

LIBRO DE RESÚMENES

2023

**IX Jornada de Difusión de la Investigación de los Alumnos de
Doctorado de la Facultad de Veterinaria de la UCM
(IX VETINDOC-7º PhDay UCM)**



Madrid, 29 de junio de 2023
Facultad de Veterinaria - UCM



**IX Jornada de Difusión de la Investigación de los Alumnos
de Doctorado de la Facultad de Veterinaria de la UCM
(IX VETINDOC-PhDay UCM 2023)**

Madrid, 29 de junio de 2023

LIBRO DE RESÚMENES



FACULTAD DE VETERINARIA



ESCUELA DE
DOCTORADO
UNIVERSIDAD COMPLUTENSE
DE MADRID

Con la colaboración de



COLEGIO OFICIAL
DE VETERINARIOS
DE MADRID

COMITÉ DE HONOR

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

Belén Crespo Cortés (Sección Departamental de Fisiología)

Andrea Flores Calle (Sección Departamental de Farmacología y Toxicología)

Beatriz Jiménez Gómez (Departamento de Producción Animal)

Daniela Jordán Rodríguez (Sección Departamental de Fisiología)

Lubna Morales de Paz (Sección Departamental de Anatomía y Embriología)

Candela Ojeda Marín (Departamento de Producción Animal)

Esther Vázquez Fernández (Departamento de Medicina y Cirugía Animal y Centro VISAVET)

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

Sergio Álvarez Pérez (Departamento de Sanidad Animal)

Juan Borrero del Pino (Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos)

Rosa María García García (Sección Departamental de Fisiología)

Virginia García Sanz (Departamento de Medicina y Cirugía Animal)

Juan Pablo Gutiérrez García (Departamento de Producción Animal)

Helena María Moreno Conde (Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria)

Iván Pastor Fernández (Departamento de Sanidad Animal)

Pilar Pérez Lloret (Sección Departamental de Anatomía y Embriología)

Marta Pérez Sancho (Departamento de Sanidad Animal)

PROGRAMA DE LA JORNADA

9:00-9:30 h: APERTURA

D.ª Consuelo Serres Dalmau, Decana de la Facultad de Veterinaria
D.ª Manuela Fernández Álvarez, Vicedecana de Posgrado, Ordenación Académica y
Relaciones Institucionales

9:30-11:30 h: COMUNICACIONES ORALES I

Moderadores: Marta Villalba Díez y David Díaz-Regañón Fernández

9:30 h: Respuesta del LTR5' del virus endógeno de la leucosis aviar (ALV-E) al interferón. **Sergio Fandiño González**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

9:45 h: Estudio del papel de las proteínas NcBPK1 y NcROP2 en la capacidad de proliferación de *Neospora caninum* en un modelo in vitro de macrófagos bovinos. **Rafael Amieva Gómez**, SALUVET, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

10:00 h: ¿Son las micobacterias ambientales un problema para el diagnóstico de la tuberculosis bovina? **Alberto Gómez Buendía**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. VISAVET, UCM.

10:30 h: Neurobrucelosis en cetáceos: patología y respuesta inmunitaria celular. **Agustín Rebollada Merino**, Departamento de Medicina y Cirugía Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. VISAVET, UCM.

10:45 h: Nanovacunas frente a la leishmaniosis: estudio de la respuesta inmunitaria y eficacia frente a la infección por *Leishmania infantum* en el modelo murino. **Clara Hurtado Morillas**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

11:00 h: Claves para la prevención de la peste porcina africana. **Carolina Muñoz Pérez**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

11:15 h: Producción in vitro de embriones orientada a la conservación de felinos silvestres: modelo gato doméstico. **Ana Muñoz Maceda**, Departamento de Medicina y Cirugía Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

11:30-12:30 h: SESIÓN DE PÓSTERES

Moderadores: Helena María Moreno Conde y Josué Jara Pérez

Método de muestreo sencillo y seguro para monitorizar el virus de la peste porcina africana. **Aleksandra Kosowska**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. VISAVET, UCM.

Evaluación de distintos métodos de agrupamiento previo al despesque sobre el bienestar animal en trucha arcoiris. **Roberto González Garoz**, Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

La exposición única y continuada al bisfenol A induce la generación de especies reactivas de oxígeno, la acumulación de proteínas tau y AB, y la alteración de la ruta de la insulina a través de la sobreexpresión de HDAC2 y PTP1B, provocando la apoptosis de neuronas SN56. **Andrea Flores Calle**, Sección Departamental de Farmacología y Toxicología, Facultad de Veterinaria, UCM.

La neoadyuvancia de terapias anti-androgénicas mejora el tratamiento convencional en el cáncer de mama inflamatorio canino. **Belén Crespo Cortés**, Sección Departamental de Fisiología, Facultad de Veterinaria, UCM.

Análisis de la textura de carne de cerdo. Propuesta de protocolo para Warner Bratzler. **María Beatriz Jiménez Gómez**, Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. Incarlopsa, Tarancón, Cuenca.

Epidemiología molecular de *Pasteurella multocida* asociada con brotes de Enfermedad Respiratoria Bovina. **Johan Manuel Calderón Bernal**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

Detección de la infección por *Leishmania infantum* en muestras no invasivas procedentes de fauna salvaje cautiva de Madrid. **Pablo Moraleda Berral**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

12:45-14:15 h: COMUNICACIONES ORALES II

Moderadores: Javier Ortega Martín y Agustín Rebollada Merino

12:45 h: Detección de la variante de preocupación Ómicron (B.1.1.529) del SARS-CoV-2 en animales de compañía en España. **Lidia Sánchez-Morales**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. VISAVET, UCM.

13:00 h: Repertorios Naïve de conejo como fuentes de anticuerpos monoclonales recombinantes. **Santiago Rodríguez Gómez**, Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UCM.

13:15 h: Técnicas cromatográficas versus espectroscopía de Resonancia Magnética Nuclear (RMN) en el análisis del componente lipídico de alimentos. **Víctor Remiro Yagüe**, Sección Departamental Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, UCM.

13:30 h: Potencial de bacterias lácticas y bacteriófagos para el control de biofilms de *Staphylococcus aureus*. **Rubén Jurado Escobar**, Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, UCM.

13:45 h: Evaluación de bacterias lácticas (BAL) con potencial probiótico aisladas de merluzas (*Merluccius merluccius*, L.) del Atlántico Nordeste. **Lara Díaz Formoso**, Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UCM.

14:00 h: Purificación y caracterización de las bacteriocinas circulares, pumilarina y altitudina, producidas por *Bacillus altitudinis* ECC22. **Irene Lafuente Orte**, Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UCM.

15:30-17:00 h: COMUNICACIONES ORALES III

Moderadores: Daniela Jordán Rodríguez y Candela Ojeda Marín

15:30 h: ¿Una nueva era? Elucidación *in silico* de la estructura de antígenos, anticuerpos y su interacción mediante sistemas de inteligencia artificial. **Eduardo Rafael García Calvo**, Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UCM.

15:45 h: Caracterización genética y funcional de *Ligilactobacillus salivarius* P1CEA3, una cepa de origen porcino productora de la nisina S. **Ester Sevillano González**, Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, UCM.

16:00 h: Patrimonio genético del cerdo celta-ibérico: identificación de áreas genómicas propias mediante barrido genómico. **Katherine Daniela Arias Huamani**, Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. SERIDA-Deva.

16:15 h: Métodos de despesque: evaluación sobre la respuesta al estrés en la trucha arcoíris. **Andrea Martínez Villalba**, Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, UCM.

16:30 h: Explorando la memoria inmunológica durante la reinfección por malaria mediante los perfiles de expresión y de accesibilidad a la cromatina en célula única. **Montserrat Coronado Brieva**, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Veterinaria, UCM.

16:45 h: Simply the BLEEs, β -lactamasas de espectro extendido en la interfaz humana-animal-ambiental. **Francisco Javier Fernández Favieres**, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, UCM. VISAVET, UCM.

