

**LIBRO DE RESÚMENES DEL II CONGRESO DEL
INSTITUTO PLURIDISCIPLINAR**



CURIUM™
LIFE FORWARD

ip
Instituto *pluridisciplinar*

JUEVES 21 DE MAYO DE 2026

Comunicación oral – Sesión 1, 9:45 – 10:30

O.01.

AISLAMIENTO DE BACTERIÓFAGOS EN ENTORNOS AGROALIMENTARIOS COMO HERRAMIENTA DE BIOCONTROL BACTERIANO

**Natalia Hernando Ospina^{1,2}, Pablo Palencia Sanz², Rubén Jurado Escobar^{1,2},
Alberto Aragón Ramírez^{1,2}, Josué Jara Pérez^{1,2}, Leonides Fernández Álvarez^{1,2}
y Belén Orgaz Martín^{1,2}**

1. *Instituto Pluridisciplinar- Instituto de Investigación en Ciencias, Universidad Complutense de Madrid, Madrid.*
2. *Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid.*

Introducción

Los ambientes agroalimentarios y ganaderos, como aguas residuales, mataderos y explotaciones animales, constituyen reservorios complejos de bacterias y bacteriófagos. El estudio conjunto de ambos permite conocer mejor la ecología microbiana de estos entornos y explorar nuevas estrategias de biocontrol frente a bacterias de interés alimentario.

Objetivo

Aislar e identificar bacterias procedentes de diferentes muestras ambientales y detectar bacteriófagos activos frente a ellas, con el fin de seleccionar candidatos para el desarrollo futuro de cócteles de bacteriófagos aplicables al control bacteriano en entornos alimentarios.

Métodos

Se analizaron muestras de aguas de depuradora, aguas de entrada y salida de un matadero porcino, y muestras de una explotación ovina, incluyendo heces, agua de la ordeñadora y fosa séptica. A partir de estas muestras se realizó el aislamiento bacteriano y su identificación taxonómica, generando un cepario de aproximadamente 200 aislados. Paralelamente, las mismas matrices ambientales fueron sometidas a enriquecimiento para la búsqueda de bacteriófagos activos frente a grupos bacterianos definidos por género.

Resultados

En un análisis preliminar realizado sobre un subconjunto del cepario, se detectaron dos bacteriófagos activos frente a cepas específicas. Estos resultados evidencian la presencia de bacteriófagos funcionales en los entornos estudiados y validan la estrategia experimental empleada.

Conclusiones

La estrategia empleada permite aislar bacterias y bacteriófagos de ambientes agroalimentarios diversos. El cribado completo del cepario permitirá seleccionar bacteriófagos con distinto rango de hospedador y avanzar hacia el diseño racional de cócteles de bacteriófagos.

Comunicación oral – Sesión 1, 9:45 – 10:30

O.02.

MOLECULAR CORRELATES OF ALTERED CEREBRAL FDG UPTAKE DURING EPILEPTOGENESIS

Arantxa García-Martín^{1,2}, Elena Marcos-Macías^{1,2,4}, Rubén Fernández de la Rosa^{1,2,3}, Miguel Ángel Pozo^{1,2,4}, Luis García-García^{1,2,5}, Pablo Bascuñana^{1,2}, Mirjam Brackhan^{1,2}

¹*Cartografía Cerebral, Hospital Clínico San Carlos, IdISSC, Madrid, Spain*

²*Cartografía Cerebral, Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Spain*

³*BiolmaC, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain*

⁴*Departamento de Fisiología, Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid, Spain*

⁵*Departamento de Farmacología, Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid, Spain*

Introducción:

El modelo de pilocarpina en rata es uno de los modelos más utilizados para el estudio del desarrollo de la epilepsia, la epileptogénesis. En él se ha descrito un hipometabolismo en estructuras límbicas durante la epileptogénesis, el cual está inversamente correlacionado con la frecuencia de crisis en la fase crónica. Sin embargo, los mecanismos moleculares que subyacen a los cambios metabólicos siguen siendo desconocidos, lo que limita la identificación de biomarcadores y potenciales dianas farmacológicas.

Objetivo:

Evaluar las alteraciones en el metabolismo cerebral de glucosa mediante PET con [¹⁸F]-FDG durante la fase de latencia de la epileptogénesis, y correlacionarlas con cambios en la expresión génica cerebral.

