



Fundación General
Universidad Complutense de Madrid



Colegio Oficial de Biólogos
de la Comunidad de Madrid



7 de Octubre 2020

Comité organizador

- **Alejandro** López García
- **Ana** García Casas
- **David** A. Oropesa Olmedo
- **Gabriel** Munar Delgado
- **Irene** Hernández Téllez
- **Lucía** Jiménez Gallardo
- **Roberto** Pedrero Tomé
- **Sara** Jiménez Álvarez
- **Sonia** Molino de Miguel

En memoria de **José María Gabriel y Galán**, que nos hizo enamorarnos
de la botánica

INDICE



Programa

1



Resúmenes: Comunicaciones orales

- Sesión I	4
- Sesión II	12
- Sesión III	21



Resúmenes: Pósteres

28



PROGRAMA

9:30 *Bienvenida y conferencia inicial*

9:45 **Homenaje a José María Gabriel y Galán**

10:00 *Conferencia plenaria I. Noemí López Ejeda. Obesidad y hambre: las dos caras de la malnutrición infantil en la pobreza*

Comunicaciones orales: Sesión I

10:30 **Luis Javier Serrano Ramos.** Establecimiento de protocolos en terapias avanzadas, génica y celular para el tratamiento del déficit de factor V de la coagulación.

10:45 **Sandra Grzechnik.** Estudio bianual de preferencias tróficas en escarabajos coprófagos (Coleoptera, Scarabaeoidea) y necrófagos (Coleoptera, Silphidae) de una localidad de la Sierra de Guadarrama.

11:00 **Andrés Fernández Loras.** Quitridiomycosis en anfibios: inmunidad, tratamiento y mitigación en el medio natural.

11:15 **Azucena Jiménez-Ramírez.** Measuring recent gene flow among large populations in *Pinus sylvestris*: local pollen shedding does not preclude substantial long-distance pollen immigration.

11:30 **Diego Madera Sánchez.** Light/dark cycle, feeding schedule and temperature as regulators of *nocturnin* expression in goldfish

11:45 **Roberto Pedrero Tomé.** Fracaso antropométrico en población escolar de tecoluca, el salvador.

12:00 **Alejandro López-García.** Comida basura: ¿sobrevivir para morir? Consecuencias del uso de Vertederos en la descendencia en aves

12:15 *Pausa para el café**

* Por razones sanitarias este año el evento no ofrecerá café ni desayuno

Comunicaciones orales: Sesión II

12:45 **Aitana Alonso-Gómez.** Distribution, rhythmicity and influence of photoperiod and feeding in the expression of *igfbp1* and *igfbp2* paralogs in goldfish.

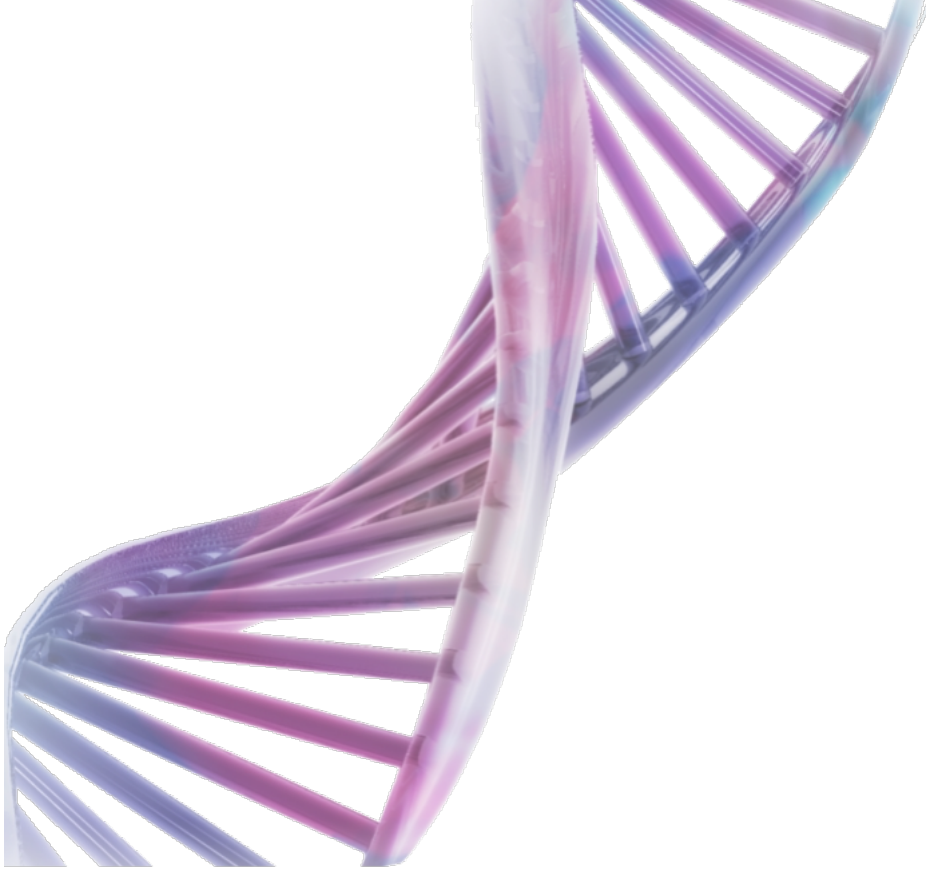
13:00 **Sara Jiménez Álvarez.** Are the main pallial areas conserved in the evolution?

13:15 **Sara Baldanta Callejo.** Caracterización de cianobacterias procedentes de un panel solar

- 13:30 **Estibaliz Gabicagogeascoa.** Ambra1 regula la transición epitelio-mesénquima a través de la ruta *tgf-b* en carcinoma escamoso de piel
- 13:45 **Andrea Corral-Lou.** High genetic differentiation in the endemic and endangered freshwater fish *Achondrostoma salmantinum* Doadrio and Elvira, 2007 from Spain, as revealed by mitochondrial and SNP markers.
- 14:00 **Lucía Jiménez Gallardo.** Dieta a la carta.
- 14:15 **Marta Callejas-Díaz.** The role of maternal age and investment in shaping offspring performance in an aerial conifer seed bank.
- 14:30 *Comida y sesión de pósteres*
- 15:30 *Conferencia plenaria II.* **Fernando Valladares.** Bases ecológicas de la salud planetaria.

Comunicaciones orales: Sesión III

- 16:15 **Gabriel Munar Delgado.** El ambiente puede tener base genética: cómo esto cambia la interpretación de las estimaciones del componente genético del fenotipo y cómo lidiar con ello.
- 16:30 **Irene Hernández Téllez.** ¿Modulan las aves la producción y estructura de su plumaje en función de su comportamiento migratorio? el caso de las poblaciones de curruca capirotada (*Sylvia atricapilla*) en el límite del paleártico.
- 16:45 **Cristina García-Mouton.** Vehiculización interfacial de péptidos terapéuticos a través del surfactante pulmonar.
- 17:00 **Mishelle Morán-Lalangui.** Efecto de la fragmentación inducida por la proteína *sp-c* en la defensa y homeostasis del pulmón.
- 17:15 **Nuria Saiz Aparicio.** Entraining of the fish stress axis via light/dark and fasting/feeding cycles.
- 17:30 **David A. Oropesa-Olmedo.** Volando voy, volando infecto: estudio de nuevos virus a través de sus vectores
- 17:45 **Tamara Martín-Pozas.** Caracterización de comunidades metanotrofas en cuevas
- 18:15 *Entrega de premios y ceremonia de clausura*



RESÚMENES:

COMUNICACIONES ORALES

Sesión I

ESTABLECIMIENTO DE PROTOCOLOS EN TERAPIAS AVANZADAS, GÉNICA Y CELULAR PARA EL TRATAMIENTO DEL DÉFICIT DE FACTOR V DE LA COAGULACIÓN

Luis Javier Serrano Ramos^{1,2,3}

luisserr@ucm.es

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

2. Laboratorio Medicina Regenerativa, Instituto de investigación Hospital 12 de Octubre, Madrid

3. Laboratorio de Nuevas Terapias, Instituto de Investigación Sanitaria Fundación Jiménez Díaz, Madrid)

Resumen

El factor V de la coagulación es una proteína que interviene en la cascada de la coagulación, que controla una hemorragia provocada por un daño en un vaso o tejido. El déficit de este factor se clasifica como enfermedad ultra-rara debido a la baja incidencia en la población, 1-9/1.000.000 nacidos. Se trata de una enfermedad congénita, autosómica recesiva, cuyos síntomas dependen de los niveles de factor V en plasma. Estos síntomas van desde epistaxis, hematomas, hasta hemorragias severas en los casos más graves. Actualmente no existe un tratamiento curativo, ni paliativo específico, tan solo la administración de plasma fresco congelado u Octaplas[®], que proporcionan los distintos factores de la coagulación, revirtiendo momentáneamente los síntomas de sangrado.

Este proyecto consiste en establecer protocolos basados en terapias avanzadas como son la terapia celular y la terapia génica, con el fin de poner a punto un tratamiento curativo de esta enfermedad. Para ello el proyecto se divide en dos partes, la primera basada en el desarrollo de una terapia celular efectiva, mediante la obtención, caracterización y diferenciación de células madre mesenquimales de placenta humana hasta hepatocitos funcionales productores de factor V. La segunda parte se basa en el desarrollo de una terapia génica individualizada, utilizando la herramienta de edición génica CRISPR/Cas9, primero obteniendo un modelo celular, *in vitro*, con la misma mutación estudiada en nuestro paciente, y segundo revirtiendo con esta misma estrategia la mutación en el modelo.

Palabras clave: Coagulación, Factor V, Terapias Avanzadas, Célula madre, CRISPR/Cas9.

ESTUDIO BIANUAL DE PREFERENCIAS TRÓFICAS EN ESCARABAJOS COPRÓFAGOS (COLEOPTERA, SCARABAEOIDEA) Y NECRÓFAGOS (COLEOPTERA, SILPHIDAE) DE UNA LOCALIDAD DE LA SIERRA DE GUADARRAMA

Sandra Grzechnik¹

sandragr@ucm.es

1. Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Facultad de C.C. Biológicas, Universidad Complutense, Madrid)

Resumen

El presente trabajo consistió en un estudio sobre la posible existencia de preferencias tróficas en escarabajos coprófagos (Coleoptera, Scarabaeoidea) y necrófagos (Coleoptera, Silphidae) de la Sierra de Guadarrama, durante un periodo consecutivo de dos años (2018-2020). Para el estudio de los escarabajos coprófagos, se emplearon 6 excrementos procedentes de animales con diferentes tipos de alimentación y 3 tiempos de exposición en el campo, mientras que, para los escarabajos necrófagos se empleó molleja de pollo como cebo y un tiempo óptimo de 2 semanas. Los escarabajos suelen mostrar preferencias por un tipo de alimento, pero son capaces de adaptarse y alimentarse de otros recursos cuando el primero escasea en el medio natural.