17:00 h: CLAUSURA

ÍNDICE

COMUNICACIONES ORALES

O1. Respuesta del LTR5' del virus endógeno de la leucosis aviar (ALV-E) al interferón	11
Sergio Fandiño González	
O2. Estudio del papel de las proteínas NcBPK1 y NcROP2 en la capacidad de proliferación de <i>Neospora caninum</i> en un modelo in vitro de macrófagos bovinos	12
Rafael Amieva Gómez	
O3. ¿Son las micobacterias ambientales un problema para el diagnóstico de la tuberculosis bovina?	13
Alberto Gómez Buendía	
O4. Neurobrucelosis en cetáceos: patología y respuesta inmunitaria celular	14
Agustín Rebollada Merino	
O5. Nanovacunas frente a la leishmaniosis: estudio de la respuesta inmunitaria y eficacia frente a la infección por <i>Leishmania infantum</i> en el modelo murino	15
Clara Hurtado Morillas	
O6. Claves para la prevención de la peste porcina africana	16
Carolina Muñoz Pérez	
O7. Producción <i>in vitro</i> de embriones orientada a la conservación de felinos silvestres: modelo gato doméstico	18
Ana Muñoz Maceda	
O8. Detección de la variante de preocupación Ómicron (B.1.1.529) del SARS-CoV-2 en animales de compañía en España	19
Lidia Sánchez Morales	
O9. Repertorios Naïve de conejo como fuentes de anticuerpos monoclonales recombinantes	20
Santiago Rodríguez Gómez	
O10. Técnicas cromatográficas <i>versus</i> espectroscopía de Resonancia Magnética Nuclear (RMN) en el análisis del componente lipídico de alimentos	21
Víctor Remiro Yagüe	
O11. Potencial de bacterias lácticas y bacteriófagos para el control de biofilms de <i>Staphylococcus aureus</i>	22
Rubén Jurado Escobar	
O12. Evaluación de bacterias lácticas (BAL) con potencial probiótico aisladas de merluzas (<i>Merluccius merluccius</i> , L.) del Atlántico Nordeste	23
Lara Díaz Formoso	
O13. Purificación y caracterización de las bacteriocinas circulares, pumilarina y altitudina, producidas por <i>Bacillus altitudinis</i> ECC22	24
Irene Lafuente Orte	
O14. ¿Una nueva era? Elucidación <i>in silico</i> de la estructura de antígenos, anticuerpos y su interacción mediante sistemas de inteligencia artificial	25
Eduardo García Calvo	
O15. Caracterización genética y funcional de <i>Ligilactobacillus salivarius</i> P1CEA3, una cepa de origen porcino productora de la nisina S	26
Ester Sevillano González	

- O16. [Patrimonio genético del cerdo celta-ibérico: identificación de áreas genómicas propias mediante barrido genómico](#)
Katherine Daniela Arias Huamaní 27
- O17. [Métodos de despesque: evaluación sobre la respuesta al estrés en la trucha arcoíris](#)
Andrea Martínez Villalba 28
- O18. [Explorando la memoria inmunológica durante la reinfección por malaria mediante los perfiles de expresión y de accesibilidad a la cromatina en célula única](#)
Montserrat Coronado Brieva 29
- O19. [Simply the BLEEs, \$\beta\$ -lactamasas de espectro extendido en la interfaz humana-animal-ambiental](#)
Javier Fernández Favieres 30

ÍNDICE

COMUNICACIONES EN PÓSTER

- P1. [Método de muestreo sencillo y seguro para monitorizar el virus de la peste porcina africana](#)
Aleksandra Kosowska 31
- P2. [Evaluación de distintos métodos de agrupamiento previo al despesque sobre el bienestar animal en trucha arcoíris](#)
Roberto González Garoz 32
- P3. [La exposición única y continuada al bisfenol A induce la generación de especies reactivas de oxígeno, la acumulación de proteínas tau y AB, y la alteración de la ruta de la insulina a través de la sobreexpresión de HDAC2 y PTP1B, provocando la apoptosis de neuronas SN56](#)
Andrea Flores Calle 33
- P4. [La neoadyuvancia de terapias anti-androgénicas mejora el tratamiento convencional en el cáncer de mama inflamatorio canino](#)
Belén Crespo Cortés 34
- P5. [Análisis de la textura de carne de cerdo. Propuesta de protocolo para Warner Bratzler](#)
María Beatriz Jiménez Gómez 35
- P6. [Epidemiología molecular de *Pasteurella multocida* asociada con brotes de Enfermedad Respiratoria Bovina](#)
Johan Manuel Calderón Bernal 36
- P7. [Detección de la infección por *Leishmania infantum* en muestras no invasivas procedentes de fauna salvaje cautiva de Madrid](#)
Pablo Moraleda Berral 37

Comunicaciones orales

RESPUESTA DEL LTR5' DEL VIRUS ENDÓGENO DE LA LEUCOSIS AVIAR (ALV-E) AL INTERFERÓN

Sergio Fandiño^{1,2}, Esperanza Gómez-Lucía², Ana Doménech², Jorge Lumbreras²,
Laura Benítez³

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

sergifan@ucm.es

Los retrovirus de la leucosis aviar (ALV) infectan gallinas y otras aves produciendo grandes pérdidas en avicultura. La importancia del subgrupo endógeno ALV-E radica en que puede recombinarse con ALV exógenos, aunque también se ha asociado a menor productividad y a la respuesta inmune frente a ALV. Los provirus de ALV están flanqueados por Long Terminal Repeats (LTR) de 274 pb, que contienen promotores y secuencias que responden a factores celulares (Transcription Binding Sites, TBS) y que gobiernan la expresión vírica, estando implicados en la patogenia.

Se han identificado por ALGGEN los TBS en los LTR 5' de ALV-E de 25 gallinas. El de la gallina G-24 (consenso) se ha clonado en pGL4.14, un vector de expresión de luciferasa. Mediante mutagénesis dirigida se han obtenido otras 5 construcciones que varían en una única base respecto a la secuencia consenso y que afectan a diferentes TBS. Estamos transfectando células 293T con las 6 construcciones para comprobar las diferencias de expresión basal y su capacidad de ser inducidas por IFN α . Dos de las tres construcciones testadas se inducen por IFN α , y en una de ellas el promotor pierde funcionalidad, lo que posiblemente se asocie a la pérdida de la caja CAAT. Estos resultados sugieren que los TBS de ALV-E responden a citoquinas, como se ha descrito en otros retrovirus endógenos, y que de recombinarse con ALV exógenos intervendrían en la replicación vírica.

Agradecimientos: Financiación: PID2020-114956GB-I00; S. Fandiño: CT36/22-48-UCM-INV.

ESTUDIO DEL PAPEL DE LAS PROTEÍNAS NCBPK1 Y NCROP2 EN LA CAPACIDAD DE PROLIFERACIÓN DE *NEOSPORA CANINUM* EN UN MODELO IN VITRO DE MACRÓFAGOS BOVINOS

Rafael Amieva^{1,2}, Laura Rico-San Román², Pilar Horcajo², Luis Miguel Ortega-Mora², Esther Collantes-Fernández²

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

raamieva@ucm.es

Neospora caninum es un parásito apicomplejo causante de la neosporosis bovina, una de las principales causas de aborto de etiología transmisible en el ganado bovino. Sin embargo, se desconocen cuáles son las bases moleculares que determinan la virulencia en este relevante patógeno. En estudios previos, se han obtenido parásitos defectivos en los genes que codifican las proteínas NcBPK1 y NcROP2, y se ha demostrado su implicación en la virulencia del parásito en un modelo murino gestante. Con el objetivo de profundizar en el conocimiento del papel de estas proteínas en la especie diana se ha estudiado la capacidad de proliferación de las cepas defectivas en un modelo de macrófago bovino (boMØ). La cepa defectiva en NcROP2 mostró una disminución significativa en la capacidad de proliferación a las 60 horas post-infección que coincide con la egresión en el ciclo lítico del parásito, así como una disminución del porcentaje de macrófagos infectados. Por el contrario, la infección con la cepa defectiva en NcBPK1 resultó en un aumento significativo en la proliferación a las 60 horas post-infección. La estimulación de boMØ con IFN- γ mostró una inhibición del crecimiento de los taquizoítos en todas las cepas de forma dosis-dependiente. La diferencia en la proliferación observada podría atribuirse a la existencia de alteraciones durante la replicación en esta célula. Futuros estudios se centrarán en descifrar las funciones específicas de estas proteínas con objeto de comprender los mecanismos moleculares y celulares que se desencadenan durante la infección por *N. caninum*.

¿SON LAS MICOBACTERIAS AMBIENTALES UN PROBLEMA PARA EL DIAGNÓSTICO DE LA TUBERCULOSIS BOVINA?

Alberto Gomez-Buendía^{1,2,3}, Javier Ortega^{1,2,3}, Alberto Díez-Guerrier^{3,4}, Javier Bezos^{2,3}, Lucía de Juan^{2,3}, Beatriz Romero^{2,3}, Julio Álvarez^{2,3}

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

²Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET), Universidad Complutense de Madrid, España

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

⁴MAEVA SERVET S.L. Alameda del Valle, Madrid, España

agbuendia@ucm.es

La falta de una prueba diagnóstica perfecta es uno de los mayores problemas que dificultan la erradicación de la tuberculosis bovina (bTB). Las micobacterias no tuberculosas (MNT) son una de las principales causas de reacciones falso-positivas a la prueba oficial de erradicación de la bTB, la intradermotuberculinización (IDTB). Con el fin de establecer las especies de MNT implicadas en la aparición de interferencias diagnósticas a la IDTB en España, se utilizó un modelo experimental en cobayas y bovinos. Se seleccionaron las 6 especies de MNT aisladas con mayor frecuencia en animales reactivos procedentes de explotaciones libres en España (*Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* (MAH), *M. nonchromogenicum* (MNC), *M. avium* subsp. *avium* (MAA), *M. bourgelatii* (MB), *M. intermedium* (MI) y *M. kansasii* (MK)). Con ellas se sensibilizaron 40 cobayas a las que se inoculó intradérmicamente 4 antígenos (PPD-bovina, PPD-aviar, P22 y ESAT6-CFP10). En general se observaron reacciones eritematosas de gran diámetro en las cobayas inoculadas con MAH, MAA y MK. Por último, se repitió la sensibilización en un modelo bovino. A los 6 meses post-inoculación se realizó la IDTB con los mismos antígenos, detectándose reacciones positivas a la PPD-bovina y aviar en bovinos sensibilizados con MAH, MAA, MI y MK. Estos resultados demuestran que ciertas especies de MNT son más importantes en la interferencia del diagnóstico de la bTB, y que los resultados modelos bovino y murino no siempre coinciden.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto Estrategias Integradas para el Control y la Erradicación de la Tuberculosis en España (ERATUB) (RTI2018-096010-B-C22, Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, MICINN) y es una contribución al proyecto RTA2015-00043-C02-02 (Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO)).