Métodos:

El *status epilepticus* (SE) fue inducido en ratas mediante la administración de litio-pilocarpina. Una semana después del SE, se realizó un estudio de PET con [¹⁸F]-FDG, y se analizaron los valores de captación de FDG en diferentes áreas cerebrales. Después del PET, los animales fueron sacrificados

y se obtuvo tejido cerebral para realizar un análisis transcriptómico.

Resultados:

Las ratas tratadas con pilocarpina presentaron un hipometabolismo en hipocampo, amígdala, corteza insular, corteza entorrinal, tálamo, corteza prefrontal y estriado.

El análisis transcriptómico en hipocampo, un área clave en la epileptogénesis, identificó 2586 genes *upregulated* y 678 *downregulated*. El análisis de enriquecimiento de vías reveló que los genes *upregulated* se asocian principalmente a vías inflamatorias, mientras que los *downregulated* se relacionan con neurotransmisión, vesículas sinápticas y señalización por calcio.

Conclusiones:

El hipometabolismo cerebral durante la epileptogénesis se acompaña de cambios transcriptómicos en hipocampo relacionados con neuroinflamación y disfunción sináptica.

Comunicación oral – Sesión 1, 9:45 – 10:30

O.03.

NMR-BASED METABOLOMICS AND LIPIDOMICS FOR EOSINOPHILIC ESOPHAGITIS DIAGNOSIS: CLINICAL TRANSLATION USING BENCHTOP NMR.

de Benito-Rodríguez, Luis A.^{1,2}, Clemente, Umi¹, Alonso-Moreno, Pilar^{1,2}, Pérez-Collar, Álvaro¹, Civera-Tejuca, Concepción^{1,2}, Zani, Michele⁵, Cannet, Claire⁵, Lucendo, Alfredo J.^{3,7}, Laserna-Mendieta, Emilio J.^{3,7}, Izquierdo-García, José L.^{1,2,4,6}.

1. *NMR and Imaging in Biomedicine Group, Pluridisciplinary Institute, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
2. *Department of Chemistry in Pharmaceutical Sciences, Pharmacy School, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
3. *Department of Gastroenterology, Hospital General de Tomelloso, Ciudad Real, Spain.*
4. *ICTS Bioimagen Complutense, BIOIMAC, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
5. *Bruker Biospin GmbH, Ettlingen, Germany.*
6. *Centre for Biomedical Networked Research in Respiratory Diseases (CIBERES), Carlos III Health Institute*
7. *Biomedical Research Network Centre for Liver and Digestive Diseases (CIBEREHD), Madrid, Spain.*

Eosinophilic esophagitis (EoE) is a chronic inflammatory disease that currently requires invasive endoscopy and biopsy for diagnosis. Nuclear Magnetic Resonance (NMR)-based metabolomics represents a promising non-invasive alternative capable of identifying disease-associated metabolic signatures. However, the clinical implementation of metabolomics has been limited by the cost and infrastructure requirements of high-field NMR systems. The emergence of benchtop NMR spectrometers offers a potential route to translate metabolomics into routine clinical practice.

The aim of this study was to identify metabolomic and lipidomic biomarkers associated with EoE and to evaluate the feasibility of benchtop NMR for clinical diagnosis.

40 EoE patients and 28 healthy controls were recruited at Tomelloso General Hospital. Serum samples were analyzed using high-resolution NMR (Bruker AVIII 500 MHz) and two benchtop spectrometers (Magritek Spinsolve Ultra 80 MHz and Bruker Fourier80).

Partial Least Squares Discriminant Analysis (PLS-DA) enabled classification between active EoE patients (those who had an infiltration of at least 15 eosinophils per high power field) and controls with an accuracy of 97.8% using HR-NMR and above 70% with both benchtop spectrometers. AUC-ROC values were 0.94 for HR-NMR and 0.82 and 0.80 for Spinsolve and Fourier bNMR systems.

Lipidomic analysis using Fourier80 identified seven significant lipoprotein parameters with an

AUC-ROC of 0.679.

Additionally, metabolomic profiling discriminated active EoE patients from EoE patients with no or few eosinophilic infiltration, reaching up to 95% accuracy with the Fourier80.

These results highlight the potential of NMR-based metabolomics as a diagnostic approach for EoE and demonstrate the feasibility of translating this strategy to clinical environments using benchtop NMR.

Comunicación oral – Sesión 1, 9:45 – 10:30

O.04.