Se colectaron un total de 121.867 ejemplares en las trampas cebadas con excrementos, de los cuales 121.833 pertenecen a la superfamilia Scarabaeoidea y 34 a la familia Silphidae, en cambio, en las necrotrampas se colectaron 363 individuos totales, 330 correspondientes a Silphidae y 33 a Scarabaeoidea. Con los datos obtenidos en el campo, se observó que los escarabajos coprófagos mostraban preferencias por las trampas cebadas con excrementos, sobre todo las de elefante y jabalí, mientras que, los escarabajos necrófagos mostraban mayor afinidad por las trampas cebadas con molleja de pollo. En el caso de las trampas cebadas con excrementos, se vio que la familia Silphidae mostraba preferencia por trampas cebadas con excrementos de animales omnívoros como el oso y tiempos de exposición óptimos por encima de las 72 horas.

Palabras clave: Scarabaeoidea, Silphidae, preferencias tróficas, diversidad, Sierra de Guadarrama, España

QUITRIDIDIOMICOSIS EN ANFIBIOS: INMUNIDAD, TRATAMIENTO Y MITIGACIÓN EN EL MEDIO NATURAL

Andrés Fernández Loras¹

andref08@ucm.es

1. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN – CSIC), Madrid.

Resumen

La quitridiomycosis se ha convertido en la enfermedad infecciosa emergente responsable de la mayor pérdida de biodiversidad en la historia de nuestro planeta desde que se tienen registros históricos. Dicha enfermedad, causada por el hongo quitridio *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd), es la principal culpable del declive de al menos 500 especies de anfibios, contribuyendo a la presumible extinción de 90 de esas especies, lo que ha convertido a los anfibios en la Clase de vertebrados más amenazada del planeta.

Esta enfermedad no afecta a todas las especies de anfibio por igual. Las especies europeas más susceptibles a la misma son los sapos parteros del género *Alytes*. Precisamente son estas especies con las que se ha trabajado a través de diferentes estudios en el presente proyecto de Tesis Doctoral.

Los citados estudios comprenden: 1) examinar la respuesta inmune que despliega una especie sensible a los efectos del hongo, como es el sapo partero común (*Alytes obstetricans*), para hacer frente a la infección; 2) analizar la eficacia de algunos de los tratamientos antifúngicos que se aplican en cautividad contra la enfermedad; 3) detallar la aplicación y los resultados obtenidos con dos estrategias de mitigación diferentes implementadas directamente en el medio natural. La primera, llevada a cabo en Teruel, basada en disminuir la densidad poblacional del hospedador y modificar su hábitat para luchar contra el hongo. La segunda, puesta en marcha en Mallorca con el sapo partero balear (*Alytes muletensis*), consistente en una combinación de tratamientos antifúngicos y el uso de desinfectantes sobre el terreno.

Palabras clave: Quitridiomycosis, *Alytes*, Inmunidad, Antifúngicos, Mitigación en Medio Natural.

MEASURING RECENT GENE FLOW AMONG LARGE POPULATIONS IN *PINUS SYLVESTRIS*: LOCAL POLLEN SHEDDING DOES NOT PRECLUDE SUBSTANTIAL LONG-DISTANCE POLLEN IMMIGRATION

Azucena Jiménez-Ramírez^{1,2}

azucenaj@ucm.es

1. Department of Forest Ecology & Genetics, INIA-CIFOR, Ctra. de la Coruña km 7.5, 28040 Madrid, Spain

2. Department of Genetics, Faculty of Biological Sciences, University Complutense of Madrid, Av. José Antonio Novais 12, 28040 Madrid, Spain

Summary

The estimation of recent gene flow rates among vast and often weakly genetically differentiated tree populations remains a great challenge, even if it would provide necessary empirical information about the poorly understood interaction between gene flow and local adaptation in present-day non-equilibrium forests. We investigate here recent gene flow rates among two big native Scots pine (*Pinus sylvestris*) populations in central Iberian Peninsula (Spain), which grow on contrasting edaphic conditions six kilometers apart from each other and show substantial quantitative trait divergence in common garden experiments. Using a sample of 1 200 adult and offspring cpSSR haplotypes and an original Bayesian approach, we estimated substantial and asymmetric male gametic gene flow rates (8 and 21%) among the two natural populations, and even greater estimated immigration rates (42-64%) from nearby plantations into the two natural populations. Our results suggest that local pollen shedding within large tree populations does not preclude long-distance pollen immigration from large external sources, and also draw attention to a potential scenario of adaptive genetic divergence under high gene flow. Overall, we believe that a combination of the following hypotheses might explain the apparent joint presence of high gene flow and strong adaptive genetic differentiation in our study system: divergent selection between habitats, decreasing migrant fitness with age, migration-selection disequilibrium, and environmental maternal effects increasing the reported early phenotypic differentiation measures in common gardens.

Keywords: pollen dispersal, wind pollination, migration rate, Bayesian inference, genetic assignment, chloroplast microsatellites, local adaptation.

LIGHT/DARK CYCLE, FEEDING SCHEDULE AND TEMPERATURE AS REGULATORS OF *NOCTURNIN* EXPRESSION IN GOLDFISH

Diego Madera Sanchez¹

dmadera@ucm.es

1. Department of Genetics, Physiology and Microbiology. Faculty of Biology, Complutense University of Madrid.

Summary

Nocturnin is a phosphatase that acts in the conversion of NADP(H) to NAD(H). In mammals, the rhythmic expression of this molecule and its relationship with adipogenesis has been described, suggesting a role as a possible link between the circadian system and the endocrine control of lipid metabolism.

This work aims to determine, by RT-qPCR, the influence of different environmental factors on the hepatic expression of all *noc* paralogs (*noc-a1*, *noc-a2* and *noc-b1*) in a tetraploid teleost model, goldfish (*Carassius auratus*).

Firstly, we analyzed the relevance of two *zeitgebers*, light/dark cycle and feeding schedule, in the daily rhythmicity of these molecules. The results obtained in these assays point to a differential regulation of all *noc* paralogs expression by both *zeitgebers*. Second, by means of acclimatization experimental designs in satiated feeding conditions, we studied the effect of thermal variations on the relative abundance of *noc* coding transcripts and on liver glycogen content by spectrophotometry. The results show that high temperatures induce *noc-a1* expression, while high levels of *noc-a2* and *noc-b1* isoforms are related with low temperatures.

Taking all together, we can conclude that the differences obtained could be the result of a neo-functionalization or a sub-functionalization of goldfish *noc* paralogs.

Acknowledgements: The present study was supported by the Spanish MICIU (AGL2016-74857-C3-2-R). D. Madera is predoctoral fellow UCM (CT42/18- CT43/18).

Keywords: *nocturnin*, rhythmicity, photoperiod, feeding schedule, temperature, goldfish.

FRACASO ANTROPOMÉTRICO EN POBLACIÓN ESCOLAR DE TECOLUCA, EL SALVADOR

Roberto Pedrero Tomé^{1,2}, María Sánchez Álvarez^{1,2}, Noemí López Ejeda^{1,3}, Belén Acosta Gallo², Cristina Herrero Jáuregui², María Dolores Marrodán Serrano^{1,2,4}

Robertpe@ucm.es

1. Grupo de Investigación EPINUT (ref. 920325). Universidad Complutense de Madrid, España.
2. Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución. Universidad Complutense de Madrid, España.
3. Acción Contra El Hambre (Madrid, España)
4. Instituto de Universitario de Ciencias Ambientales (IUCA). Universidad Complutense de Madrid, España.

Resumen

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) ha alertado del incremento del sobrepeso y la obesidad en países de bajos y medianos ingresos, como El Salvador, debido a la dificultad para acceder a una alimentación saludable, equilibrada y nutritiva. Gracias a los Proyectos de Cooperación al Desarrollo Sostenible UCM (ref. 17/19, 18/11) se estableció una línea de base informativa de la condición nutricional de la población escolar del bajo Lempa (Tecoluca, El Salvador). Se evaluó la condición nutricional de una muestra de 660 escolares (347 niñas; 314 niños) con edades comprendidas entre los 5 -16 años (Media: 9,46; DE: 2,99). Se calculó el índice de masa corporal (IMC) a partir del peso y estatura. A partir del IMC, con la intención de sintetizar en una única cifra la situación de malnutrición y teniendo en cuenta que en un mismo sujeto pueden coexistir simultáneamente diversos tipos de esta, se calculó el Índice de Fracaso Antropométrico Extendido (ICFAE). Se aplicaron pruebas de Chi-cuadrado para el contraste de proporciones. El ICFAE fue del 36,3% y se debió fundamentalmente al exceso de peso (24,5%) y desnutrición crónica (6,3%). Se detecta un incremento en el retardo en el crecimiento en función de la edad, ya que entre 5 - 8 años su incidencia es del 5,5% y a la edad de 13 - 16 años asciende hasta el 9,8% ($p<0,05$). El presente trabajo visibiliza la doble carga de malnutrición característica de los países en transición nutricional.

Palabras clave: ICFAE; Sobrecarga ponderal; Desnutrición crónica; El Salvador

COMIDA BASURA: ¿SOBREVIVIR PARA MORIR? CONSECUENCIAS DEL USO DE VERTEDEROS EN LA DESCENDENCIA EN AVES

Alejandro López-García¹

alejlo01@ucm.es

1. Facultad de CC. Biológicas, Universidad Complutense, Madrid

Resumen

En el último medio siglo los vertederos se han convertido en una importante fuente de alimentación suplementaria para una gran cantidad de especies. En el caso de la Cigüeña blanca (*Ciconia ciconia*), cuya población disminuyó drásticamente a partir de los años 50, el uso de vertederos a partir de los 80 está estrechamente relacionado con su recuperación en España. Los vertederos aportan fuentes de alimentación abundantes y predecibles, sin embargo, las aves que los utilizan también están expuestas a factores de riesgo como pueden ser la presencia de plásticos, metales, cuerdas y patógenos que afectan a la supervivencia de pollos y adultos.

Dentro de una misma población, no todos los individuos explotan los recursos disponibles de la misma manera y apenas se conoce los efectos a medio y largo plazo que esto tiene en la población. Por ello, en este estudio, estamos analizando el efecto del uso de vertedero en la supervivencia de la descendencia en una población del Noroeste de Madrid durante un periodo de 20 años.