NEUROBRUCELOSIS EN CETÁCEOS: PATOLOGÍA Y RESPUESTA INMUNITARIA CELULAR

Agustín Rebollada-Merino^{1,2,3}, F. Giorda⁴, M. Pumarola⁵, L. Martino⁶, A. Gómez-Buendía^{1,3,7}, U. Romani-Cremaschi^{1,8,9}, C. Casalone⁴, V. Mattioda⁴, F. Di Nocera¹⁰, G. Lucifora¹⁰, A. Petrella¹¹, L. Domínguez^{3,7}, M. Domingo^{6,12}, C. Grattarola⁴, A. Rodríguez-Bertos^{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; ³VISAVET, Universidad Complutense de Madrid, España; ⁴OIE Collaborating Centre for the Health of Marine Mammals, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino, Italy; ⁵Departament de Medicina i Cirurgia Animals, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, España; ⁶Departament de Sanitat i Anatomia Animals, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, España; ⁷Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España; ⁸Veterinary Department, Mundomar, Benidorm, España; ⁹Sección Departamental de Farmacología y Toxicología, Universidad Complutense de Madrid, España; ¹⁰Istituto Zooprofilattico Sperimentale of del Mezzogiorno, Portici, Italy; ¹¹Istituto Zooprofilattico Sperimentale of Apulia and Basilicata, Foggia, Italy; ¹²Unitat Mixta d'Investigació IRTA-UAB en Sanitat Animal, Centre de Recerca en Sanitat Animal (CReSA), Campus de la Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, España

agusrebo@ucm.es

La neurobrucelosis, la infección del sistema nervioso central (SNC) por *Brucella* spp., ocurre en hasta un 25% de los pacientes humanos. *B. ceti* causa brucelosis en cetáceos, habiéndose descrito especialmente en el delfín listado (*Stenella coeruleoalba*). Así, la neurobrucelosis parece ser una condición compartida por cetáceos y humanos. Sin embargo, no se han estudiado los aspectos comunes de la respuesta inmunitaria celular en ambas especies, ni en comparación con los modelos animales de neurobrucelosis *in vivo* e *in vitro*. Aquí, se evaluaron retrospectivamente 21 casos de neurobrucelosis en delfines listados diagnosticados en dos laboratorios (2012-2022). La infección por *Brucella* se confirmó mediante cultivo y PCR. Para cada caso, se evaluaron 19 parámetros histológicos. Se investigó la expresión inmunohistoquímica (IHC) de *Brucella*, y de una selección de marcadores de células inflamatorias: macrófagos-microglía (Iba-1), células T (CD3) y células B (CD20). Histológicamente, en todos los casos, se observó una leptomeningitis, endodermatitis y/o coroiditis no supurativa. Otras lesiones histológicas fueron cromatolisis central, nódulos gliales, desmielinización, astrocitosis, manguitos perivasculares, hipertrofia endotelial, trombosis, edema, hemorragia y congestión. Mediante IHC, *Brucella* se observó en las áreas de inflamación en el citoplasma de los macrófagos. Además, la expresión de Iba-1, CD3 y CD20 en las áreas de inflamación sugiere una respuesta inflamatoria mixta. La neurobrucelosis en cetáceos, humanos y modelos *in vivo* e *in vitro* de neurobrucelosis son patológica e inmunológicamente similares. La vigilancia de enfermedades en cetáceos puede permitir ampliar el conocimiento de la inmunología comparada de las enfermedades infecciosas, en particular la brucelosis, bajo un enfoque de *One Health*.

NANOVACUNAS FRENTE A LA LEISHMANIOSIS: ESTUDIO DE LA RESPUESTA INMUNITARIA Y EFICACIA FRENTE A LA INFECCIÓN POR *L. INFANTUM* EN EL MODELO MURINO

Clara Hurtado-Morillas^{1,2}, Alicia Mas-Zubiri², 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
Madrid, España

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

clarahur@ucm.es

La leishmaniosis canina (Lcan) es una enfermedad grave producida principalmente por el protozoo *Leishmania infantum* [1], para la cual no existe una vacuna que sea capaz de evitar la infección en los animales [1]. En este campo, el uso de nanopartículas (NP) de PLGA como vehículo de antígenos vacunales se plantea como una novedosa alternativa para conseguir desarrollar una herramienta preventiva eficaz [2].

En este contexto, el objetivo de este estudio ha sido evaluar la capacidad profiláctica del péptido HisDTC encapsulado en NP de PLGA frente a *L. infantum* en el modelo murino. Para su desarrollo, se administraron diferentes formulaciones vacunales en ratonas BALB/c y, posteriormente, se infectaron con *L. infantum*. Finalmente, se cuantificó la carga parasitaria, la producción de citoquinas y las células inmunitarias de memoria. Los resultados muestran que las ratonas inmunizadas con HisDTC encapsulado presentan un mayor control de la multiplicación del parásito que el resto de los grupos en términos de carga parasitaria, producción de citoquinas y presencia de células de memoria. Estos resultados indican que este candidato vacunal podría constituir una prometedora alternativa para el control de la Lcan.

Bibliografía

1. Morales-Yuste, M., et al., Canine Leishmaniasis: Update on Epidemiology, Diagnosis, Treatment and Prevention. 2022.
2. Prasanna, P., et al., Current status of nanoscale drug delivery and the future of nano-vaccine development for leishmaniasis - A review. 2021.

Agradecimientos: La realización de esta investigación ha sido posible gracias a la financiación de ayudas del Ministerio de Economía (PID2019-106487RB-I00), de la Comunidad de Madrid (España) PLATESA2-CM (S2018/BAA-4370) y de la Universidad Complutense de Madrid (G/6400100/3000).

CLAVES PARA LA PREVENCIÓN DE LA PESTE PORCINA AFRICANA

Carolina Muñoz Pérez¹, Cecilia Aguilar Vega², Jaime Bosch López², José Manuel Sánchez-Vizcaíno Rodríguez²

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

caromuno@ucm.es

La peste porcina africana (PPA) es una enfermedad infecciosa que afecta tanto a cerdos domésticos como salvajes y que supone en la actualidad una amenaza para el sector porcino mundial. Se trata de una enfermedad de declaración obligatoria para la Organización Mundial de Sanidad Animal debido a la alta letalidad, la falta de una vacuna o un tratamiento efectivos y el grave impacto socioeconómico. En vista de esta situación, el presente trabajo titulado “Claves para para la prevención de la peste porcina africana” persigue el objetivo de desarrollar nuevas herramientas y conocimientos que ayuden en la prevención de esta enfermedad.

En primer lugar, se persigue la definición de las principales ecorregiones europeas para el jabalí. Tras la aplicación de técnicas de clustering se identificaron nueve ecorregiones en el Paleártico Occidental de acuerdo con variables relacionadas con aspectos ecológicos y sanitarios del jabalí. Previamente, se realizó un análisis de componentes principales para las ocho variables seleccionadas. A continuación, se analizaron las ecorregiones en función de su extensión y el número de notificaciones de PPA. Algunas ecorregiones destacaron por retener la mayoría de los casos de PPA y estar presentes en las cercanías de áreas afectadas. Este resultado sugiere un papel clave de estas ecorregiones en la epidemiología de la enfermedad. Esta herramienta cartográfica podría ser útil para entender patrones en la distribución y el avance de la enfermedad en el jabalí en el escenario europeo. Además, la información epidemiológica obtenida puede utilizarse para mejorar los planes de prevención y control de PPA y de otras enfermedades que afecten al jabalí.

En segundo lugar, se persigue analizar algunos de los factores de riesgo más importantes para la introducción de la PPA en España, en particular la importación de animales vivos y la importación de carne y productos cárnicos respectivamente. Análisis de riesgo cuantitativos fueron llevados a cabo siguiendo las normas de la Organización Mundial de Sanidad Animal para estimar el riesgo de entrada por ambas vías.