ACCIONES NATURALISTAS MODULAN LA PRIORIZACIÓN DE LA MEMORIA DE TRABAJO EN REALIDAD VIRTUAL INMERSIVA

Estela Caballero-Picazo^{1,3}, Francisco Rocabado², José Antonio Hinojosa^{1,3}, Claudia Poch^{2,4}

¹ *Departamento de Psicología Experimental, Procesos Cognitivos y Logopedia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain*

² *Centro de Investigación Nebrija en Cognición (CINC), Universidad Nebrija, Madrid, Spain*

³ *Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain.*

⁴ *Departamento de Educación, Universidad de Nebrija, Madrid, Spain.*

La cognición humana está orientada a la acción, lo que permite interactuar de forma flexible con entornos dinámicos. La memoria de trabajo (MT) vincula percepción y acción mediante el mantenimiento de las representaciones relevantes para la tarea. Aunque la evidencia indica que la planificación de la acción puede influir en la información mantenida en la MT, los paradigmas tradicionales de laboratorio suelen aplicar exigencias de respuesta simplificadas que solo capturan parcialmente el acoplamiento percepción–acción del mundo real. En este estudio, examinamos si la naturaleza y la complejidad de las acciones modulan la priorización de representaciones sensoriales en la MT y si existen diferencias según si ocurre durante la codificación o el mantenimiento. Mediante una tarea en realidad virtual, los participantes debían responder pulsando un simple botón o realizando un movimiento más naturalista, mientras una clave espacial indicaba el ítem con mayor probabilidad de ser evaluado (pre-señal o retro-señal). La precisión se analizó mediante modelos lineales generalizados mixtos, mostrando mayor precisión en condiciones de acción naturalista. Sin embargo, esta ventaja se limitó a los ítems válidamente señalados, sin observarse modulación en las representaciones no atendidas. Estos hallazgos sugieren que la acción asociada a una representación constituye un componente esencial de su priorización en la MT, por lo que no puede comprenderse plenamente al margen de su contexto de acción. Asimismo, el estudio destaca el potencial de la realidad virtual inmersiva como herramienta para investigar la MT y abordar propiedades funcionales difíciles de capturar en paradigmas tradicionales de laboratorio.

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.05.

HYDROGEN BOND DRIVEN ASSOCIATION BETWEEN POLYSACCHARIDES AND NON- IONIC SURFACTANT

Belén Arcos-Álvarez,¹ Francisco Ortega,^{1,2} Ramón G. Rubio,^{1,2}

Eduardo Guzmán^{1,2}

¹ Departamento de Química Física, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Complutense de Madrid. Plaza de las Ciencias s/n, 28040-Madrid (Spain)

² Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid. Paseo Juan XXIII 1, 28040-Madrid (Spain)

Polyelectrolyte–surfactant mixtures are widely used in applications ranging from personal care to drug delivery due to their complex phase behavior and tunable interfacial properties. While most studies focus on electrostatically driven systems, the role of non-ionic interactions in governing their behavior remains less explored.

This work investigates the association between polysaccharides and non-ionic surfactants belonging to the alkyl polyglucoside (APG) family, emphasizing the role of hydrogen bonding in controlling bulk phase behavior and interfacial adsorption. Polysaccharide–APG interactions lead to complex formation without direct electrostatic binding. Turbidity measurements and phase diagrams reveal that increasing APG concentration induces a transition from homogeneous solutions to coacervate formation. The addition of salt enhances this process by promoting hydrogen bonding, shifting phase separation to lower surfactant concentrations.

Microscopy and centrifugation confirm the formation of micron-sized coacervate droplets, while zeta potential measurements indicate a core–shell structure with a hydrophobic surfactant-rich core surrounded by a chitosan-rich hydrophilic shell. Interfacial behavior shows a strong coupling between bulk aggregation and adsorption onto surfaces. Coacervation markedly enhances deposition, reaching a maximum within the phase separation region, whereas further increases in surfactant concentration reduce adsorption due to charge screening effects. These findings provide new insights into hydrogen bond-driven coacervation and open pathways for designing sustainable formulations based on bio-based components.

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.06.