Nuestros resultados preliminares muestran una disminución en la supervivencia de los juveniles cuyos parentales realizan un uso más intenso del vertedero. Por tanto, esta fuente de alimentación casi ilimitada tiene un coste para la descendencia a medio plazo que podría afectar a la estructura y dinámica poblacional de la especie.

Estudios futuros deberían analizar si existe una estrategia optima en la explotación de este recurso. Este estudio cuenta con la participación de Ana Sanz-Aguilar (IMEDEA) y José I. Aguirre.

Palabras clave: *Ciconia ciconia*, fuente de alimentación suplementaria, supervivencia, vertedero.

RESÚMENES:

COMUNICACIONES ORALES

Sesión II



DISTRIBUTION, RHYTHMICITY AND INFLUENCE OF PHOTOPERIOD AND FEEDING IN THE EXPRESSION OF IGFBP1 AND IGFBP2 PARALOGS IN GOLDFISH

Aitana Alonso-Gómez¹

aitaalon@ucm.es

1. Department of Genetics, Physiology and Microbiology. School of Biological Sciences, Complutense University, Madrid.

Summary

IGF-1 binding proteins (IGFBPs) regulate the bioavailability of the IGF-1 and its signaling in target tissues. The aim of this work is to study the possible daily rhythm of expression of IGFBP1 and IGFBP2 paralogs in the liver of goldfish (*Carassius auratus*), and the influence of both *zeitgebers*, photoperiod and feeding schedule, on such rhythmicity. Phylogenetic analysis demonstrated the existence of four paralogs for each family: IGFBP1a-a, IGFBP1a-b, IGFBP1b-b and IGFBP1b-a, IGFBP2a-a, IGFBP2a-b, IGFBP2b-b and IGFBP2b-a. All these paralogs are expressed in neural tissues, being *igfbp1a-b*, *igfbp1b-b*, *igfbp1b-a*, *igfbp2a-a* and *igfbp2a-b* the most abundant paralogs expressed in the liver. Only *igfbp1a-b* shows a daily rhythm of expression in the liver, mainly entrained by the last mealtime, with an acrophase peaking 4 hours after feeding. The study of the periprandial profile of expression of these paralogs in the liver shows a feeding-induced increase of *igfbp1a-b* and of *igfbp1b-b* in non-fed fish, at 3 hours post-ingestion. Finally, 7-days fasted fish show an increase in the hepatic expression of *igfbp1b-b* and *igfbp2b-b*, and a decrease in *igfbp1a-b*. All these results support a possible functional specialization of the IGFBPs paralogs, and also highlight the relevance of feeding schedule in the regulation of *igfbp1a-b* expression and therefore, modulating the metabolic functions of the IGF-1.

Keywords: Goldfish, IGF-1 binding proteins (IGFBPs), paralogs, rhythmicity, *zeitgebers*.

ARE THE MAIN PALLIAL AREAS CONSERVED IN THE EVOLUTION?

Sara Jiménez Alvarez¹

sajime01@ucm.es

1. Cellular Department, Faculty of Biology, University Complutense of Madrid.

Summary

The vertebrate pallium is the brain region with the greatest functional and organizational complexity during the evolution and understanding how this structure is formed during development and how it originates through evolution provides valuable information for deciphering and understanding the why and the how of current brains.

We have compared gene expression patterns of specific pallial markers in the anamniote anuran *Xenopus laevis* and the amniote reptilian *Pseudemys scripta* by immunohistochemical and in situ hybridization analysis. Specifically, we have identified an homological relationship between both models in the lateral and ventral pallium. The lateral pallium in turtle gives rise to the pallial thickening (PT), a visual processing center, rostrocaudally identified by high *Satb2* expression, similarly to that found in the anuran lateral pallium. In the case of the ventral pallium, in reptiles is found the dorsal ventricular ridge (DVR), an important olfactory processing region, that based in our results can be rostrocaudally subdivided based on the expression of *Tbr1*, *FeZ2*, *Lhx2*, *Lhx9* and *Satb2*, as in the ventral pallium of *Xenopus*, the largest anuran pallial subdivision.

These observed comparable pallial areas suggest that in the common ancestor of amniotes and anamniotes these pallial subdivisions would already be present and that the differences could be evolutionary divergences and adaptations. These results allow us to propose a new hypothesis on palliative organization and evolution.

Keywords: EvoDevo, cortex, anamniotes, amniotes, dorsal ventricular ridge.

CARACTERIZACIÓN DE CIANOBACTERIAS PROCEDENTES DE UN PANEL SOLAR

Sara Baldanta Callejo¹

sabaldan@ucm.es

1. Grupo de Ingeniería Metabólica, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid

Resumen

Las cianobacterias son microorganismos procariotas capaces de realizar la fotosíntesis, es decir, que pueden crecer utilizando la luz solar y el CO₂ como fuente de energía y de carbono. Desde el punto de vista industrial, el uso de estas bacterias supone una ventaja frente al uso de otros microorganismos, pues los sustratos para su crecimiento son abundantes y gratuitos. Por otro lado, las bacterias extremófilas suponen, cada vez más, un campo atractivo en biotecnología, ya que la resistencia a diferentes estreses permite utilizarlas en condiciones más cercanas a la realidad, generalmente más extremas que las de laboratorio.

Teniendo en cuenta este contexto, se escogió un panel solar como nicho para la búsqueda de cianobacterias extremófilas. Este nicho está poco estudiado y presenta una capacidad mínima de retención de agua, cambios continuos de temperatura y exposición a una alta irradiancia. En este trabajo presentamos el aislamiento y caracterización de cianobacterias procedentes de un panel solar de una ciudad mediterránea. Este ambiente artificial mostró una biocenosis más similar a la que se encuentra en desiertos que a la de cualquier ecosistema microbiano humano o urbano. Con el fin de estudiar posibles aplicaciones industriales, se seleccionaron varias cepas para ser objeto de una mayor caracterización: se realizó la identificación taxonómica; se estudió la resistencia a desecación y exposición a rayos UV-C, y se evaluó el crecimiento utilizando distintos pH, concentración de NaCl y diversas fuentes de carbono y nitrógeno. Finalmente, también se ensayó la capacidad de las diversas cepas a ser transformadas genéticamente.

Palabras clave: biotecnología, panel solar, cianobacteria, desecación, UV-C, *Chroococcidiopsis*

AMBRA1 REGULA LA TRANSICIÓN EPITELIO-MESÉNQUIMA A TRAVÉS DE LA RUTA TGF- β EN CARCINOMA ESCAMOSO DE PIEL

Estibaliz Gabicagogeascoa¹

estigabika@gmail.com

1. Instituto de Investigación Sanitaria San Carlos (IdISSC), Madrid, España

Resumen

Activating molecule in Beclin-1 regulated autophagy (AMBRA1) es una proteína participa en el control de distintos procesos biológicos en la célula debido a su capacidad para interaccionar con diversas proteínas. En un contexto tumoral, se ha descrito que la pérdida de AMBRA1 incrementa la frecuencia de aparición de tumores en ratones inmunodeficientes, sugiriendo que este gen podría actuar como supresor tumoral. Por otro lado, datos previos de nuestro grupo de investigación muestran que la pérdida de expresión de AMBRA1 se correlaciona con el desarrollo de carcinoma escamoso de piel (SCC del inglés squamous cell carcinoma). De esta manera, el objetivo principal de este trabajo es analizar el papel desempeñado por AMBRA1 en la progresión de este tipo de tumores.

Nuestros resultados revelan que la inhibición genética de AMBRA1 en líneas celulares de SCC promueve la pérdida del fenotipo epitelial y la adquisición de un fenotipo mesenquimal. De esta manera, en ausencia de AMBRA1, las células presentan una mayor capacidad agresiva y migratoria, características que favorecen el proceso de metástasis. Además, nuestros datos sugieren que la transición epitelio-mesénquima (EMT) dependiente de la pérdida de AMBRA1 se encuentra regulada por la vía canónica de TGF- β en SCC.

En resumen, podemos concluir que AMBRA1 posee un papel relevante en el desarrollo y la progresión del carcinoma escamoso de piel mediante la regulación de la transición epitelio-mesénquima de una forma dependiente de la activación de la ruta de TGF- β . Por lo tanto, AMBRA1 podría ser un biomarcador de progresión maligna en SCC.

Palabras clave: AMBRA1, SCC, EMT, TGFB, biomarcador

HIGH GENETIC DIFFERENTIATION IN THE ENDEMIC AND ENDANGERED FRESHWATER FISH *ACHONDROSTOMA* *SALMANTINUM* DOADRIO AND ELVIRA, 2007 FROM SPAIN, AS REVEALED BY MITOCHONDRIAL AND SNP MARKERS

Andrea Corral-Lou¹, Silvia Perea¹ and Ignacio Doadrio¹

andrecor@ucm.es

1. Biodiversity and Evolutionary Biology Department, Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid, Spain

Summary

Achondrostoma salmantinum is a small, endangered freshwater fish endemic to Spain. The species is a member of the widely distributed Leuciscidae family, but its geographic range is restricted to a few rivers in the southwestern Duero Basin. Its populations are considered to be in regression, having been extirpated from some rivers within its historical distribution. Although a captive breeding program has already been implemented for the species, there have not been any population genetic studies on *A. salmantinum*, despite information on genetic variability and variation generally being considered fundamentals tools for management and conservation efforts. Therefore, we assessed the genetic diversity of *A. salmantinum* and defined its Operational Conservation Units (OCUs). We sampled throughout the entire known distribution area of *A. salmantinum* and analysed both nuclear and mitochondrial genes and a battery of 4,123 single nucleotide polymorphisms (SNPs). Contrary to expectations due to its small distribution area, *A. salmantinum* showed strong genetic erosion in addition to a strong population structure that is not associated with the current hydrogeographic configuration of the region but rather with historical geomorphological processes. Likewise, we established four OCUs for the species: (I) Águeda Sub-basin, (II) Camaces River (Huebra Sub-basin), (III) Uces Sub-basin and the right margin of the Huebra Sub-basin and (IV) the left margin of the Huebra Sub-basin. Overall, our findings provide insight into the genetic structure of *A. salmantinum* populations, which has revealed both intrinsic and extrinsic factors that threaten the viability of the species.

Keywords: Conservation, *Achondrostoma*, Iberian Peninsula, Conservation Units, Genetic structure.

DIETA A LA CARTA

Lucía Jiménez Gallardo¹

luciagji@ucm.es

1. Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid.

Resumen

La dieta de las aves puede cambiar en función de los requerimientos nutricionales del individuo. Enfermedades causadas por ciertos parásitos y actividades como la migración pueden suponer al ave grandes costes energéticos y estrés oxidativo que deben ser compensados a través de cambios en las preferencias de alimento. Durante la migración, la acumulación de grasa puede ser tan importante como el aporte de alimentos ricos en antioxidantes en aquellos individuos que enfrentan infecciones.