Los resultados relevaron una probabilidad anual de introducción por importación legal de animales vivos en España de 1.07×10^{-4} . El mayor riesgo originado en importaciones provenientes de países del centro de Europa, concretamente

Alemania, Holanda, Bélgica, Luxemburgo y Portugal, representando el 92% del riesgo total. Por otro lado, la probabilidad anual de introducción por importación de carne y productos cárnicos provenientes del cerdo fue cuantificada como 1.74×10^{-4} . El mayor riesgo estaba originado en importaciones provenientes de Hungría, Portugal y Polonia, las cuales representaron un 50% del riesgo total. Finalmente, un análisis de sensibilidad fue llevado a cabo para estimar los parámetros que tuvieran una mayor influencia en ambos modelos. Las formas crónicas o subagudas de la enfermedad y el consumo por parte de cerdos o jabalíes de residuos alimentarios fueron identificados como factores de riesgo críticos que requieren una especial atención. Los estudios presentados pueden utilizarse para desarrollar y mejorar las estrategias de prevención y control y finalmente, ayudar a reducir el riesgo de entrada de la enfermedad en España.

Todos los objetivos descritos están focalizados en el escenario europeo y/o en España. Sin embargo, la metodología ha sido completamente descrita y por tanto los modelos pueden ser aplicables a regiones de todo el mundo. En conclusión, las herramientas y la información epidemiológica presentada en esta comunicación representan un paso adelante en el objetivo último de este trabajo, la prevención de la peste porcina africana.

PRODUCCIÓN *IN VITRO* DE EMBRIONES ORIENTADA A LA CONSERVACIÓN EN FELINOS SILVESTRES: MODELO DE GATO DOMÉSTICO

Ana Muñoz-Maceda^{1,2}, A. Rivero-Serna², G. Ortiz-Díez², M. Fuertes-Recuero^{1,3}, C. Núñez-Puente⁴, D. Rizos⁴, A. Sanchez-Rodriguez⁵, E.R.S. Roldan⁵, M.J. Sánchez-Calabuig²

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

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

⁴Departamento de Reproducción Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, España

⁵Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC), Madrid, España

amunoz04@ucm.es

La conservación de felinos silvestres se enfrenta a una gran cantidad de desafíos relacionados con la pérdida de diversidad y variabilidad genética. Así, las técnicas de reproducción asistida cobran mucha importancia en su supervivencia, destacando el modelo del gato doméstico como un valioso recurso para implementarlas en estas especies. Sin embargo, los protocolos han de solventar retos como la baja calidad espermática, baja tasa de maduración *in vitro* de ovocitos, y posterior desarrollo embrionario. Este proyecto busca la optimización de estas técnicas, utilizando muestras de gato doméstico provenientes de gonadectomías electivas. Tras la recuperación ovocitaria y maduración *in vitro* (MIV), la fecundación *in vitro* (FIV) se realiza utilizando muestras de semen epididimario congelado, extraído de testículos post-orquiectomía. Ambos gametos se coincuban en un medio de FIV, y los presuntos cigotos se cultivan durante 8 días en un medio específico, renovado el día 5 del cultivo (D5). Las tasas de división celular, formación de mórulas y blastocistos se evalúan en D2, D5 y D6-7-8, respectivamente. Los resultados obtenidos muestran una media de 21,10% de embriones clivados y un 12,75% de blastocistos sobre el total. Con estos prometedores resultados, podremos comenzar a adaptar las técnicas a la embriogénesis de lince ibérico en el siguiente ciclo del proyecto.

DETECCIÓN DE LA VARIANTE DE PREOCUPACIÓN ÓMICRON (B.1.1.529) DEL SARS-COV-2 EN ANIMALES DE COMPAÑÍA EN ESPAÑA

Lidia Sánchez-Morales^{1,2,3}, José Manuel Sánchez-Vizcaíno^{2,3}, Marta Pérez-Sancho^{2,3}, Lucas Domínguez^{2,3}, Sandra Barroso-Arévalo^{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

lidsan05@ucm.es

La aparición de la variante Ómicron (B.1.1.529) de SARS-CoV-2 trajo consigo un aumento en la incidencia del COVID-19 a nivel mundial. Numerosos estudios demostraron que muchas especies animales eran susceptibles a la infección por SARSCoV-2. Sin embargo, apenas existían datos sobre la incidencia de esta nueva variante en animales de compañía. En este estudio, la infección por la variante preocupante de Ómicron se confirmó mediante una RT-qPCR específica para la detección de esta variante y posteriormente por secuenciación. En este estudio, se detecta la presencia de esta variante en perros y gatos que convivían con propietarios infectados con COVID-19 en España y que habían sido muestreados en el momento óptimo para la detección de la enfermedad. Ninguno de los animales positivos por RT-qPCR (10,13%) presentó signos clínicos y las cargas virales detectadas fueron muy bajas. Además, la excreción de ARN viral duró poco tiempo en los animales positivos. Estos resultados sugieren una menor virulencia de esta variante frente a otras en gatos y perros infectados. Este estudio pone de manifiesto la transmisión de humanos a animales domésticos de esta variante. Además, recalca la importancia de realizar vigilancia activa, así como investigación genómica para detectar la presencia de variantes de preocupación o mutaciones asociadas a huéspedes animales.

Agradecimientos: Esta investigación ha sido financiada por el Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) Proyecto-Estudio del potencial impacto del COVID-19 en mascotas y linceos (referencia COV20/01385) y el REACT ANTICIPA-UCM (referencia PR38/21) financiado por la Comunidad de Madrid y la Unión Europea a través del FEDER (Fondo Europeo de Desarrollo Regional) como parte de la respuesta de la Unión a la pandemia del COVID-19.

REPERTORIOS NAÏVE DE CONEJO COMO FUENTES DE ANTICUERPOS MONOCLONALES RECOMBINANTES

**Santiago Rodríguez^{1,2}, Eduardo García-Calvo^{1,2}, Aina García², Teresa García²,
Rosario Martín²**

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

santro03@ucm.es

Los conejos han sido ampliamente utilizados como fuente de sueros policlonales y anticuerpos monoclonales empleados en técnicas de detección, diagnóstico y terapia. La generación de diversidad en los repertorios de anticuerpos de conejo no depende del uso de un gran número de genes V, como ocurre en humanos y ratones, sino de procesos de conversión génica e hipermutaciones somáticas. Por tanto, los conejos son capaces de producir anticuerpos con elevada afinidad y especificidad frente a antígenos que no son inmunogénicos en otros animales.

En las últimas décadas, la tecnología del *phage display* ha permitido obtener anticuerpos monoclonales recombinantes de forma rápida y controlando los parámetros de selección sin necesidad de emplear un gran número de animales de experimentación. El principal prerrequisito de esta tecnología es contar con un repertorio de anticuerpos muy diverso.

En esta tesis doctoral, se propone la construcción de un repertorio naïve de anticuerpos de tipo scFv. A partir del ARN de células B de la médula ósea y el bazo de conejos no inmunizados se amplificarán las regiones variables de las cadenas ligeras y pesadas de las inmunoglobulinas utilizando 100 combinaciones de primers. Este repertorio generado se clonará en el vector pComb3XTT y se transformará en *E. coli* XL1-Blue con el objetivo de aislar posteriormente, mediante *phage display*, anticuerpos dirigidos contra diversas dianas, especialmente alérgenos alimentarios.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación mediante la subvención: PID2021-122925OB-I00.

TÉCNICAS CROMATOGRÁFICAS *VERSUS* ESPECTROSCOPIA DE RESONANCIA MAGNÉTICA NUCLEAR (RMN) EN EL ANÁLISIS DEL COMPONENTE LIPÍDICO DE ALIMENTOS

Víctor Remiro^{1,2}, M. Isabel Cambero², José Segura², M. Dolores Romero de Ávila², M. Encarnación Fernández-Valle³, David Castejón³

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

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

³ICTS Bioimagen Complutense. Universidad Complutense de Madrid, España

vremiro@ucm.es

El componente lipídico es uno de los factores más importantes a la hora de valorar la calidad nutricional y la aptitud tecnológica de los alimentos. Para su estudio, generalmente se utilizan técnicas cromatográficas. El objetivo de este trabajo es determinar el potencial de la espectroscopía de RMN para aportar información de la fracción lipídica y compararla con la obtenida por técnicas cromatográficas.

La fracción lipídica, incluyendo el perfil de ácidos grasos, de aceite de oliva virgen extra y de grasa subcutánea de pernil fresco y de jamón curado fue evaluado mediante cromatografía de capa fina (CCF), cromatografía de gases (CG) y espectroscopía de RMN a diferentes tiempos de la reacción de metilación ácida (0, 30, 60, 90, 120, 150 y 180 min) y básica (0, 2, 5, 10 min).

Los espectros de RMN permitieron el análisis de distintos componentes de la grasa, con resultados similares a los obtenidos por CCF y CG. El tiempo de metilación ácida y básica fue optimizado a 120 y 2 minutos respectivamente.

Se concluye que la espectroscopía de RMN es una alternativa para el análisis de la fracción lipídica que ofrece:

- Información composicional equivalente a la obtenida por técnicas cromatográficas.
- Análisis rápido, ~10 minutos incluyendo la preparación de la muestra y la adquisición de datos espectrales.
- La monitorización, cuantificación y optimización de la reacción de derivatización para la obtención de los esteres metílicos.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto PID2019-107542RB-C22 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades).