INTERPLAY BETWEEN LOCAL DIFFUSION, CONCENTRATION, AND INTER-PROTEIN ALIGNMENT PROMOTES CROSS- β -SHEET TRANSITIONS AT CONDENSATE INTERFACES

Alejandro Castro¹, **Juan Luengo-Marquez**¹, **Andres R. Tejedor**^{1,2}, **Rosana Colleparado-Guevara**^{2,3,4,5}, **Marcell Papp**⁶, **Paolo Arosio**⁶, **Alberto Ocaña**^{5,7,8}, **Ignacio Sanchez-Burgos**^{2,3*} and **Jorge R. Espinosa**^{1,3,5,8*}

Affiliation

[1] *Department of Physical-Chemistry, Universidad Complutense de Madrid, Av. Complutense s/n, 28040, Madrid, Spain.*

[2] *Yusuf Hamied Department of Chemistry, University of Cambridge, Lensfield Road, Cambridge CB2 1EW, United Kingdom*

[3] *Maxwell Centre, Cavendish Laboratory, Department of Physics, University of Cambridge, J J Thomson Avenue, Cambridge CB3 0HE, United Kingdom.*

[4] *Department of Genetics, University of Cambridge, Cambridge CB2 3EH, United Kingdom.*

[5] *PhAslca Biosciences S.L, Calle Velázquez, 27, 28001 Madrid, Spain*

[6] *Institute of Biochemistry, Department of Biology, ETH Zurich, Zurich, 8093, Switzerland*

[7] *Experimental Therapeutics in Cancer Unit, Instituto de Investigación Sanitaria San Carlos (IdISSC), and CIBERONC, Madrid, Spain*

[8] *Multidisciplinary Institute, Complutense University of Madrid, Paseo Juan XXIII, 1, Madrid 28040, Spain*

Biomolecular condensates govern cellular organization through dynamic, membraneless compartments whose material properties are dictated by intermolecular interactions¹. While liquid–liquid phase separation enables reversible condensate self-assembly, its dysregulation can trigger the formation of pathological solid-like states, often associated with neurodegenerative disorders². Here, we investigate the molecular mechanisms underlying condensate solidification, focusing on the role of inter-protein β -sheet transitions³. Using a minimal protein coarse-grained model, we reveal that the condensate interface acts as a hotspot for inter-protein β -sheet nucleation and growth^{3,4}. Residue- and segment-resolved analyses show that enhanced interfacial mobility⁵, particularly of terminal domains, coupled with locally high protein concentrations, creates optimal conditions for inter-protein β -sheet formation. Moreover, favourable inter-protein orientational alignment of terminal domains emerges at the interface. We find that asymmetric sequences -e.g., those with defined hydrophobic vs. more hydrophilic regions-further amplify this effect, resulting in local density fluctuations that concentrate aggregation-prone domains at the interface and collectively promote inter-protein β -sheet transitions. Such amphiphilic interfacial organization is driven by surface-tension minimization and stabilizes protein structural rearrangements, accentuating the spatial bias of inter-protein structural transitions³. Altogether, our results demonstrate that general protein polymer-physics

models, capturing only essential features such as flexibility and sequence patterning, inherently display condensate solidification at the interface. These findings identify the interface as a central regulator of condensate hardening, linking molecular-scale interactions to mesoscale phase behaviour and providing mechanistic insight into the spatiotemporal onset of protein dysregulation in membraneless organelles.

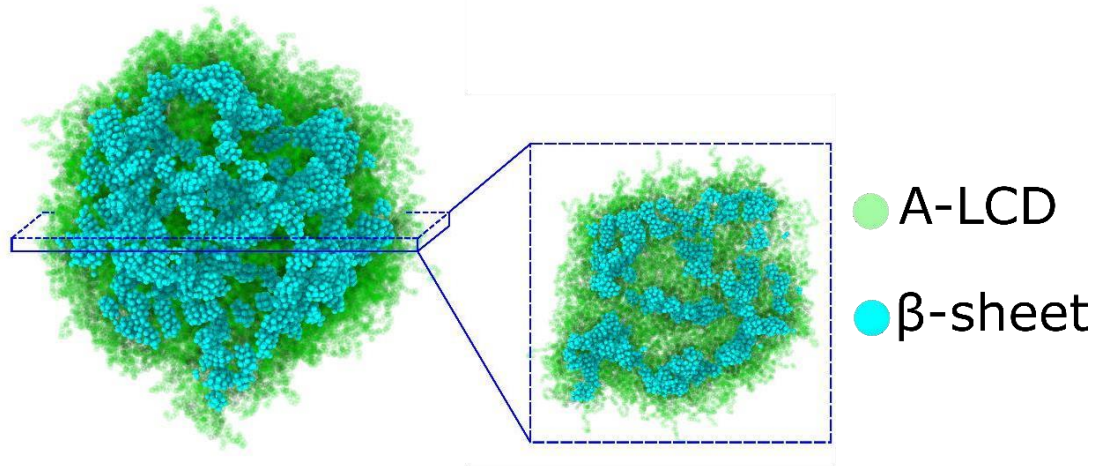


Figure 1. Schematic representation of a spherical condensate showing how the interface promotes β -sheet transitions at the interface.