Con este estudio, podremos comprobar si las curruca capirotadas (*Sylvia atricapilla*) son capaces de elegir su alimentación en función de su condición física y estado de infección durante la migración otoñal. Para ello, se capturaron machos jóvenes y se les ofrecieron dos tipos de alimentos, uno rico en vitamina E y grasas (aceite de oliva, mejor para reponer los posibles costes de la migración) y otro rico en flavonoides y antocianinas (zumos de arándanos, con sustancias útiles contra la infección por malaria). En esta presentación, nos centraremos en la primera parte del estudio, en la que tratamos de determinar si los individuos son capaces de discriminar entre ambos tipos de alimento, y si su elección depende de su estado. Esperamos que los individuos con peor condición corporal ingieran más alimento y que haya una elección diferencial de los alimentos, posiblemente debido a su estado de infección, que se estudiará más adelante.

Financiado por el Ministerio de Educación, Cultura y Deporte para la Formación de Profesorado Universitario (FPU17/04716) y por la Agencia Estatal de Investigación (CGL2017-082117-P).

Palabras clave: curruca capirotada, elección de la alimentación, fitness, antioxidantes.

THE ROLE OF MATERNAL AGE AND INVESTMENT IN SHAPING OFFSPRING PERFORMANCE IN AN AERIAL CONIFER SEED BANK

Marta Callejas-Díaz¹

martacallejasdiaz@gmail.com

1. Department of Forest Ecology and Genetics, Forest Research Centre, National Institute for Agricultural and Food Research and Technology, Madrid, Spain.

Summary

Maternal effects, one source of non-genetic variation, have been demonstrated to affect offspring performance in many organisms, particularly at early life stages. In plants, seeds can be an important mediator of these effects. Some woody plant species maintain long-lasting canopy seed banks as an adaptation to wildfires. These seeds, stored in serotinous cones, are produced by the mother plant under varying ontogenetic and physiological conditions. Here we determine if maternal age and growth and environmental variation among years affect the performance (i.e. germination) of an aerial seed bank and the role of seed mass in mediating these effects. To this end, we sampled the canopy seed bank of a highly serotinous *Pinus pinaster* population. We determined the year of seed formation, as well as both the abiotic environmental conditions and the age and the growth of the mother tree in that year. We subsequently measured germination and early survival in a semi-natural common garden. We found that variation in seed mass was related to maternal age and growth at the time of seed production, i.e. older mothers had smaller seeds while big mothers had bigger seeds. We also determined that mother age affected germination timing and finally, seed mass and germination timing were the main effects controlling survival. Thereby we highlight the importance of seed mass as a mediator of maternal effects in shaping seedling establishment.

Keywords: Canopy seed bank, maternal effects, seed mass, germination, survival.



RESÚMENES:
COMUNICACIONES ORALES
Sesión III

EL AMBIENTE PUEDE TENER BASE GENÉTICA: CÓMO ESTO CAMBIA LA INTERPRETACIÓN DE LAS ESTIMACIONES DEL COMPONENTE GENÉTICO DEL FENOTIPO Y CÓMO LIDIAR CON ELLO

Gabriel Munar Delgado¹, Yimen Araya-Ajoy², Wilhelmus Maria Cornelis Edelaar³

gmunar@ucm.es

1. Universidad Complutense de Madrid

2. Center for Biodiversity Dynamics, Norwegian University of Science and Technology (Trondheim, Noruega)

3. Universidad Pablo de Olavide (Sevilla)

Resumen

Estimar la importancia relativa del genotipo y el ambiente en la expresión de un carácter fenotípico es clave para comprender y predecir su evolución. Una herramienta ampliamente utilizada para ello son los animal models (modelo lineal mixto). Con ellos, el ambiente se modela como una variable externa e independiente al organismo que puede afectar al fenotipo vía plasticidad fenotípica.

El objetivo de este estudio es comprobar qué ocurre cuando el ambiente no es independiente del organismo y existe una correlación genética entre el fenotipo y el ambiente. Esto puede ocurrir, por ejemplo, cuando hay variación genética en la preferencia por la elección de hábitat cuando un carácter fenotípico con base genética afecta a la selección del ambiente.

Para ello se simulaban distintos escenarios dónde: el carácter fenotípico y la variable ambiental tenían o no base genética, existía plasticidad fenotípica (efecto del ambiente sobre el carácter) o no y existía plasticidad ambiental (efecto del carácter sobre el ambiente o no) y se aplicaron distintos modelos.

Así, se comprobó que el ambiente puede ser tratado como variable dependiente, como un fenotipo extendido, para estudiar su base genética. Por otro lado, se demostró que la varianza genética del carácter fenotípico puede incrementarse si el ambiente tiene base genética vía plasticidad fenotípica por efecto pleiotrópico.

Finalmente se constató que cuando el modelo no se ajusta a la realidad biológica (asumiendo sistemáticamente que no hay base genética para el ambiente ni plasticidad ambiental) las estimaciones son numéricamente y conceptualmente erróneas. Lo cual podría haber afectado a numerosos estudios previos.

Palabras clave: animal models, varianza genética aditiva, plasticidad fenotípica, elección del ambiente, ajuste del ambiente, fenotipo extendido

¿MODULAN LAS AVES LA PRODUCCIÓN Y ESTRUCTURA DE SU PLUMAJE EN FUNCIÓN DE SU COMPORTAMIENTO MIGRATORIO? EL CASO DE LAS POBLACIONES DE CURRUCA CAPIROTADA (*Sylvia atricapilla*) EN EL LÍMITE DEL PALEÁRTICO

Irene Hernández Téllez¹

ihntellez@ucm.es

1. Facultad de Biología. Universidad Complutense, Madrid.

Resumen

La curruca capirotada (*Sylvia atricapilla*) produce sus plumas en ambientes muy contrastantes dentro de la región mediterránea, en el límite de su distribución. En este trabajo estudiamos la morfología y la estructura de las plumas de cuatro poblaciones distribuidas a lo largo de un gradiente de elevación en la Península Ibérica y el Magreb, donde debido a la baja o alta estacionalidad, las poblaciones tienden a ser sedentarias o migratorias. En este sentido, se pretende entender cuál es el balance entre la migratoriedad y diferentes características del plumaje. Algunos de estos aspectos han sido estudiados desde la perspectiva de las grandes migraciones latitudinales pero muy poco se sabe de este fenómeno en contextos altitudinales. La pregunta relevante en este punto es la siguiente ¿estas poblaciones que realizan migraciones altitudinales estarán sometidas a las mismas restricciones que las grandes migradoras en el contexto de la muda? Y a su vez ¿Se ajustará la velocidad de muda a una componente geográfica en el contexto mediterráneo o más bien se trata de un rasgo adaptativo asociado a la migración? Al identificar este tipo de procesos podremos entender mejor el esfuerzo que supone el apremio migratorio y el reto de la muda en las aves que han conseguido colonizar las montañas perimediterráneas. Este trabajo se está desarrollando en el marco del proyecto titulado “Vida en la frontera: diferenciación poblacional de aves forestales al Sur del Paleártico” (Referencia CGL2017-85637-P).

Palabras clave: migración altitudinal, estructura de plumas, diferenciación poblacional, ptilocronología.

VEHICULIZACIÓN INTERFACIAL DE PÉPTIDOS TERAPÉUTICOS A TRAVÉS DEL SURFACTANTE PULMONAR

Cristina García-Mouton¹

crigar12@ucm.es

1. Department of Biochemistry, Faculty of Biology, and Research Institute Hospital “12 de Octubre” (imas12), Complutense University, 28040, Madrid, Spain.

Resumen

El surfactante pulmonar (PS) es una mezcla compleja de lípidos y proteínas sintetizado, empaquetado y secretado por los neumocitos tipo II. Su peculiar composición y estructura le permite adsorberse y difundir rápidamente a lo largo de la interfase aire-líquido, característica necesaria para reducir la tensión superficial en la interfase respiratoria y permitir la respiración. Estas propiedades confieren al surfactante una capacidad única para incorporar distintos tipos de moléculas entre sus membranas y transportarlas a lo largo de la superficie respiratoria, convirtiéndolo en un potencial vehículo de fármacos.

En los últimos años ha crecido el interés por el uso de péptidos para distintos fines terapéuticos debido a su versatilidad y facilidad de síntesis. En este trabajo, se ha empleado un pequeño péptido con propiedades membrano-activas como prueba de concepto para estudiar su interacción con los complejos del surfactante pulmonar y su posible vehiculización, mediante modelos biofísicos que simulan la superficie respiratoria *in vitro*. A través de una cola hidrofóbica, el péptido se adsorbe a la interfase aire-líquido y se inserta en monocapas lipídicas. La interacción del péptido con las membranas lipídicas ha permitido su incorporación en distintas preparaciones de PS y se ha comprobado la importancia de su composición lipídica para la combinación con el péptido y posterior vehiculización a través de la interfase aire-líquido.

Este trabajo ha sido financiado por un proyecto del Ministerio de Economía y una beca FPU del Ministerio de Educación.

Palabras clave: surfactante pulmonar, vehiculización, interfase aire-líquido, interacción lípido-proteína, terapia pulmonar.

EFFECTO DE LA FRAGMENTACIÓN INDUCIDA POR LA PROTEÍNA SP-C EN LA DEFENSA Y HOMEOSTASIS DEL PULMÓN

Mishelle Morán-Lalangui¹

jumoran@ucm.es

1. Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid

Resumen

El surfactante pulmonar (PS) es un complejo lipoproteico que constituye una película tensioactiva en la interfase aire-líquido fundamental para la dinámica respiratoria. Además, el PS es la primera barrera física entre el aire inspirado y la circulación sistémica y se encuentra además relacionado con los macrófagos alveolares (AMs), participando también en la defensa de la enorme superficie respiratoria expuesta al ambiente.

La proteína del surfactante pulmonar C (SP-C), muy pequeña e hidrofóbica, es crucial para la función biofísica del PS. También, se ha asociado con la defensa pulmonar ya que interactúa con el lipopolisacárido (LPS) bacteriano y CD14, correceptor del LPS. La posible formación de dímeros de SP-C a través de los motivos de secuencia ALLMG y PCCP presentes en el extremo C-terminal y N-terminal, respectivamente, podrían provocar la fragmentación de membranas del PS dando lugar a pequeñas vesículas. Dichas vesículas podrían ser captadas por las células fagocíticas alveolares participando así en el reciclaje del PS.

