contrato predoctoral en formación (FPI) financiado por el MICIU/AEI.

DIFFERENCES IN TRANSCRIPTIONAL REGULATION OF COMMON ALV-E PROMOTER SNPS IN RESPONSE TO MOLECULES OF BIOLOGICAL INTEREST

Sergio Fandiño^{1,2,3}, Esperanza Gómez-Lucía², Ana Doménech², Almudena Campoy², Rosa Gómez-Villafuertes³, Laura Benítez⁴

¹Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

²Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Sección Departamental de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

⁴Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, España

sergifan@ucm.es

Avian Leukosis viruses (ALVs) remain as pathogens of interest nowadays because the potential recombination between exogenous and endogenous ALV generating the emergence of new subgroups which may increase host range or pathogenicity.

ALV provirus is flanked by Long Terminal Repeats (LTR) which act as a promoters for the viral genes. LTR 5' U3 region contains Transcription Factor Binding Sites (TFBS) which modulate transcription and potentially affect viral pathogenesis or even regulate adjacent host loci. We have focused on characterizing the variability of TFBS in the endogenous ALVE LTR5'.

We sequenced the LTR region in different chicken breeds and identified Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) of interest in TFBS. Six ALVE LTR constructs with selected SNPs were obtained and their promoter activity evaluated in HEK-293T and avian DF-1 cell lines using a Dual-Luciferase reporter assay after incubating the transfected cells with PMA-ionomycin and TNF- α .

Our results showed a higher response to TNF- α in HEK-293T cells than in DF-1 cells, possibly due to different signaling cascades or non-reactivity in avian cells. Higher expression with PMA was observed at the lowest concentrations while the opposite was observed with TNF- α . Overall, it was difficult to elucidate which TBS may be involved in the response to TNF- α or PMA-ionomycin, as results were similar across all ALVE LTR constructs. More studies are needed to identify this aspect.

Acknowledgements: This work has been funded by Project PID2020-114956GB-100.

Premios



Primer premio a la mejor comunicación oral (patrocinado por el Colegio Oficial de Veterinarios de Madrid)

CLARA HURTADO MORILLAS

Segundo premio a la mejor comunicación oral (patrocinado por el Colegio Oficial de Veterinarios de Madrid)

SANTIAGO RODRÍGUEZ GÓMEZ

Premio especial del jurado a la mejor comunicación oral

MARTHA YNÉS SALAS FAJARDO

Primer premio al mejor póster (patrocinado por MSD Animal Health)

CRISTINA HIGUERAS LÓPEZ

Segundo premio al mejor póster (patrocinado por MSD Animal Health)

LARA DÍAZ FORMOSO

Premio especial del jurado al mejor póster

BELÉN CRESPO CORTÉS

Premio al Reel de Instagram (patrocinado por MSD Animal Health)

ALBERTO ALVARADO PIQUERAS

JURADO DE LOS PREMIOS

Ignacio Álvarez Gómez de Segura (Departamento de Medicina y Cirugía Animal)

Javier Bezos Garrido (Departamento de Sanidad Animal)

Manuela Fernández Álvarez (Vicedecana de Postgrado, Ordenación Académica y Relaciones Institucionales)

Alfredo González Gil (Sección Departamental de Fisiología)

Ana Isabel Rey Muñoz (Departamento de Producción Animal)

Casilda Rodríguez Fernández (Sección Departamental de Farmacología y Toxicología)

Estefanía Muñoz Atienza (Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos)

Inmaculada Santos Álvarez (Sección Departamental de Anatomía y Embriología)