- [1] Verwiel, M. A., Erkamp, N. A., & Hest, J. C. V. (2025). Converging frontiers in biomolecular condensate and synthetic cell research. *npj Biomedical Innovations*, 2(1), 14.
- [2] Banani, S. F., Lee, H. O., Hyman, A. A., & Rosen, M. K. (2017). Biomolecular condensates: organizers of cellular biochemistry. *Nature reviews Molecular cell biology*, 18(5), 285-298.
- [3] Castro, A., Luengo-Márquez, J., Tejedor, A. R., Collepardo-Guevara, R., Papp, M., Arosio, P., Sanchez-Burgos, I. & Espinosa, J. R. (2026). Interplay between Local Diffusion, Concentration, and Inter-Protein Alignment Promotes Cross- β -Sheet Transitions at Condensate Interfaces. *bioRxiv*, 2026-03.
- [4] Wang, J., Devarajan, D. S., Nikoubashman, A., & Mittal, J. (2023). Conformational properties of polymers at droplet interfaces as model systems for disordered proteins. *ACS Macro Letters*, 12(11), 1472-1478.
- [5] Starodubtseva, M. N. (2011). Mechanical properties of cells and ageing. *Ageing research reviews*, 10(1), 16-25.

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.07.

BIOMOLECULAR CONDENSATES THROUGH FLUORESCENCE SPECTROSCOPY

Miguel A. Sacristán,^[a,b,c,f] Elena Tapia,^[a] Jeff Coleman,^[d,e] M. Pilar Lillo,^[f] and Iván López-Montero^[a,b,c]

[a] Departamento de Química Física, Universidad Complutense de Madrid, Av. Complutense s/n 28040 Madrid, Spain

[b] Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Paseo Juan XXIII 1, 28040 Madrid, Spain

[c] Instituto de Investigación Hospital Doce de Octubre (imas12), Av. Córdoba s/n, 28041 Madrid, Spain

[d] Department of Cell Biology, School of Medicine, Yale University, 333 Cedar Street, New Haven, CT, USA

[e] Institute of Neurology, University College of London Queen Square, London WC1N 3BG, United Kingdom

[f] Instituto de Química Física Blas Cabrera, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, C/ Serrano 117, 28006 Madrid, Spain

Biomolecular condensates have become a major focus in biophysical research, as they play a fundamental role in subcellular organization and regulation. Liquid–liquid phase separation underlies the formation of membrane-less organelles and governs key biological processes such as transcriptional regulation, modulation of biochemical reactions (enhancement or inhibition), and cellular adaptation to external conditions. Characterizing the physicochemical properties of these condensates is essential for understanding their biological behaviour, their role throughout the cell cycle, and their potential transition into solid-like states associated with pathological conditions.

To investigate these physicochemical characteristics, we propose a novel methodology based on fluorescence spectroscopy. By combining fluorescence lifetime and fluorescence anisotropy measurements in fluorescently tagged proteins, we can assess protein density and condensate polarizability. These parameters are influenced not only by protein concentration but also by condensate heterogeneity and other environmental factors. Fluorescence anisotropy provides information about intermolecular distances through depolarization effects caused by energy transfer, while fluorescence lifetime reflects changes in the refractive index within the condensate.

We also present the application of this methodology to a well-established in vitro model: the DDX4 protein tagged with the fluorescent protein mNeonGreen. Additionally, we examine the effects of modulators such as ATP and divalent ions, which influence t

degree of condensation.

This technique enables the study of physicochemical properties of biomolecular condensates with minimal perturbation. It is applicable to both in vitro and in vivo systems, and its rapid readout (on the order of minutes) allows the monitoring of medium- and slow-timescale dynamics. Combined with other approaches, it represents a valuable tool for condensate research.

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.08

NANOPARTÍCULAS DE POLI-VINILCAPROLACTAMA CARGADAS CON ÁCIDO RETINOICO PARA REGENERACIÓN CUTÁNEA

Ana García-Crespo^{1,2}, Claudia Domens-Varela², Lourdes Muñoz-Sanz², Carlos Elvira¹, Helmut Reinecke¹, Alberto Gallardo¹, Juan Rodríguez-Hernández¹, Enrique Martínez-Campos^{1,2}

1. *Instituto de Ciencia y Tecnología de Polímero (ICTP-CSIC), Madrid, Spain.*

2. *Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid, Spain.*

Introducción

El ácido retinoico todo *trans* (ATRA) promueve la regeneración cutánea en heridas crónicas, estimulando la diferenciación epidérmica y la remodelación de la matriz extracelular. Sin embargo, presenta baja solubilidad en medios acuosos y toxicidad dosis-dependiente. Su incorporación en nanopartículas de poli-vinilcaprolactama (pVCL) que actúan como sistemas de liberación controlada de fármacos favorece su biodisponibilidad y estabilidad.