POTENCIAL DE BACTERIAS LÁCTICAS Y BACTERIÓFAGOS PARA EL CONTROL DE BIOFILMS DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*

Rubén Jurado^{1,2}, Alberto Aragón³, Belén Orgaz², Leónides Fernández²

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

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

³Estudiante del Programa de Doctorado en Veterinaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

rubenjur@ucm.es

Staphylococcus aureus es un patógeno causante de mastitis, una de las principales causas de destete precoz que priva al lactante de los beneficios de la lactancia materna. Uno de los factores de virulencia de *S. aureus* que explica su persistencia en la glándula mamaria es su capacidad para formar *biofilms*. El tratamiento habitual de la mastitis suele ser la antibioterapia, siendo necesario buscar estrategias alternativas para esta condición. El objetivo de este trabajo fue caracterizar aislados de *S. aureus* de leche de mujeres sanas y con mastitis, y probar la eficacia de sobrenadantes libres de células (SLC) de bacterias lácticas (BAL; *Ligilactobacillus salivarius* 20SNG2-30, *Limosilactobacillus fermentum* I7 y *Lactococcus lactis* 515) y bacteriófagos para el control de *biofilms* de *S. aureus*. Los aislados de *S. aureus* se caracterizaron con pruebas fenotípicas generales y la capacidad de formar *biofilms* se evaluó en placas de 96 pocillos. Las cepas de *S. aureus* presentaban actividad hemolítica (100%), producían exopolisacáridos (75%) y eran resistentes a meticilina (75%) y otros antibióticos (variable). Todas las cepas de *S. aureus* formaron *biofilms* compactos (> 8 log₁₀ UFC/cm²). El pre-acondicionamiento de las superficies de las placas para evitar la formación de *biofilms* fue nula con los SLC y cepa-dependiente con los fagos. En cambio, los *biofilms* preformados fueron eliminados eficazmente con los SLC de las tres BAL, siendo esta la mejor estrategia de las evaluadas.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto PID2019-105606RB100 concedido por el Ministerio de Economía y Competitividad de España. RJ agradece el apoyo económico a través de la beca PRE2020-096035 del Ministerio de Ciencia e Innovación de España.

EVALUACIÓN DE BACTERIAS LÁCTICAS (BAL) CON POTENCIAL
PROBIÓTICO AISLADAS DE MERLUZAS (*MERLUCCIUS*
MERLUCCIUS, L.) DEL ATLÁNTICO NORDESTE

Lara Díaz-Formoso^{1,2}, Diogo Contente^{1,2}, Javier Feito^{1,2}, 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

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

lardia01@ucm.es

Para 2050 se prevé una población mundial de 9800 millones de habitantes, por lo que la acuicultura debe garantizar un suficiente y sostenible suministro de pescado y productos de la pesca. El empleo abusivo de antibióticos, muchas veces como tratamiento profiláctico, ha contribuido a la aparición y diseminación de resistencias a antibióticos, provocando un grave problema para el tratamiento de enfermedades infecciosas. Por ello, existe un gran interés por desarrollar estrategias alternativas/complementarias a la antibioterapia para prevenir y controlar las ictiopatologías basadas en el empleo de probióticos, principalmente BAL. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue la caracterización y evaluación del potencial probiótico de BAL aisladas de merluzas (*Merluccius merluccius*, L.). Para la selección de los aislados se realizaron pruebas de actividad antimicrobiana directa (SOAT) frente a los principales ictiopatógenos relevantes para la acuicultura y se procedió a la filiación taxonómica de los aislados más activos mediante secuenciación nucleotídica parcial del gen *ADNr16S*. Además, se evaluó su seguridad *in vitro* mediante la determinación de (i) su susceptibilidad a los principales antibióticos utilizados en medicina humana y veterinaria (ii) y sus actividades hemolítica y proteolítica. Los resultados obtenidos sugieren que la merluza constituye un nicho ecológico adecuado para el aislamiento de BAL con potencial probiótico para la acuicultura.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con fondos de los proyectos RTI2018-094907-B-I00 y PID2019-104808RA100 concedidos por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades y MICINN.

PURIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE LAS BACTERIOCINAS CIRCULARES, PUMILARINA Y ALTITUDINA, PRODUCIDAS POR *BACILLUS ALTITUDINIS* ECC22

Irene Lafuente^{1,2}, Ester Sevillano^{1,2}, Nuria Peña^{1,2}, Estefanía Muñoz-Atienza², Pablo E. Hernández², Luis M. Cintas², Juan Borrero²

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

irelafue@ucm.es

Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), el desarrollo de nuevos antibióticos al ritmo actual es insuficiente de cara a combatir las numerosas resistencias bacterianas a los mismos. En este contexto, los péptidos antimicrobianos producidos por bacterias (bacteriocinas) constituyen una alternativa más para ampliar la oferta de nuevos compuestos antimicrobianos. El objetivo de este trabajo ha sido la purificación y caracterización bioquímica y genética de los péptidos antimicrobianos producidos por *Bacillus altitudinis* ECC22, un aislado con elevada actividad antimicrobiana obtenido de muestras de tierra durante el transcurso del Proyecto de Aprendizaje-Servicio Micromundo@UCM (2022). La secuenciación completa de su genoma (WGS) ha permitido la identificación de dos operones potencialmente codificantes de las bacteriocinas circulares pumilarina y una bacteriocina nueva, denominada altitudina. La síntesis *in vitro* (IV-CFPS) y la producción *in vivo* por *E. coli* de ambas bacteriocinas, mediante un sistema de ligación mediado por inteínas (SIML), así como la purificación parcial de los compuestos activos producidos por *B. altitudinis* ECC22 y posterior análisis por espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) y cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (LC-MS/MS), confirman su identidad y conformación circular. Ambas bacteriocinas poseen un elevado potencial biotecnológico como antimicrobianos en la industria alimentaria y medicina humana y veterinaria.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con los proyectos 2018-T1/BIO-10158 y 20225ABIO-24232 del Programa de Atracción de Talento de la Comunidad de Madrid (CAM) y PID2019-104808RA-100 del Ministerio de Ciencia e Innovación (MCINN). Irene Lafuente, Nuria Peña y Juan Borrero han sido contratados con cargo a los proyectos 2018-T1/BIO-10158 y 2022-5ABIO24232 del Programa de Atracción de Talento de la CAM. Ester Sevillano ha sido contratada con cargo al proyecto PEJ-2020-AI/BIO-17758 de la CAM.

¿UNA NUEVA ERA? ELUCIDACIÓN *IN SILICO* DE LA ESTRUCTURA DE ANTÍGENOS, ANTICUERPOS Y SU INTERACCIÓN MEDIANTE SISTEMAS DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Eduardo García-Calvo^{1,2}, Santiago Rodríguez^{1,2}, Aina García², Rosario Martín²,
Teresa García²

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

edugar01@ucm.es

En 1953 Frederick Sanger obtuvo la primera secuencia de aminoácidos de una proteína y en 1959 Max Perutz generó por primera vez la estructura tridimensional de la mioglobina. Desde entonces, la resolución del plegamiento de proteínas (infiriendo la estructura a partir de su secuencia) se convirtió en un reto científico. En 2018 el programa Alpha-Fold resolvió el plegamiento de varias proteínas problema en el concurso CASP13 con una resolución nunca vista hasta entonces, revolucionando este campo. Con dicho programa se resolvieron todas las estructuras de la base de datos UNIPROT. A pesar de este avance, Alpha-Fold presentaba problemas para resolver el plegamiento de anticuerpos, debido a su estructura multi-cadena y la presencia de zonas altamente variables. Para solucionar este reto, se han desarrollado varias aplicaciones de “aprendizaje profundo” entrenadas con miles de estructuras de anticuerpos para predecir su plegamiento. El objetivo de este trabajo ha sido generar mediante estas nuevas aplicaciones (IgFold y sAbPred) las estructuras tridimensionales de anticuerpos desarrollados en nuestro laboratorio frente al gluten mediante la tecnología del *phage display*, y estudiar sus interacciones con las proteínas diana cuya estructura fue generada por Alpha-Fold. Esta estrategia ha permitido caracterizar a escala molecular la unión antígeno-anticuerpo, y podría servir para proponer mejoras de los anticuerpos obtenidos.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el Proyecto “Generación de Conocimiento” PID2021-1229250B-I00, concedido por el Ministerio de Ciencia e Innovación.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y FUNCIONAL DE *LIGILACTOBACILLUS SALIVARIUS* P1CEA3, UNA CEPA DE ORIGEN PORCINO PRODUCTORA DE LA NISINA S

Ester Sevillano^{1,2}, Irene Lafuente^{1,2}, Nuria Peña^{1,2}, Luis M. Cintas², Estefanía Muñoz-Atienza², Pablo E. Hernández², Juan Borrero²