Los resultados obtenidos mediante fluorescencia por complementación bimolecular (BiFC) sugieren que SP-C podría formar dímeros. Además, la metodología de detección de pulsos de resistividad modificables (TRPS) indican que concentraciones a partir del 7,5% de SP-C en masa respecto a los lípidos inducirían la fragmentación de membranas en vesículas cuya composición lipídica emulaba a las membranas del PS. La captación de vesículas derivada de dicha fragmentación observada mediante microscopía de fluorescencia y citometría de flujo sugiere que SP-C promueve una endocitosis diferencial de vesículas en líneas celulares derivadas de neumocitos tipo II y AMs.

Palabras clave: Surfactante pulmonar, SP-C, oligomerización, captación, homeostasis alveolar.

ENTRAINING OF THE FISH STRESS AXIS VIA LIGHT/DARK AND FASTING/FEEDING CYCLES

Nuria Saiz Aparicio¹

nursaiz@ucm.es

1. School of Biology, Complutense University, Madrid

Summary

The circadian system integrates cyclic external cues (such as light or food availability) to generate anticipatory physiological adjustments. It is composed by a network of cellular endogenous oscillators that function by transcriptional-translational feedback loops of clock genes. In this work, we investigate whether light/dark and fasting/feeding cycles are able to synchronize the stress endocrine axis (hypothalamus-pituitary-interrenal; HPI) of goldfish (*Carassius auratus*). Fish were divided into three experimental groups: 12L:12D photoperiod (lights on at 8:00), with feeding at 10:00; 12L:12D photoperiod with feeding at random times, and constant darkness with feeding at 10:00. Conditions were maintained for 30 days, during which locomotor activity was recorded. Finally, the three tissues of the axis were sampled in fish sacrificed every 4 hours during a 24-hour cycle, in order to quantify the changes in relative expression of clock genes (*per1a*, *per1b*, *clock1a*, *bmal1a*). The fish displayed diurnality (being more active during the light period), and food anticipatory activity (FAA) was observed in the groups fed at 10:00. Clock gene rhythms were synchronic in the three tissues under 12L:12D and fixed feeding, but they disappeared under constant darkness. Furthermore, *clock1a* and *bmal1a* rhythms disappear in the interrenal gland of randomly-fed fish. Putting all this together, the light/dark cycle is crucial for maintaining temporal homeostasis in the HPI cycle, and rhythmic FAA is not a direct output of studied oscillators, since it is still present while they are impaired (constant darkness). Because the HPI axis drives cyclic cortisol secretion, environmental cues can be essential for endocrine function and wellbeing.

Keywords: chronobiology, HPI axis, stress, food intake, photoperiod, clock genes, acclimation.

VOLANDO VOY, VOLANDO INFECTO: ESTUDIO DE NUEVOS VIRUS A TRAVÉS DE SUS VECTORES

David A. Oropesa-Olmedo¹, Daniel A. Truchado¹, Ana Domenech², Esperanza Gomez-Lucia², Laura Benítez¹.

doropesa@ucm.es

1. Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid

2. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense, Madrid

Resumen

La investigación que se presenta en esta jornada está enmarcada en un proyecto a nivel internacional denominado “Global Virome Project”, siendo su línea de investigación general: la virología prospectiva. La importancia de este tipo de trabajos radica en la ampliación de nuestro conocimiento en el campo de la diversidad vírica y sus relaciones con los hospedadores, lo que nos ayuda a comprender la biología de los virus y facilita herramientas para anticiparnos a diferentes enfermedades zoonóticas emergentes. Nuestro proyecto, que se encuentra aún en su fase inicial, se centra en el estudio de muestras procedentes de aves y dípteros hematófagos de regiones neotropicales remotas, mediante técnicas de amplificación aleatoria y secuenciación de última generación (NGS, *Next Generation Sequencing*).

Palabras clave: virología, enfermedades zoonóticas, dípteros hematófagos, regiones neotropicales.

CARACTERIZACIÓN DE COMUNIDADES METANOTROFAS EN CUEVAS

Tamara Martín-Pozas¹.

tmpozas@mncn.csic.es

1. Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC)

Resumen

Los ecosistemas kársticos se extienden por un 25 % de la superficie terrestre y contienen importantes depósitos sedimentarios y grandes masas de aire. Estos ecosistemas subterráneos juegan un papel importante y muy activo en los balances globales de Gases de Efecto Invernadero (GEI) ya que actúan como rápidos sumideros de metano, contribuyendo a reducir la concentración de este gas en la atmósfera exterior. Los resultados de nuestras investigaciones más recientes indican que la microbiota presente en estos ambientes está desempeñando un papel importante en los procesos biogeoquímicos que controlan la composición de la atmósfera subterránea.

Con el objetivo de comprender los procesos de intercambio de gases entre la atmósfera exterior y los ambientes subterráneos, nuestro grupo de investigación lleva a cabo estudios basados en la monitorización ambiental multiparamétrica de varias cavidades, con mediciones de concentración y flujos de intercambio de GEIs y análisis isotópico del $\delta^{13}\text{C}$ de diferentes gases y la caracterización de las poblaciones microbianas presentes en esas cavidades.

En algunas cuevas la concentración de metano se mantiene prácticamente a cero durante gran parte del año, pero en otras estas variaciones son muy amplias. Mediante técnicas de secuenciación masiva, hemos analizado gran cantidad de muestras de diferentes cuevas y observamos importantes variaciones en las comunidades de bacterias metanotrofas. En algunas cuevas encontramos una baja proporción de microorganismos metanotrofos que parecen indicar la presencia de numerosas especies sin cultivar de las que todavía no se conoce bien su metabolismo.

Palabras clave: metano, cuevas, metanotrofas, Gases de Efecto Invernadero, biodiversidad, secuenciación masiva.

RESÚMENES:

Pósteres



ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD DE HISTÉRIDOS (COLEOPTERA, HISTERIDAE) PRESENTES EN EXCREMENTOS Y CARROÑA DE UNA LOCALIDAD DE LA SIERRA DE GUADARRAMA

Sandra Grzechnik¹, Francisco José Cabrero Sañudo²

sandragr@ucm.es

1. Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Facultad de C.C. Biológicas, Universidad Complutense, Madrid).

2. Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Facultad de C.C. Biológicas, Universidad Complutense, Madrid).

Resumen

En el presente trabajo se procedió a estudiar la diversidad de histéridos (Coleoptera, Histeridae) asociados a trampas de carroña y diferentes excrementos de mamíferos, teniendo en cuenta el tiempo de exposición en el campo. Los muestreos se llevaron a cabo en la Sierra de Guadarrama durante dos años consecutivos (2018-2020). Para las necrotrampas, se empleó molleja de pollo y un tiempo óptimo de dos semanas, mientras que para las trampas cebadas con excrementos se emplearon 6 excrementos procedentes de mamíferos con diferentes tipos de alimentación.

Se trata de un estudio copronecrófilo, ya que los insectos pueden encontrarse en dichos medios, pero no los emplean como recursos alimenticios, sino como lugares para depredar sobre otros grupos, como larvas de dípteros o de otras familias de coleópteros.

Se colectaron un total de 3.655 ejemplares de histéridos en las trampas cebadas con excremento y 5.332 en las necrotrampas. Con los datos obtenidos en el campo, se observó que los histéridos tienen una mayor preferencia por las necrotrampas que por las trampas con excremento, aunque es interesante resaltar que, de las 33 especies totales encontradas, 14 se encuentran indistintamente en excremento o carroña, 15 se encuentran únicamente en trampas cebadas con excrementos y solo 4 en necrotrampas. En el caso de las trampas cebadas con excremento, se ha visto una mayor preferencia por excrementos de mamíferos omnívoros y tiempos de exposición por encima de las 48h. Además, los histéridos muestran una fenología anual muy marcada, observándose actividad entre los meses de marzo y noviembre.

Palabras clave: Histeridae, preferencias tróficas, fenología, diversidad, Sierra de Guadarrama, España.

BIOMETRÍA DE ESPORANGIOS Y ESPORAS EN EL GÉNERO *PARABLECHNUM* (BLECHNACEAE, POLYPODIOPSIDA)

Sonia Molino de Miguel¹, Aleksandra Patrycja Wal², Carmen Prada Moral¹, Jose María Gabriel y Galán¹

sonimoli@ucm.es

1. Dpto. Biodiversidad, Ecología y Evolución, Unidad de Botánica, Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid)

Resumen

Parablechnum es el género más diverso de la familia de helechos Blechnaceae (ca. 65 spp.). Presenta distribución pantropical con dos centros de diversidad: América y la región Austro-Pacífica. Presenta muchos problemas taxonómicos debido a la amplia distribución mundial, pero muy local de algunos taxones, la variabilidad fenotípica de algunas especies y la falta de una filogenia global del género. Se necesitan, por tanto, estudios más detallados para resolver los conflictos de separación entre algunos grupos de especies.

Este es el caso del complejo americano de *Parablechnum cordatum*, integrado por cinco taxones de morfología general muy similar, lo que ha provocado que hayan sufrido muchos cambios en su clasificación durante las últimas décadas y que no esté claro hoy en día cuántas especies están implicadas en el complejo. Es necesario recurrir a caracteres más específicos para su resolución, como por ejemplo la biología molecular, la anatomía o los caracteres esporales. En este trabajo se ha llevado a cabo un análisis biométrico de los esporangios y las esporas de los cinco taxones, estructuras de gran importancia taxonómica en helechos. Se usaron los datos obtenidos para hacer análisis de la varianza de un factor y discriminante. Además, se observaron las esporas en microscopio electrónico de barrido para estudiarla ornamentación de estas.

De los caracteres estudiados el grosor del anillo, número de células del anillo, número de células del hipostomio y diámetro ecuatorial de la espora tienen significación taxonómica estadísticamente apoyada y, por lo tanto, son útiles para la separación de las especies.

Palabras clave: *Blechnum*, complejo de especies, helecho, morfología, taxonomía.

VALIDACIÓN DE PASOS DE FAUNA EN LA CONECTIVIDAD DE POBLACIONES FRAGMENTADAS DE CORZO (*Capreolus capreolus*)

Cristina Olmedo Salinas¹, Pablo Refoyo Román¹, María Barba Vázquez¹, Nushin Dabbagh Escalante¹, Daniel García Puentes¹, Benito Muñoz Araújo¹

cos@bio.ucm.es

1. Facultad de CC. Biológicas. Dpto de Biodiversidad, Ecología y Evolución. C/ José Antonio Novais nº12. Ciudad Universitaria. 28040 Madrid.