Objetivos

Obtención, caracterización fisicoquímica y evaluación biológica de nanopartículas de pVCL cargadas con ATRA.

Métodos

Las nanopartículas se prepararon mediante tecnología de CO₂ supercrítico. La carga y liberación de ATRA se analizaron por espectroscopía UV-Vis. Para los ensayos biológicos, se utilizó una línea celular de fibroblastos (Swiss 3T3); la citocompatibilidad se cuantificó mediante el ensayo de actividad metabólica con Alamar Blue y la eficacia se evaluó con un ensayo de cierre de herida.

Resultados

Se obtuvieron nanopartículas de pVCL con 5%, 10% y 20% de ATRA, con morfología esférica y tamaño creciente según la carga. Se determinó el perfil de liberación a 37°C. Las nanopartículas cargadas mostraron citocompatibilidad y estimularon la proliferación celular. Se observó cierre de herida a las 24 y 48h en cultivos tratados con las nanopartículas.

Conclusiones

Se desarrollaron nanopartículas pVCL-ATRA como sistema de liberación controlada con potencial aplicación en regeneración cutánea.

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.09.

DAÑO RENAL TEMPRANO Y REMODELADO DE TEJIDO ADIPOSEO PERIRRENAL EN UN MODELO DE ENFERMEDAD RENAL CRÓNICA

¹Guzmán-Aguayo AK, ¹Palma-Guzmán P, ²Fernández-Valle E, ²Castejón D, ²Fernández de la Rosa F, ¹Aránguez I, ³Kreutz R, ⁴Schalkwijk C, ^{1,5}Sanz-Gómez M, ¹Fernández-Alfonso MS.

¹Instituto Pluridisciplinar y Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, España

²Biolmac, Universidad Complutense de Madrid, España

³Departamento de Farmacología Clínica y Toxicología, Charité-Universitätsmedizin, Berlín, Alemania ⁴Departamento de Medicina Interna, CARIM “School for Cardiovascular Diseases”, Universidad de Maastricht, Países Bajos

⁵Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Internacional de la Empresa (UNIE), España

Introducción: En la enfermedad renal crónica (ERC) se desarrolla un daño renal progresivo caracterizado por inflamación, fibrosis y calcificación tisular. El tejido adiposo perirrenal (TAPR) es metabólicamente activo y libera factores inflamatorios, profibróticos y osteogénicos. En pacientes existe una correlación positiva entre el grosor del TAPR y la gravedad de la ERC, mientras en modelos de ERC avanzada se ha descrito disfunción del TAPR.

Objetivo: Determinar si las alteraciones del TAPR aparecen a edades tempranas para esclarecer un posible efecto deletéreo causal del TAPR en la ERC.

Métodos: El daño renal de ratas macho MWF y controles Wistar a las 10 y 16s de edad (n=7-10) se evaluó mediante proteinuria, expresión de *Kim-1*, *Ngal* y resonancia magnética sin contraste (mapeo T1/T2, arterial spin labeling). Se caracterizó la expresión de marcadores adipogénicos, inflamatorios, fibróticos y calcificantes en TAPR. La actividad metabólica del tejido adiposo interescapular (TAi) se evaluó mediante PET.

Resultados: Las ratas MWF presentaron proteinuria significativa y mayor expresión renal de *Kim-1* y *Ngal* desde las 10s de edad. A las 16s, mostraron alteraciones microestructurales progresivas y reducción significativa del flujo sanguíneo cortical. No se observaron cambios relevantes en la expresión de mediadores inflamatorios, fibróticos o calcificantes en TAPR o en TAi, ni con la edad o con la ERC. Las imágenes PET revelaron menor captación de glucosa en TAi en ratas MWF de 16s.

Conclusión: El deterioro renal, estructural y molecular precede a cambios detectables en el TAPR en ratas MWF.

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.10.