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

estsev01@ucm.es

El uso de bacterias lácticas (BAL) productoras de bacteriocinas se considera una solución segura de control de bacterias patógenas resistentes a antibióticos y una alternativa al uso de antibióticos en producción animal. En este contexto, la cepa *Ligilactobacillus salivarius* P1CEA3, aislada del tracto gastrointestinal (TGI) de cerdos, se seleccionó por su elevada actividad antimicrobiana frente a bacterias patógenas Gram positivas de interés en la producción porcina. La secuenciación completa de su genoma (WGS) así como la purificación a homogeneidad de la actividad antimicrobiana del sobrenadante de *L. salivarius* P1CEA3 permitió la identificación, por espectrometría de masas (MALDI-TOF MS) y cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (LC-MS/MS), de la síntesis y producción de una nueva variante de la nisina, denominada nisina S (NisS), con un amplio espectro de acción, y la primera variante de nisina producida por una bacteria del género *Ligilactobacillus*. Un análisis informático posterior del genoma de *L. salivarius* P1CEA3 ha permitido identificar el operón de la nisS en el megaplásmido pMP1CEA3 y descartar la presencia de genes de resistencia a antibióticos y de otros factores potenciales de virulencia. También se han identificado genes asociados a la síntesis de características probióticas lo que sugiere que *L. salivarius* P1CEA3 es un microorganismo seguro, con un elevado potencial como probiótico en la producción porcina.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con los proyectos PEJ-2020-AI/BIO-17758 de la Comunidad de Madrid y PID2019-104808RA-100 del Ministerio de Ciencia e Innovación. Ester Sevillano ha sido contratada con cargo a estos mismos proyectos. Irene Lafuente, Nuria Peña y Juan Borrero han sido contratados con cargo a los proyectos 2018-T1/BIO-10158 y 2022-5ABIO-24232 del Programa de Atracción de Talento de la Comunidad de Madrid.

PATRIMONIO GENÉTICO DEL CERDO CELTA-IBÉRICO: IDENTIFICACIÓN DE ÁREAS GENÓMICAS PROPIAS MEDIANTE BARRIDO GENÓMICO

Katherine D. Arias^{1,2,3}, Lee Hanboreum⁴, Riccardo Bozzi⁵, Isabel Álvarez³, Juan Pablo Gutiérrez², Iván Fernández³, Juan Menéndez⁶, Albano Beja-Pereira⁷, Félix Goyache³

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

³SERIDA-Deva. Gijón, Asturias, España

⁴Gyeongbuk Provincial College. Gyungbuk, Corea

⁵Dipartimento di Scienze Zootechniche. Università degli Studi di Firenze, Italia

⁶ACGA, Avilés, España

⁷CIBIO-InBio, Universidade do Porto, Portugal

katarias@ucm.es

Las razas porcinas de estirpe celta prácticamente se extinguieron en España y Portugal a finales del siglo XX por la entrada de razas mejoradas. Pretendemos contribuir a la conservación de esas razas y su conocimiento identificando áreas genómicas propias de la estirpe porcina celta-ibérica. Se genotiparon 153 muestras de cerdos celta-ibéricos (Gochu Asturcelta y Bísaro portugués), ibéricos (Ibérico y Alentejano), Cinta Senese, Coreano autóctono y cosmopolitas (Hampshire, Landrace y Large White). Se realizaron comparaciones separadas de cada raza celta-ibérica usando las otras cinco poblaciones como referencia y con tres diferentes métodos (XP-EHH, FST y Δ DAF). Para cada raza objetivo se consideraron SNPs potencialmente bajo selección si se identificaron en, al menos, cuatro de diez comparaciones, dos a dos, y en dos métodos. A partir de esos SNPs se definieron áreas genómicas bajo selección cuyo solapamiento entre razas permitió identificar 39 regiones representativas del patrimonio genómico del cerdo celta-ibérico, principalmente en SSC5 y SSC9. Se anotaron 7 genes candidatos (NOL12, LGALS1, PDXP, SH3BP1, GGA1, WIF1 y LYPD6). El gen WIF1 se asoció con el tamaño de la oreja, uno de los rasgos característicos del cerdo celta-ibérico. Los otros genes candidatos se relacionaron con la rusticidad de razas explotadas en semiextensivo. El cerdo celta-ibérico puede ser importante para conocer la genómica de la adaptación del cerdo a un entorno cambiante.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto AEI-PID2019-103951RB/AEI/10.13039/501100011033 y la ayuda PRE2020-092905 subvencionada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y FSE.

MÉTODOS DE DESPESQUE: EVALUACIÓN SOBRE LA RESPUESTA AL ESTRÉS EN LA TRUCHA ARCOÍRIS

Andrea Martínez Villalba^{1,2}, Álvaro de la Llave-Propín³, Roberto González Garoz^{1,2}, Jesús de la Fuente², Concepción Pérez⁴, Elisabeth González de Chavarri², María Teresa Díaz², Almudena Cabezas², 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, España

³Departamento de Producción Agraria. Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, España

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

amvillalba@ucm.es

Durante el cultivo peces, el despesque es una fase que produce una respuesta de estrés. Este estudio comparó tres métodos de despesque en trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*): sacadera (S), bomba de succión (BS) y tornillo de Arquímedes (T). Para ello, se utilizaron 90 individuos distribuidos en tres grupos de 30 peces en función del método empleado. Se evaluaron parámetros sanguíneos como cortisol, glucosa, lactato, triglicéridos y ácidos grasos libres, así como la enzima lactato deshidrogenasa. También se midió el pH y el color de piel, hígado y músculo. El cortisol plasmático fue inferior en los grupos S y T, indicando una menor respuesta de estrés en comparación con el grupo BS. El grupo T mostró un mayor pH muscular a las 0 horas *post-mortem*, posiblemente debido a un menor agotamiento de glucógeno con una menor respuesta de estrés, lo que resultó en una mayor caída del pH después de 24 horas en comparación con el grupo S. La luminosidad (L*) del hígado respaldó una menor respuesta de estrés en el grupo SC, ya que presentaron una L* más baja, probablemente por una menor movilización de reservas hepáticas. Se observó un valor de b* y C* superior en el grupo S tanto en la piel como en el músculo a las 0h, mostrando así un color diferente de estos tejidos en los animales que han podido sufrir un mayor estrés, según los niveles de cortisol. Por lo tanto, los resultados parecen indicar una menor respuesta de estrés utilizando el método SC.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto Piscibien financiado por el MAPA (SPAC/21).

EXPLORANDO LA MEMORIA INMUNOLÓGICA DURANTE LA REINFECCIÓN POR MALARIA MEDIANTE LOS PERFILES DE EXPRESIÓN Y DE ACCESIBILIDAD A LA CROMATINA EN CÉLULA ÚNICA

Montserrat Coronado^{1,2}, África Vincelle-Nieto², Isabel G. Azcárate³, Susana Pérez-Benavente², Antonio Puyet², Amalia Díez², José Manuel Bautista², Armando Reyes-Palomares²

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

²Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Especialidades Médicas y Salud Pública. Universidad Rey Juan Carlos, España

montseco@ucm.es

La malaria causa más de 200 millones de casos clínicos anuales. La población endémica desarrolla una respuesta inmunitaria progresiva pero incompleta debido a reinfecciones recurrentes, que les permite controlar la parasitemia y los síntomas. Para estudiar los mecanismos reguladores de la memoria inmunológica causados por la reinfección de malaria, hemos realizado un ensayo multimodal en célula única obteniendo así los perfiles transcriptómicos y epigenómicos de las células mononucleares esplénicas de ratones expuestos a múltiples infecciones por *Plasmodium yoelii* 17XNL. Integrando los datos de RNA-Seq y ATAC-Seq procedentes de la misma célula, hemos identificado diferentes subpoblaciones de células inmunitarias pertenecientes a linfocitos B, linfocitos T, linfocitos NK y células mieloides.

Los resultados revelan que la reinfección redistribuye las fracciones celulares de las células esplénicas. Así, se han detectado cambios transcriptómicos, que indican un perfil celular más activo tras una primoinfección. Además, hemos caracterizado la actividad diferencial de los factores de transcripción entre subpoblaciones celulares evaluando su actividad entre los distintos perfiles de infección. En conclusión, la integración de múltiples ómicas ha evidenciado la notable heterogeneidad celular y los cambios transcriptómicos y epigenómicos asociados con la reinfección por malaria.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por PRIIT para Jóvenes Doctores UCM-CAM (PR65/19-22460).