Resumen

Una de las mayores amenazas para la conservación de la biodiversidad es la constante destrucción y alteración del hábitat. La fragmentación del hábitat es el patrón más recurrente para su eliminación, siendo el ser humano el principal responsable, en gran medida, por las infraestructuras lineales de transporte. Todo esto, conlleva el aislamiento de las poblaciones y dificulta a las especies la colonización de nuevos territorios. Para minimizar este impacto, este tipo de infraestructuras presentan una serie de medidas correctoras como son, por ejemplo, los pasos de fauna. Sin embargo, son pocos los estudios que permiten validar dichas medidas y menos aún, aquéllos que determinan su mejor ubicación para un correcto funcionamiento. En este trabajo hemos utilizado herramientas GIS (sistemas de información geográfica) para implementar una metodología que nos permita determinar la conectividad entre las zonas con mayor abundancia del corzo (*Capreolus capreolus*) en las inmediaciones de un tramo de la A-I, con el fin de establecer la eficacia de los pasos de fauna presentes en esta infraestructura. Se trabaja con una población conocida y estable de corzo del norte-centro peninsular, una infraestructura antigua (Autovía A-I) y el posible aislamiento que produce en la especie.

Palabras clave: autovía; *Capreolus capreolus*; fragmentación; pasos de fauna.

CHANGES IN PECTIN METHYLESTERIFICATION AND AGPS INDICATE REMODELING OF CELL WALL DURING SOMATIC EMBRYOGENESIS OF *QUERCUS SUBER*

Yolanda Pérez-Perez¹, Elena Carneros¹, Eduardo Berenguer¹, María-Teresa Solís^{1,2}, Ivett Bárány¹, Beatriz Pintos², Aránzazu Gómez-Garay², María C. Risueño¹, Pilar S. Testillano¹

yolanda.perez@ucm.es

1. Pollen Biotechnology of Crop Plants Group, Biological Research Centre, CIB-CSIC, Ramiro de Maeztu, 9, 28040, Madrid, Spain

2. Department of Genetics, Microbiology and Physiology, Fac. Biology, UCM, Ciudad Universitaria, 28040, Madrid, Spain

Summary

Somatic embryogenesis is a reliable system for in vitro plant regeneration, with biotechnological applications in trees, but the regulating mechanisms are largely unknown. Changes in cell wall mechanics controlled by methylesterification of pectins, mediated by pectin methylesterases (PMEs) and pectin methyl esterase inhibitors (PMEIs) underlie many developmental processes. Arabinogalactan proteins (AGPs) are highly glycosylated proteins located at the surface of plasma membranes, in cell walls, and in extracellular secretions, with key roles in a range of different processes. In this study, we have investigated changes in two cell wall components, pectins and AGPs, during somatic embryogenesis in *Quercus suber*, a forest tree of high economic and ecologic value. Expression analysis of PME, PMEI and AGP genes; PME activity assays; immuno dot blot assays; immunofluorescence and confocal analysis were performed at specific developmental stages, by using monoclonal antibodies to AGPs, high- and low-methylesterified pectins; and analysis of total AGPs levels using the β -glucosyl Yariv reagent which binds AGPs. Functional analyses with pharmacological treatments using PME and AGP inhibitors were also carried out. Findings indicate a role for pectins and AGPs during somatic embryogenesis of cork oak, promoting the cell wall remodeling during the process. They also provide new insights into the regulating mechanisms of somatic embryogenesis in woody species, for which information is still scarce, opening up new possibilities to improve in vitro embryo production in tree breeding.

References: Pérez-Pérez et al. (2019) Front. Plant. Sci. 9: 1915

Funding: Supported by projects AGL2014-52028-R and AGL2017-82447-R funded by MINECO and ERDF/FEDER.

Keywords: *Quercus suber*, somatic embryogenesis, cell wall remodeling, pectin, methylesterification, AGPs

DO HAVE ALL THE ANIMALS A HIPPOCAMPUS?

Sara Jiménez¹, Daniel Lozano¹, Ruth Morona¹, Jesús María López¹ and Nerea Moreno¹

sajime01@ucm.es

1. Cellular Department, Faculty of Biology, University Complutense of Madrid.

Summary

The cerebral cortex in mammals is the region of the brain responsible of the called highly processing functions and it is composed by different regions, with different histogenetic developmental origins, that are functionally specialized. In addition, only in amniotes this region shows a layered organization, from the complex situation found in mammals, to reptiles, where three-layering cortices are found. Specially, the mammalian hippocampus has been related to spatial navigation, episodic memory and social behavior, and this functional implication has been confirmed in all the vertebrates analyzed, regardless of whether they have a layered cortex or not.

In this context, our aim in the present study is to analyze, by immunohistochemistry and in situ hybridization, in the amphibian anuran *Xenopus laevis*, the only anamniote tetrapod, and a basal reptile, the turtle of the genus *Pseudemys sp*, conserved markers of the main hippocampal subdivisions described in mammals, the dentate gyrus and the ammon horn. Firstly, none layered or nuclear organization is found in *Xenopus*, in contrast to a simple three layers observed in *Pseudemys*, but in both cases we were able to identify the boundary to the adjacent dorsal pallial region. The medial pallium of *Pseudemys* and *Xenopus* express specific dentate gyrus markers such as Prox1 or Ctip2, and Ammon horn markers are also present in the medial pallium, in contiguous locations.

The identification of these regions suggest that the main basic hippocampal subdivisions could be present in the ancestral amniote.

Keywords: cortex, pallium, anamniotes, amniotes, evolution.

Two-way influence between senescent Th cells from early arthritis patients and VIP/VPAC receptors. Analysis of senescent Th biomarkers

Raúl Villanueva-Romero¹ Marisa Flores-Santamaría¹ Mar Carrión¹ Selene Pérez-García¹ Amalia Lamana^{1,2} Eva Tomero² Gabriel Criado³ José Luis Pablos³ Isidoro González-Álvaro² Carmen Martínez¹ Yasmina Juarranz¹ Rosa P Gomariz¹ and Irene Gutiérrez-Cañas¹

ravillan@ucm.es

1. Departamento de Biología Celular. Facultad de Biología y Medicina. Universidad Complutense de Madrid, Instituto de Investigación Sanitaria hospital 12 de octubre (imas12), Madrid, Spain
2. Servicio de Reumatología, Instituto de Investigación Sanitaria Hospital La Princesa (IIS-IP), Madrid, Spain
3. Servicio de Reumatología, Instituto de Investigación Sanitaria Hospital 12 de Octubre (imas12), Madrid, Spain

Summary

CD4⁺CD28^{null}T cells are proinflammatory T cells characteristic of immunosenescence, but also of several autoimmune/inflammatory diseases. Vasoactive Intestinal peptide (VIP) is an anti-inflammatory and immunomodulatory mediator in these cells. Our objective was to study the mutual influence between senescent Th cells and VIP in early arthritis (EA), comparing with non-EA donors. Previously, we characterized the correlation between senescent Th cells and clinic parameters of EA as well as the behaviour of senescent Th biomarkers by real-time PCR. Clinical data were systematically recorded at baseline and after 6 months of follow-up. The number of CD4⁺CD28^{null}T cells increased in EA patients after six months of disease progression and a slight positive correlation between EA-CD4⁺CD28^{null}T cells and CRP or ESR. A negative correlation with bone mineral density were found. Th senescent biomarkers in EA CD4⁺CD28^{null} T cells were similar to donors, however some of them increased after 6 months of follow-up. VPAC receptors were analyzed by real-time PCR and immunofluorescence. CD4⁺CD28^{null} cells shown an opposite mRNA expression between VPAC₁ and VPAC₂ in EA. Sorted CD4⁺CD28^{null}T cells were *in vitro* expanded in presence of VIP, wherein VIP modulated several senescent biomarkers. Our study demonstrates for the first time the existence of a link between senescent Th cells and the VIP axis.

Keywords: Senescent Th cells, CD4⁺CD28^{null}T cells, VPAC receptors, VIP, early arthritis, rheumatoid arthritis.

Experimental evidence that UV/yellow colouration functions as a signal of parental quality in the blue tit

Jorge García-Campa¹, Wendt Müller² & Judith Morales¹

jgarciacampa@gmail.com

1. Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC, Madrid.

2. University of Antwerp, Belgium.

Summary

In bi-parental species, reproduction is not only a crucial life-history stage where individuals must take fitness-relevant decisions, but these decisions also need to be adjusted to the behavioural strategies of a partner. Hence, communication is required, which could be facilitated by condition-dependent signals of parental quality. Yet, these traits have (co-)evolved in multiple contexts within the family, as during reproduction different family members may coincide and interact at the site of breeding. In this study we explore whether a condition-dependent trait acts a quality signal and regulates intra-family interactions in a bird species, the blue tit (*Cyanistes caeruleus*). As a family is a complex network where signals could be perceived by multiple receivers, we expected that experimentally blocking the reflectance of an adult's UV/yellow colouration of breast feathers may affect the behavioural strategies of all family members. We found an increase of parental investment in nests with an UV-blocked adult, as the partner compensated for the perceived lower rearing capacity. As the UV-blocked adult did not change its provisioning behaviour, as was to be expected, their partner must have responded to the (manipulated) signal but not to a behavioural change. However, offspring did not co-adjust their begging intensity to a signal of parental quality. Opposite to adults, we propose that offspring respond to the behaviour but not to the parental signal. Overall, our results show experimentally at the first time that UV/yellow colouration of blue tits acts as a quality signal revealing the rearing capacity to mates.

Keywords: Communication, signals, parental care, differential allocation, compensation, ultraviolet coloration.

¿TODOS LOS ESPACIOS VERDES URBANOS SON BENEFICIOSOS PARA LA BIODIVERSIDAD? EL CASO DE LA INFECCIÓN DE LOS POLLOS DE AUTILLO EUROPEO (*Otus scops*) POR *Gongylonema sp.* EN LA CIUDAD DE MADRID.

Irene Hernández-Téllez¹, Beatriz Martínez-Miranzo¹, Diego G. Tapetado¹, Fernando Esperón², Francisca Lopes³, Patricia Orejas³, Raúl Alonso³, Francisco José Cabrero¹, Jose I. Aguirre¹

ihntellez@ucm.es

1. Facultad de Biología. Universidad Complutense, Madrid.
2. Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA).
3. Centro de Recuperación de rapaces nocturnas Brinzal.

Resumen

La intensa urbanización actual provoca numerosos impactos negativos sobre las especies y origina una fuerte homogenización de la biodiversidad. En este contexto, se ha tomado como modelo de estudio el Autillo europeo (*Otus scops*) en la ciudad de Madrid, una pequeña rapaz nocturna y migradora transahariana que sufre un serio declive de sus poblaciones. En Madrid, este decrecimiento se ve acentuado por la aparición de *Gongylonema sp.*, un parásito nematodo que afecta exclusivamente a los individuos de pocas semanas de vida y que es transmitido por los padres a través de la dieta, dominada por Cucaracha negra (*Blatta orientalis*) en ausencia de otros invertebrados.