QUANTUM DOTS FROM FENNEL SEEDS

Inmaculada Aranz ^{1,2}, Pablo Mateos-Gil^{2,3}, Saeedeh Pouri², Hocine Alla⁴, Iván López-Montero^{2,3}, Manuel G. Velarde²

¹Dto. Química en Ciencias Farmacéuticas Universidad Complutense de Madrid, España;

²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, España; ³Dto. Química Física, Universidad Complutense de Madrid, España; ⁴ Laboratoire de Physique des Matériaux et des Fluides, Université des Sciences et de la Technologie d'Oran, BP 1505 El M'Naouar Bir el Djir, Oran 31000, Algeria

Quantum Dots (QD) are defined as semiconductor nanoparticles in the range of a few nanometers (2-10 nm) that exhibit different optical and electronic properties than large particles due to quantum mechanical effects¹.

This type of NPs are very useful for different applications, not only in biomedicine (antibacterial, tumor targeting or highly sensitive cellular imaging) but also in enhanced oil recovery^{2,3}.

Carbon Quantum Dots (CQD) were produced by pyrolysis by heating the pre-milled fennel seeds in an oven at 300°C for 4 hours. After that, the powder was suspended in Milli-Q water and sonicated for 20 minutes, then filtered through a fluted filter to recover a brownish liquid. The liquid was further purified using a dialysis membrane or by Amicon, and some samples were lyophilised.

The production of CQD was initially tested under a UV lamp to confirm fluorescence. Samples were analyzed for composition by FTIR-ATR, and for optical properties by UV-Vis spectra and fluorescence. The size and zeta potential were unsuccessfully studied by the Malvern Nanosizer. "Atomic Force Microscopy (AFM) was used to determine the shape and size of the quantum dots. Antimicrobial activity was tested against *E. Coli*.

Our results showed that pyrolysis of fennel seeds allowed us to successfully produce quantum dots. Our samples exhibit optical properties that make them useful as tracers in oil recovery or imaging, but no antimicrobial activity was observed under the conditions tested against *E. coli*.

References:

1. Daniel Quesada-González, Arben Merkoçi, Quantum dots for biosensing: Classification and applications, Biosensors and Bioelectronics, Volume 273, 2025.
2. Wang et al Synthesis of smart temperature responsive silicon quantum dots to stabilize Pickering emulsion for enhancing oil recovery, Colloids and Surfaces A: Physicochemical and Engineering Aspects, Volume 740, 2026.
3. Mengyu M. Huang. From Synthesis to Application: The Transformative Role of Graphene-Based Quantum Dots in Biomedicine. ACS Biomaterials Science and Engineering, Volumen:12, Número:3, Página(s):1373-1396

Comunicación oral – Sesión 2, 11:05 –12:05

O.11.

**METABOLOMIC PROFILING OF COMPOST AND VERICOMPOST: A
¹H-NMR STUDY**

Rubén Gil-Gonzalo¹, Palmira Villa-Valverde², Inmaculada Aranz^{1,3}, and David Castejón²

¹Pluridisciplinar Institute, Complutense University of Madrid – Spain

²ICTS Complutense Bioimaging, Complutense University of Madrid – Spain

³Department of Chemistry in Pharmaceutical Science, Pharmacy Faculty, Complutense University of Madrid – Spain

Composting and vermicomposting transform heterogeneous organic wastes into stable soil amendments, but these processes are still mainly monitored using bulk physicochemical parameters that provide limited information on the underlying biochemical changes. This study evaluates proton nuclear magnetic resonance (¹H-NMR) spectroscopy, including high-resolution magic-angle spinning (HRMAS) on minimally processed samples, as a tool for metabolomic profiling and for monitoring composting and vermicomposting. Final organic amendments obtained from composting and vermicomposting were analyzed by ¹H-NMR, and the spectra were subjected to multivariate analysis to relate metabolite patterns to treatment (with or without biotic processing agents such as earthworms or insect larvae), feedstock composition and hygienization steps. The ¹H-NMR spectra of the final organic amendments reflected the biotransformation of food by-products, with specific resonances indicating microbial activity and suggesting microbial load. Spectral changes between hygienization treatments and microbiota conditions were consistent with microbial metabolic pathways of degradation and may provide an indirect measure of the active microbiota. HRMAS-NMR allowed direct detection of metabolites and highlighted differences between compost and vermicompost linked to biotic activity and associated microbiota. Chemometric models separated samples according to treatment and feedstock composition and pointed to spectral regions associated with microbial metabolism and potential bioactive compounds relevant for fertilizer performance and plant growth promotion. Overall, ¹H-NMR-based metabolomics combined with multivariate analysis provides a rapid, non-destructive approach to assess organic amendments and to support the evaluation of process conditions, including proposed hygienization or sterilization treatments.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.01.