SIMPLY THE BLEES, β -LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO EN LA INTERFAZ HUMANA-ANIMAL-AMBIENTAL

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

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

²Departamento de Sanidad Animal y Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET), Universidad Complutense de Madrid, España

fferna10@ucm.es

La resistencia a antibióticos es un problema cada vez más grave para la salud pública humana y animal. Las β -lactamasas de espectro extendido (BLEEs) son un mecanismo relevante por su capacidad de degradar cefalosporinas, esenciales en el tratamiento de infecciones complicadas por *Enterobacteriaceae*. Se buscó estudiar las dinámicas de transmisión de BLEEs en una localidad pequeña de Andalucía con una perspectiva *One Health*. Se tomaron 250 muestras de granjas de cerdos, hospitales, aguas naturales y residuales y estaciones depuradoras de aguas residuales (EDAR). En las granjas de cerdos se detectó un número significativamente mayor de *E. coli* productores de BLEEs en granjas intensivas que en extensivas. En muestras de agua, se halló una correlación directa entre la presencia de *Enterobacteriaceae* y la de bacterias productoras de BLEEs, sugiriendo un efecto de la contaminación fecal en los niveles de resistencia. Al seleccionar aislados productores de BLEEs, la resistencia a cloranfenicol, trimetoprim y sulfametoxazol fue coseleccionada. Datos de secuenciación preliminares revelan la presencia de las BLEEs blaCTX-M-15 y blaCTX-M-27 y de *E. coli* ST131 (clon altamente virulento y exitoso) en la EDAR municipal, sugiriendo una diseminación comunitaria de este clon tan relevante clínicamente. Análisis genómicos posteriores revelarán las fuerzas gobernando la dinámica de resistencia intra e inter-compartimento y la puesta en marcha de medidas para preservar la salud pública.

Agradecimientos: Me gustaría agradecer a mis compañeros toda su ayuda tanto en el muestreo como en el trabajo del día a día y a mi director el darme la oportunidad de desarrollar mi tesis doctoral con este proyecto. También quiero agradecer a la Universidad Complutense y al Banco Santander la concesión de la beca predoctoral UCM y a la Oak Foundation la financiación del proye

Comunicaciones en póster

MÉTODO DE MUESTREO SENCILLO Y SEGURO PARA MONITORIZAR EL VIRUS DE LA PESTE PORCINA AFRICANA

Aleksandra Kosowska^{1,2,3}, José A. Barasona^{2,3}, Sandra Barroso-Arévalo^{2,3}, Marta Díaz-Frutos^{2,3}, Belén Rivera³, Lucas Domínguez^{2,3}, José M. Sánchez-Vizcaíno^{2,3}

¹Programa 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

alkosows@ucm.es

La Peste Porcina Africana (PPA) representa actualmente un gran desafío sanitario para el sector porcino a nivel global. Solo la detección temprana del virus de la PPA y las medidas de bioseguridad adecuadas son eficaces para frenar su expansión. Algunos de los riesgos más reconocidos en cuanto a la introducción y difusión del virus de la PPA en un país son los animales infectados (domésticos o silvestres), los alimentos contaminados y los vehículos de transporte de ganado contaminados.

Para facilitar y acelerar el diagnóstico de la enfermedad, hemos evaluado un nuevo método de muestreo que garantice la inactivación completa del virus y la conservación del material genético viral. Con el fin de tomar medidas eficaces para la identificación rápida y un mayor control de la PPA, hemos tomado muestras de diferentes tipos de superficies en instalaciones contaminadas con el virus, incluida la piel de los animales, realizando el muestreo con las esponjas (3 M Esponja seca; 3 M, Madrid, España) hidratadas con un nuevo líquido inactivador del virus (patente n° P2115ES00).

Los resultados obtenidos en dos estudios independientes confirmaron que el método permite la detección del genoma viral a partir de diferentes superficies con una sensibilidad similar a la de otros métodos comúnmente utilizados. Al mismo tiempo, el líquido tensioactivo permite realizar una inactivación completa del virus y preservación de su genoma. Este método proporciona una base importante para evaluar la presencia del virus sin los requisitos de un laboratorio de alto nivel de bioseguridad, lo que puede acelerar sustancialmente la detección temprana del patógeno. Este método de muestreo es simple, rápido y económico y reducirá el riesgo real de transmisión del virus de la PPA entre granjas, mejorará el bienestar animal y evitará significativas pérdidas económicas.

EVALUACIÓN DE DISTINTOS MÉTODOS DE AGRUPAMIENTO PREVIO AL DESPESQUE SOBRE EL BIENESTAR ANIMAL EN TRUCHA ARCOÍRIS

Roberto González Garoz^{1,2}, Álvaro de la Llave-Propín³, Andrea Martínez Villalba^{1,2},
Almudena Cabezas², Jesús de la Fuente², Rubén Bermejo-Poza², Concepción Pérez⁴,
Elisabeth González Chavarri², Morris Villarroel³, María Teresa Díaz²

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

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

³Departamento de Producción Agraria. Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, España

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

robgon02@ucm.es

Durante el cultivo peces, el despesque es una fase que produce una respuesta de estrés. Este estudio comparó tres métodos de despesque en trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*): sacadera (S), bomba de succión (BS) y tornillo de Arquímedes (T). Para ello, se utilizaron 90 individuos distribuidos en tres grupos de 30 peces en función del método empleado. Se evaluaron parámetros sanguíneos como cortisol, glucosa, lactato, triglicéridos y ácidos grasos libres, así como la enzima lactato deshidrogenasa. También se midió el pH y el color de piel, hígado y músculo. El cortisol plasmático fue inferior en los grupos S y T, indicando una menor respuesta de estrés en comparación con el grupo BS. El grupo T mostró un mayor pH muscular a las 0 horas *post-mortem*, posiblemente debido a un menor agotamiento de glucógeno con una menor respuesta de estrés, lo que resultó en una mayor caída del pH después de 24 horas en comparación con el grupo S. La luminosidad (L*) del hígado respaldó una menor respuesta de estrés en el grupo SC, ya que presentaron una L* más baja, probablemente por una menor movilización de reservas hepáticas. Se observó un valor de b* y C* superior en el grupo S tanto en la piel como en el músculo a las 0h, mostrando así un color diferente de estos tejidos en los animales que han podido sufrir un mayor estrés, según los niveles de cortisol. Por lo tanto, los resultados parecen indicar una menor respuesta de estrés utilizando el método SC.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto Piscibien financiado por el MAPA (SPAC/21).

LA EXPOSICIÓN ÚNICA Y CONTINUADA AL BISFENOL A INDUCE LA GENERACIÓN DE ESPECIES REACTIVAS DE OXÍGENO, LA ACUMULACIÓN DE PROTEÍNAS TAU Y AB, Y LA ALTERACIÓN DE LA RUTA DE LA INSULINA A TRAVÉS DE LA SOBREEXPRESIÓN DE HDAC2 Y PTP1B, PROVOCANDO LA APOPTOSIS DE NEURONAS SN56

Andrea Flores Calle^{1,2}, Paula Moyano², Emma Sola², José Manuel García², Jimena García², María José Anadón³, María Teresa Frejo², María Victoria Naval⁴, María de la Cabeza Fernández⁵, Javier del Pino²

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

²Sección Departamental de Farmacología y Toxicología. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Medicina, Psiquiatría y Medicina Legal, Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid, España

⁴Departamento de Farmacognosia y Botánica, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, España

⁵Departamento de Química Farmacéutica, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, España

andreafc@ucm.es

El bisfenol A (BPA), componente ampliamente empleado como plastificante en diversas industrias, puede producir alteraciones cognitivas tras la exposición única y continuada, si bien los mecanismos a través de los cuales presenta estos efectos no se conocen en profundidad. Se ha estudiado que la neurodegeneración de las neuronas colinérgicas del prosencéfalo basal (NCPB) provoca alteraciones en los procesos de aprendizaje y memoria, ya que son estas neuronas las encargadas de controlar las funciones cognitivas, inervando las regiones del córtex y el hipocampo. En este estudio, se emplearon células SN56 con los genes silvestres que codifican para la proteína tirosina fosfatasa 1b (*PTP1B*), la histona diacetilasa 2 (*HDAC2*), y los precursores τ y β amiloides (β APP) silenciados, y fueron tratadas con BPA (0.001 μ M–100 μ M), con o sin N-acetilcisteína (NAC; 1 mM) durante 1 o 14 días. Se emplearon estas células como modelo de las NCPB, para determinar si la alteración en la ruta de la insulina, la generación de estrés oxidativo y la acumulación de péptidos β amiloides (P β A) y proteínas τ (P τ) estaban implicadas en la inducción de la muerte de las NCPB como posible mecanismo de los desórdenes mencionados. Se observó que el BPA induce muerte celular tras 1 o 14 días de tratamiento a través de la alteración de la ruta de la insulina, la generación de estrés oxidativo (mediada por la desregulación de la ruta NRF2) y la acumulación de acumulación de P β A y P τ , provocada a su vez por la sobreexpresión de HDAC2 y PTP1B. Estos hallazgos se plantean relevantes a fin de explicar los mecanismos de neurodegeneración de las NCPB, mecanismos que podrían desencadenar neurodegeneración en otras regiones inervadas por las mencionadas neuronas, dando lugar a desórdenes cognitivos.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por la beca de investigación PR26/20326 del Banco Santander/UCM.