El objetivo principal de este estudio es evaluar los determinantes ambientales de la infección de los pollos por *Gongylonema sp.*, relacionando las aves infectadas y no infectadas con parámetros abióticos y bióticos, para conocer los factores que están afectando a las poblaciones de estas rapaces nocturnas. De esta manera, se podrán identificar picos de incidencia del parásito en la ciudad de Madrid con el fin de aplicarlo posteriormente a una gestión adecuada.

Palabras clave: urbanización, homogenización de la biodiversidad, Enfermedad Necrótica Orofaringea, *Blatta orientalis*, manejo de vectores, gestión de zonas verdes.

¿SE AUTOMEDICAN LAS AVES CUANDO ESTÁN ENFERMAS?

Lucía Jiménez Gallardo¹

luciagji@ucm.es

1. Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid.

Resumen

Numerosos estudios tratan sobre el efecto de la malaria en sus hospedadores, entre los que se encuentran las aves. Los parásitos de los géneros *Plasmodium*, *Haemoproteus* y *Leucocytozoon* generan un desequilibrio redox al romper los glóbulos rojos del hospedador durante su ciclo vital y provocar una respuesta inmune en el organismo. Así, la infección por parásitos de la malaria origina un estrés oxidativo al que deben hacer frente las aves mediante sus defensas antioxidantes o mediante el consumo de antioxidantes.

Se pretende comprobar si las curruacas capirotadas (*Sylvia atricapilla*) son capaces de gestionar adaptativamente el consumo de alimentos ricos en grasa o en antioxidantes en función de su estado de infección durante la migración otoñal, cuando las aves tienen requerimientos de energía elevados y pueden ver comprometida su supervivencia por el parasitismo. Para contestar esta pregunta, se capturaron aves jóvenes (sin experiencia migratoria anterior), a las que se les ofrecieron simultáneamente alimento enriquecido con lípidos o con antioxidantes. Una vez medida su elección, se determinará su estado de infección mediante técnicas de PCR. Si las aves son capaces de automedicarse, se espera que las aves infectadas prefieran el alimento enriquecido en antioxidantes, a diferencia de las sanas, que elegirán el más apropiado para mejorar su desempeño en la migración.

Financiado por el Ministerio de Educación, Cultura y Deporte para la Formación de Profesorado Universitario (FPU17/04716) y por la Agencia Estatal de Investigación (CGL2017-082117-P).

Palabras clave: Curruca capirotada, malaria, antioxidantes, dieta.

ANÁLISIS GENÓMICO ESTRUCTURAL DE POBLACIONES DE CEDRO DEL ATLAS (*Cedrus atlantica*)

Belén Méndez Cea¹, Isabel García García¹, David Martín Gálvez², Juan Carlos Linares Calderón³, Javier Gallego Rodríguez¹.

belenmen@ucm.es

1. Dpto. Genética, Fisiología y Microbiología, Unidad Docente de Genética, Facultad de CC. Biológicas, Universidad Complutense de Madrid.

2. Dpto. Sistemas Físicos, Químicos y Naturales, Universidad Pablo de Olavide, Sevilla.

3. Dpto. Biodiversidad, Ecología y Evolución, Unidad Docente de Zoología, Facultad de CC. Biológicas, Universidad Complutense de Madrid.

Resumen

El cedro del Atlas (*Cedrus atlantica*) es una conífera perteneciente a la familia de las pináceas que se encuentra situada de forma natural en la cordillera del Atlas y de la que existen varios núcleos en el sur de España fruto de repoblaciones. Hoy en día, esta especie está catalogada como en peligro por la lista roja de la IUCN, siendo el cambio climático una de sus grandes amenazas. Esto se debe al principal efecto del cambio climático que es el incremento de la temperatura lo que lleva a una disminución en las precipitaciones que da como resultado sequías cada vez más severas y duraderas que provocan decaimientos en sus poblaciones, lo que podría llegar a suponer la pérdida del cedro del Atlas.

Debido a que los estudios genéticos de esta especie no son abundantes, el abordaje de cualquier trabajo desde este punto de vista es complejo. Para el presente estudio se han utilizado 213 muestras pertenecientes a 6 poblaciones distintas que se han analizado mediante la técnica de secuenciación denominada GBS (*Genotyping by sequencing*), la cual permite la descripción de nuevos marcadores moleculares. Un total de 199 muestras y 2336 SNPs (*single nucleotide polymorphism*) pasaron el filtrado de los datos y fueron los que se utilizaron para realizar el análisis estructural de las poblaciones de partida. Los resultados obtenidos han permitido la determinación de la procedencia de los individuos que conforman los núcleos repoblados en nuestro país.

Palabras clave: cedro del Atlas, genética, GBS, bioinformática.

THE CONNECTION BETWEEN THE NUCLEOPORINS SAR1/3 AND MEIOSIS: A WAY TO DISCOVER CHROMOSOME DYNAMICS

Nadia Fernández Jiménez¹, Mónica Pradillo¹

Nadfer01@ucm.es

1. Department of Genetics, Physiology and Microbiology, School of Biology, Complutense University, Madrid.

Summary

The Nuclear Envelope (NE) entails a barrier between the cytoplasm and the nucleus. While clearly essential in maintenance of nuclear integrity, the NE is a highly dynamic organelle. The integrity of the NE relies on different complexes, among which are Nuclear Pore Complexes (NPCs). These complexes regulate the macromolecule transport, and physically interact with chromatin and the transcriptional machinery. It is well established that the NE undergoes a dramatic breakdown and reformation during plant cell division. In addition, this structure has a specific function in meiotic prophase I as it anchors and positions telomeres and contributes to facilitate the pairing between homologous chromosomes. We hypothesize that NPCs could be involved in telomere attachment to the NE. To highlight a potential function of the structural components of the NPCs in meiosis, we have isolated several Arabidopsis lines with mutations in genes coding for nucleoporins. Plants defective for either SUPPRESSOR OF AUXIN RESISTANCE1 (SAR1) or SAR3 show pleiotropic growth and developmental defects and exhibit reduced fertility. The cytological characterization of pollen mother cells (PMCs) has revealed condensation abnormalities in around 15% of prophase I meiocytes. Chromosome fragmentation is also present in some cells at second meiotic division. To further analyse this meiotic phenotype, we have obtained different double mutants to describe possible genetic interactions and functional relationships with known meiotic proteins. Additionally, we have detected an abnormal distribution of NE proteins in these mutants. These experiments could provide new insights into the role of plant nucleoporins in meiotic chromosome behavior and fertility.

Keywords: Meiosis, nucleus, nuclear pore complex, Arabidopsis, plants

THERAPEUTIC TARGETING OF HER2-CB₂R HETEROMERS IN HER2-POSITIVE BREAST CANCER

Blasco-Benito S.¹, Estefanía Moreno E.², Seijo-Vila M.¹, Tundidor I.¹, Andradás C.¹, Caffarel MM.³, Caro-Villalobos M.¹, Urigüen L.⁴, Díez-Alarcía R.⁴, Moreno-Bueno G.⁵, Hernández L.⁶, Manso L.⁶, Homar-Ruano P.², McCormick PJ.⁷, Bibic L.⁸, Bernadó-Morales C.⁸, Arribas J.⁸, Canals M.⁹, Casadó V.², Canela EI.², Guzmán M.¹, Pérez-Gómez E.¹, Sánchez C.¹.

marseijo@ucm.es

1. Department of Biochemistry and Molecular Biology, Complutense University, Madrid, Spain.
2. Department of Biochemistry and Molecular Biomedicine, University of Barcelona, Barcelona, Spain.
3. Basque Foundation for Science (IKERBASQUE), Bilbao, Spain.
4. Department of Pharmacology, University of the Basque Country, Leioa, Spain.
5. Department of Biochemistry, Universidad Autónoma de Madrid (UAM), Madrid, Spain.
6. Instituto de Investigación Hospital 12 de Octubre, Madrid, Spain.
7. School of Pharmacy, University of East Anglia, Norwich, United Kingdom.
8. Centro de Investigación Biomédica en Red de Cáncer (CIBERONC), Madrid, Spain.
9. Monash Institute of Pharmaceutical Sciences, Monash University, Australia.

Summary

Although human epidermal growth factor receptor 2 (HER2)-targeted therapies have dramatically improved the clinical outcome of HER2-positive breast cancer patients, innate and acquired resistance remains an important clinical challenge. New therapeutic approaches and diagnostic tools for identification, stratification, and treatment of patients at higher risk of resistance and recurrence are therefore warranted. Here, we unveil a mechanism controlling the oncogenic activity of HER2: heteromerization with the cannabinoid receptor CB₂R. We show that HER2 physically interacts with CB₂R in breast cancer cells, and that the expression of these heteromers correlates with poor patient prognosis. The cannabinoid Δ^9 -tetrahydrocannabinol (THC) disrupts HER2-CB₂R complexes by selectively binding to CB₂R, which leads to (i) the inactivation of HER2 through disruption of HER2-HER2 homodimers, and (ii) the subsequent degradation of HER2 by the proteasome. This in turn triggers antitumor responses *in vitro* and *in vivo*. Together, these findings define HER2-CB₂R heteromers as new potential targets for antitumor therapies and biomarkers with prognostic value in HER2-positive breast cancer.

Our funding entities are a FIS Project, a Project with AECC, and the company Zelda Therapeutics.

Keywords: Receptor heteromers, breast cancer, cannabinoids, HER2, CB₂R.

PULMONARY SURFACTANT AS A SHUTTLE FOR DRUG DELIVERY TO THE LUNGS

García-Mouton C¹, Cruz A¹, Pérez-Gil J¹.

crigar12@ucm.es

1. Department of Biochemistry, Faculty of Biology, and Research Institute Hospital “12 de Octubre” (imas12), Complutense University, 28040, Madrid, Spain.

Summary

Pulmonary surfactant (PS) is a lipid-protein complex, synthesized and secreted into the alveolar space by type II pneumocytes. It can spontaneously adsorb and spread very rapidly over the air-liquid interface. Moreover, it presents unique properties for delivering different type of molecules directly to the lungs. This feature is particularly important for administering poorly-water soluble drugs, which represent more than 90% of new drugs. Using lungs as target and PS as carrier for drug delivery present numerous advantages, such as a large contact surface, thin alveolar epithelium, high vascularization and the efficiency of PS to solubilize and transport therapeutic molecules along the respiratory surface.

However, PS is not as effective in delivering hydrophilic as it is for hydrophobic molecules due to the permeability and the highly dynamic character of its membranes. Thus, it is important to design new nanocarriers suitable for transporting different cargos while being transported by PS. Therefore, the interaction with PS and the vehiculization of each different cargo should be carefully evaluated. Our work is focused on the analysis of the biophysical properties of PS, its efficiency to act as a vehicle of the given molecule and how it is released and incorporated into the lung. To do so, different setups have been developed to emulate the respiratory interface *in vitro*. Our final purpose is to optimize versatile procedures to administrate PS/cargo combinations able to reach and distribute the molecule along the distal airways.

We acknowledge the Spanish Ministry of Economy and the Spanish Ministry of Education.

Keywords: pulmonary surfactant, respiratory drug delivery, air-liquid interface, *in vitro* respiratory surface.

EFFECTO DEL ESTADO DE OLIGOMERIZACIÓN DE LA PROTEÍNA SP-C DEL SURFACTANTE PULMONAR EN LA HOMEOSTASIS ALVEOLAR

Mishelle Morán-Lalangui¹, Alejandro Barriga¹, Ismael Mingarro³, Jesús Pérez-Gil¹, Begoña García-Álvarez^{1, 2}.

jumoran@ucm.es

1. Facultad de Biología, Universidad Complutense, Madrid

2. Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Complutense, Madrid

3. ERI BioTecMec, Universidad de Valencia, Valencia

Resumen

El surfactante pulmonar (PS) es un complejo lipoproteico localizado en la interfase aire-líquido sobre el epitelio alveolar, fundamental para la mecánica respiratoria e implicado en la defensa pulmonar. Entre sus componentes, la proteína del surfactante pulmonar C (SP-C) es esencial para la función biofísica del PS, aunque también se le ha atribuido una función de defensa del pulmón debido a su interacción con el lipopolisacárido (LPS) bacteriano y con CD14, correceptor del LPS. Se han propuesto los dominios ALLMG y PCCP presentes en el extremo C-terminal y N-terminal, respectivamente, de la proteína como posibles motivos de dimerización. Los dímeros de SP-C, debido a su estructura, inducirían una curvatura en las membranas lipídicas del PS que finalmente provocarían su fragmentación. Las vesículas resultantes serían captadas por neumocitos tipo II (AT2) y/o macrófagos alveolares (AMs) lo que indicaría la participación de SP-C en el mantenimiento de la homeostasis alveolar.

La fluorescencia obtenida mediante ensayos de fluorescencia por complementación bimolecular (BiFC) demuestra que las moléculas de SP-C podrían interaccionar entre sí para formar oligómeros estables. Mediante la metodología de detección de pulsos de resistividad modificables (TRPS) se observó que concentraciones de SP-C a partir del 7,5% (en peso con respecto a lípidos) inducen la fragmentación de membranas en vesículas cuya composición lipídica emulaba a las membranas del PS. Finalmente, los resultados obtenidos mediante citometría de flujo indican que SP-C promueve la captación de vesículas fluorescentes en AMs y AT2, aunque el perfil de endocitosis depende de cada tipo celular.

Palabras clave: Surfactante pulmonar, SP-C, oligomerización, captación, homeostasis alveolar.

¿VARÍA LA RELACIÓN ENTRE EL COMPORTAMIENTO EXPLORATORIO Y LA RESPUESTA AL ESTRÉS EN AVES DE DIFERENTE TAMAÑO?

Alejandro López-García¹, Paweł A. Kolodziejewski², José I. Aguirre de Miguel¹.

alejlo01@ucm.es

1. Facultad de CC. Biológicas, Universidad Complutense, Madrid

2. Departamento de Fisiología Animal, Bioquímica y Bioestructura, Universidad de Ciencias de la Vida de Poznań (Polonia).

Resumen

En las últimas décadas la personalidad en animales ha cobrado mucho interés en el campo del comportamiento animal. Las diferencias individuales a la hora de responder ante los estímulos ambientales afectan características tanto individuales como poblacionales y parecen estar sujetas a rasgos fisiológicos.

Ante una situación de estrés, como puede ser el manejo de fauna, se activa el eje hipotálamo-pituitaria-adrenocortical (HPA) que tiene como resultado la liberación de corticosterona. La intensidad de esta respuesta es lo que se conoce como respuesta de corticosterona y se ha asociado a la personalidad en aves. Sin embargo, apenas se han llevado a cabo estos experimentos en aves no paseriformes, debido a su complejidad.

Por primera vez se ha adaptado el diseño del experimento exploratorio llevado a cabo en paseriformes a aves de gran tamaño, como la Cigüeña blanca (*Ciconia ciconia*), y se ha observado que la relación entre la respuesta de corticosterona y el comportamiento exploratorio es positiva en esta especie, contrariamente a lo encontrado en paseriformes.

Esto podría implicar diferentes adaptaciones en un mismo grupo animal ante una situación de estrés ambiental. Conocer en profundidad la relación entre fisiología y comportamiento nos puede permitir dilucidar el efecto de la personalidad en el entorno natural más fácilmente y determinar sus consecuencias.

Palabras clave: Cigüeña blanca, comportamiento exploratorio, corticosterona, personalidad.

CAN INSULIN BE A LINK BETWEEN FEEDING AND LIVER CLOCK ENTRAINMENT IN FISH? AN *IN VITRO* APPROACH

Nuria Saiz Aparicio¹, Miguel Gómez Boronat, Nuria de Pedro Ormeño¹, Esther Isorna Alonso¹, María Jesús Delgado Saavedra¹.

nursaiz@ucm.es

1. School of Biology, Complutense University, Madrid

Summary

A network of oscillators synchronized by environmental cues shape the circadian system, among which the liver is a key circadian clock, essential for metabolic rhythms in vertebrates. Circadian oscillators function by transcriptional-translational loops of clock genes that fluctuate on a 24-hour basis. Scheduled feeding entrains the liver oscillator in fish, but the signaling underlying the crosstalk between feeding and hepatic clock gene expression is not yet fully established. Hence, this work aims to study the effect of insulin, a known postprandial endocrine signal, on clock gene expression in cultured goldfish liver. We conducted treatments with insulin in both the presence and absence of a translation inhibitor (cycloheximide). Moreover, a study including inhibitors of the intracellular PI3K and MEK pathways (LY249002 and PD98059) was performed. Insulin consistently induced *per1* and *per2*, and it shortly raised *rev-erba*. Cycloheximide did not counteract these effects, discarding any mechanism involving *de novo* protein translation. Our preliminary results suggest that PI3K/AKT and MEK intracellular signaling pathways might be underlying the insulin-mediated regulation of *per* genes. Overall, our results support that insulin has a role as a molecular input for the liver clock in goldfish, and thus could elicit early responses to feeding entrainment by modulating clock gene expression. In addition, our data emphasizes the key role of mealtime as a strong circadian synchronizer in fish, especially when studying peripheral oscillators.

Keywords: chronobiology, hepatic clock, insulin, circadian system, entraining, food intake

DESCIFRANDO LA HISTORIA EVOLUTIVA DE LA COLMILLEJA DEL ALAGÓN (*Cobitis vettonica* Doadrio y Perdices, 1997) A TRAVÉS DE SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACIÓN

Andrea Corral-Lou¹, Silvia Perea¹ y Ignacio Doadrio¹

andrecor@ucm.es

1. Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, José Gutiérrez Abascal, 2; 28006 Madrid, España

Resumen

Actualmente alrededor de 30 especies del género *Cobitis* L., 1758 se encuentran ampliamente distribuidas a lo largo de Europa, siendo la mayoría descubiertas recientemente gracias al uso de herramientas moleculares. Además de la gran diversidad de especies, se han detectado la presencia de varios complejos híbridos, con una mayor ocurrencia en Europa central. Dentro de la Península Ibérica se reconocen tres especies (*C. calderoni*, *C. paludica* y *C. vettonica*) y la presencia de híbridos ha sido detectada entre ellas, pero con un aporte de datos morfológicos o genéticos escasos, por lo que se desconoce su implicación en el cambio evolutivo. La especie *C. vettonica* es la que posee un área de distribución más reducida y una mayor amenaza y además no se han llevado a cabo estudios sobre su estructura poblacional, demografía y posible hibridación con su especie hermana *C. paludica*, lo que pondría aún más en riesgo su viabilidad. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue el estudio de la estructura poblacional, así como los posibles fenómenos de hibridación a lo largo de toda su área de distribución para establecer las diferentes unidades de conservación y priorizar en los esfuerzos de conservación. Para ello se analizaron un marcador mitocondrial un marcador nuclear y 4,000 polimorfismos de un único nucleótido. Los resultados preliminares muestran una mayor estructura de la esperada en las poblaciones de *C. vettonica* donde al menos podemos identificar tres grupos bien diferenciados además de una fuerte introgresión genética en la mayoría de sus poblaciones.

Palabras clave: Cobitis, Hibridación, Península Ibérica, Estructura genética

STRUCTURE AND FUNCTION OF A SOLUBLE PRECURSOR OF HUMAN PULMONARY SURFACTANT PROTEIN SP-B

Alejandro Alonso¹, Bárbara Olmeda¹, Olga Cañadas¹, Jesús Pérez-Gil¹.

alejaalo@ucm.es

1. Biochemistry and Molecular Biology Department, Complutense University of Madrid and Research Institute Hospital 12 de Octubre, Madrid, Spain.

Summary

Pulmonary surfactant protein B (SP-B) is an essential protein required to facilitate lung inflation and minimize the work of respiration. In alveolar cells, this lipid-associated protein is produced as a larger precursor in which the mature module is flanked by N-terminal and C-terminal propeptides. The three modules of proSP-B show high structural stability relying on the formation of intrachain disulfide bonds typical of the saposin-like family of proteins. It was previously described that the recombinant form of human proSP-B lacking the C-terminal propeptide (proSP-B_{ΔC}) is sufficient to completely restore lung function in SP-B knock-out mice. The structure and lipid interacting ability of this truncated precursor were also investigated upon the refolding of a denatured and insoluble version of the protein expressed in bacterial inclusion bodies.

In the present work, we have characterized two different proSP-B_{ΔC} proteins by the use of diverse structural and functional techniques, such as circular dichroism, intrinsic fluorescence emission, dynamic light scattering, and interfacial adsorption assays. Furthermore, our experiments include the evaluation of the effects of the presence of surfactant lipids and the pH acidification, two important features on SP-B maturation along the processing pathway in alveolar cells.

According to the results, we have succeeded in obtaining a soluble proSP-B_{ΔC} form showing proper structural and functional features, upon expression in a specific *E. coli* strain optimized for the expression of disulfide bond-containing proteins, revealing the importance of the correct generation of these interactions in the stability and performance of the protein.

Keywords: Pulmonary surfactant, SP-B precursor, protein structure, protein-lipid interaction, interfacial adsorption.