LA NEOADYUVANCIA DE TERAPIAS ANTI-ANDROGÉNICAS MEJORA EL TRATAMIENTO CONVENCIONAL EN EL CÁNCER DE MAMA 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 Fisiología. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

belencre@ucm.es

El carcinoma inflamatorio mamario canino (CIMC) es una de las neoplasias con mayor tasa de mortalidad. La quimioterapia convencional basada en la combinación de antraciclinas (Doxorubicina) y taxanos (Docetaxel) presenta una eficacia limitada. Sin embargo, gran parte de los CIMC presentan expresión del receptor de andrógenos (RA), relacionándose con un mejor pronóstico. El objetivo fue determinar la eficacia de la adición de un antagonista del RA, la Bicalutamida, a la terapia convencional. Para ello, la línea celular de CIMC, IPC-366, fue utilizada en ensayos in vitro e in vivo para determinar la eficacia de la Doxorubicina, el Docetaxel, la Bicalutamida como único tratamiento, y las diferentes combinaciones de tratamientos. Se realizaron ensayos in vitro de sensibilidad, viabilidad y migración celular, además de ensayos in vivo mediante la inoculación de células en ratones Balb/SCID.

Los resultados in vitro mostraron que la combinación de Docetaxel+Bicalutamida era la más efectiva reduciendo la viabilidad y migración celular en un 75% y 38% respectivamente. Sin embargo, en los ensayos in vivo, los resultados demostraron que todas las combinaciones reducían la progresión tumoral, siendo la más eficaz la combinación Doxorubicina+Docetaxel+Bicalutamida con una reducción del 71,67%.

En conclusión, la adición de antagonistas del RA a la terapia convencional del CIMC podría ser una buena estrategia terapéutica.

Agradecimientos: A mis directores y compañeros de departamento.

ANÁLISIS DE TEXTURA DE CARNE DE CERDO. PROPUESTA DE PROTOCOLO PARA WARNER BRATZLER

Beatriz Jiménez-Gómez^{1,2,3,4}, Rosa Escudero², Clemente López-Bote², José Segura³, Ana Isabel Rodríguez⁴, Alejandro Jordán⁴, Luis Calvo^{2,4}

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

³Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, España

⁴Incarlopsa. Tarancón, Cuenca, España

mariab09@ucm.es

En la mayoría de la literatura científica, la descripción de los análisis de textura de carne cocinada es poco rigurosa e inespecífica, lo que imposibilita la reproducibilidad de los ensayos y dificulta la comparación de resultados. El tiempo transcurrido desde el sacrificio, el tamaño de la muestra y la orientación de las fibras al muestrear, los parámetros definitorios del método de cocinado, la temperatura de análisis y los instrumentos utilizados, etc. son variables que influyen considerablemente en la precisión, la exactitud y la robustez de los resultados haciendo fundamental su completa descripción.

En este trabajo se propone un protocolo detallado, que ha sido optimizado y se considera replicable y reproducible para llevar a cabo el análisis de carne cocinada de cerdo mediante Warner-Bratzler. Para ello, se han desarrollado diferentes pruebas y/o criterios para definir el esquema de muestreo de las distintas secciones de la pieza cárnica, de la dirección de las fibras, la técnica de cocinado, el tallado de las muestras antes y después del tratamiento térmico, las condiciones de almacenamiento, la temperatura de análisis, el flujo de tiempo desde el sacrificio hasta el análisis y los criterios de depuración de datos, entre otros.

Limitando las numerosas variables se proporciona un protocolo pormenorizado que permite la obtención de resultados comparables y reducida variabilidad en cada uno de los puntos definidos.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el Proyecto CDTI IDI-20230106.

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE *PASTEURELLA MULTOCIDA* ASOCIADA CON BROTES DE ENFERMEDAD RESPIRATORIA BOVINA

Johan Manuel Calderón Bernal^{1,2}, José Francisco Fernández-Garayzábal^{2,3}, Ana Isabel Vela Alonso^{2,3}, María Dolores Cid Vázquez²

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

johancal@ucm.es

P. multocida es uno de los principales patógenos asociados a la enfermedad respiratoria bovina (ERB). Los estudios de caracterización de *P. multocida* asociada a ERB son escasos, en comparación con los de otras enfermedades y hospedadores. En este estudio, 170 aislados de *P. multocida* de 125 brotes de ERB han sido caracterizados mediante genotipado cápsula-LPS, virulotipado, así como MLST y PFGE en un subconjunto de aislados. Se detectaron 3 tipos capsulares (A, B y F) y tres genotipos LPS (L2, L3 y L6). La mayoría de los aislados (97,6%) pertenecieron al genotipo A:L3, mostrando una diversidad genética muy baja (GD=0,02). La detección de nueve genes asociados a la virulencia (VGA) permitió definir 7 virulotipos, incluyendo dos de ellos (VP1 y VP2) el 95,9% de los aislados. Los ST79 y ST13, ambos del complejo clonal (CC13), se identificaron como los más frecuentes agrupando el 91,7% de los aislados, lo que indica una estructura clonal de la población. La tipificación por PFGE mostró una baja diversidad genética (GD=0,18) de los aislados, detectándose un pulsotipo único en el 62,5% de los brotes con múltiples aislados. El 85,2% de los aislados se incluían en pulsotipos con elevada similitud genética (>80%), lo que concuerda con la estructura clonal de la población evidenciada por MLST. En conjunto, estos resultados evidencian una baja diversidad genética entre los aislados, sugiriendo la estrecha relación genética de una gran mayoría de aislados de *P. multocida* asociados a ERB.

Agradecimientos: Laboratorio de diagnóstico veterinario y autovacunas Exopol, Zaragoza, España.

DETECCIÓN DE LA INFECCIÓN POR *LEISHMANIA INFANTUM* EN
MUESTRAS NO INVASIVAS PROCEDENTES DE FAUNA SALVAJE
CAUTIVA DE MADRID

Pablo Moraleda¹, Eva Martínez-Nevado², Lino Pérez de Quadros³, Ana Montoya⁴,
Rosa Gálvez⁵, Manuel de la Riva^{1,3}, Juncal García², Begonia Saldaña², Juan Pedro
Barrera¹, Efrén Estévez¹, Rocío Checa⁴, Guadalupe Miró⁴

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

²Zoo Aquarium de Madrid, España

³Faunia, Madrid, España

⁴Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid,
España

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

pmoraled@ucm.es

Los casos de leishmaniosis clínica en animales alojados en parques zoológicos de España son más frecuentes, siendo necesario incluir en el diagnóstico diferencial esta importante zoonosis.

En zonas endémicas se ha demostrado que el uso de muestras no invasivas como hisopos de mucosa oral y conjuntival en el perro, así como el uso de prueba rápidas como el rK39 son útiles para la detección de la infección por *L. infantum*.

En este estudio, se evalúa el uso de muestras no invasivas para la detección de ADN de *L. infantum* en fauna salvaje cautiva en parques zoológicos de la Comunidad de Madrid.

La población de estudio fueron 148 animales, 95 del Zoo Aquarium de Madrid y 53 de Faunia.

Se obtuvieron 104 sueros y 396 hisopos (107 de mucosa oral, 100 de mucosa ótica, 107 de mucosa conjuntival y 82 de mucosa genital). Las muestras de suero se analizaron con el kit rápido de inmunodiagnóstico rK39. Con las muestras de hisopo se realizó la técnica de diagnóstico molecular para la detección de ADN de *L. infantum*; realizando la extracción de ADN, seguido de la PCR anidada.

Los resultados indican una seroprevalencia del 10,2% (9/88), y una prevalencia del 4,6% (14/306) en muestras de hisopos, siendo 7 de mucosa oral, 6 de mucosa conjuntival y 1 de mucosa genital. De los animales positivos, 9 fueron detectados por ambas pruebas (rK39 y PCR), dos y uno únicamente por rK39 y PCR, respectivamente.

Estos resultados resaltan que los hisopos pueden ser útiles para la detección temprana de la enfermedad, aunque haya menor positividad que en pruebas rápidas como el rK39, pudiendo ser una herramienta no invasiva de gran relevancia para animales de parques zoológicos a los que no se pueden realizar procedimientos anestésicos continuos.

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

RAFAEL AMIEVA GÓMEZ

Tercer premio a la mejor comunicación oral

MONTSERRAT CORONADO BRIEVA

CAROLINA MUÑOZ PÉREZ

VÍCTOR REMIRO YAGÜE

Primer premio al mejor póster

BELÉN CRESPO CORTÉS

Segundo premio al mejor póster

JOHAN MANUEL CALDERÓN BERNAL

Tercer premio al mejor póster

PABLO MORALEDA BERRAL

Premio al Reel de Instagram

ANA MUÑOZ MACEDA

JURADO DE LOS PREMIOS

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

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

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

Juan Carlos Illera del Portal (Sección Departamental de Fisiología)

Ana Isabel Rey Muñoz (Departamento de Producción Animal)

Casilda Rodríguez Fernández (Sección Departamental de Farmacología y Toxicología)

Juan Miguel Rodríguez Gómez (Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos)

Inmaculada Santos Álvarez (Sección Departamental de Anatomía y Embriología)

Ana Isabel Vela Alonso (Departamento de Sanidad Animal)