CARACTERIZACIÓN DEL METABOLISMO CEREBRAL EN RATONES DE ALZHEIMER 5xFAD

Lucía Moreno¹, Elena Marcos-Macías^{1,2}, Arantxa García-Martín^{1,2}, Rubén Fernández de la Rosa^{1,3}, Beatrice Panaite¹, Miguel Ángel Pozo^{1,4}, Luis García-García^{1,5}, Pablo Bascuñana^{1,2}, Mirjam Brackhan

1,2

¹Unidad de Cartografía Cerebral, Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid

²Cartografía Cerebral, Instituto de Investigación Sanitaria San Carlos (IdISSC), Hospital Clínico San Carlos

³Bioimac, Universidad Complutense de Madrid, Madrid 28040, Spain

⁴Departamento de Fisiología, Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid

⁵Departamento de Farmacología, Farmacognosia y Botánica, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid

Introducción: La enfermedad de Alzheimer (EA) representa la principal causa de demencia a nivel mundial. Estudios de tomografía por emisión de positrones (PET) han revelado alteraciones en el metabolismo de la glucosa cerebral en estos pacientes, inspirando la búsqueda de biomarcadores tempranos y una mejor comprensión de esta compleja patología.

Objetivo: Caracterizar las alteraciones metabólicas precoces en el modelo murino 5xFAD y evaluar su correlación con la progresión neuropatológica y la activación astrocitaria.

Métodos: Se realizaron estudios PET con ¹⁸F-FDG en ratones 5xFAD de 3 y 5 meses de edad y controles de la misma camada (WT) de ambos sexos. Además, se evaluó la presencia de astrocitos (GFAP), placas de amiloide (4G8) y neuroinflamación ([³H]PK11195) *in vitro*.

Resultados: Los análisis PET (%ID/cc) revelaron un hipermetabolismo significativo en ratones 5xFAD macho de 3 meses en el estriado (p=0.0268), corteza (p=0.0243) e hipocampo (p=0.0263). A esta edad, los ratones mostraban presencia de placas de amiloide en la corteza frontal e hipocampo. Sin embargo, en machos de 5 meses mostraban únicamente un leve hipometabolismo en cortezas somatosensorial e insular. Por otro lado, en hembras no se encontraron diferencias en ningunos de los dos puntos temporales en los estudios PET con ¹⁸F-FDG.

Conclusiones: A los 3 meses de edad el hipermetabolismo constituye un potencial biomarcador precoz de la EA en machos 5xFAD. En posteriores estudios se realizarán análisis de correlación con la activación glial y el depósito amiloide con el objetivo de identificar los mecanismos responsables de las alteraciones metabólicas.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.02.

PREDICTING SEPSIS PRIOR TO CLINICAL ONSET USING BENCHTOP NMR-BASED LIPIDOMICS AND METABOLOMICS

Pilar Alonso-Moreno^{1,2}, Alicia Rodríguez-Navajo¹, Álvaro Pérez-Collar¹, Luis A. de Benito-Rodríguez^{1,2}, Verónica Monforte^{3,4,5}, Claire Cannet⁶, Michele Zani⁶, Berta Cisteró^{4,7}, Antonio Artigas^{3,4,5}, Adrián Ceccato^{3,4,5}, Jose L. Izquierdo-García^{1,2,5,8}

1. *NMR and Imaging in Biomedicine Group, Pluridisciplinary Institute, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain.*

2. *Department of Chemistry in Pharmaceutical Sciences, Pharmacy School, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain.*

3. *Critical Care Center, Hospital Universitari Parc Taulí, Institut d'Investigació i Innovació Parc Taulí (I3PT-CERCA), Sabadell, Spain.*

4. *Department of Medicine, Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain.*

5. *Centre for Biomedical Networked Research in Respiratory Diseases (CIBERES), Carlos III Health Institute.*

6. *Bruker Biospin GmbH, Ettlingen, Germany.*

7. *Emergency Department, Hospital Universitari Parc Taulí, Institut d'Investigació i Innovació Parc Taulí (I3PT-CERCA), Sabadell, Spain.*

8. *ICTS Bioimagen Complutense, BIOIMAC, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain.*

Sepsis is a life-threatening host response to infection, causing high mortality worldwide. Its heterogeneous and rapid nature necessitates early detection; however, its identification upon admission remains challenging with current diagnostic tools. Nuclear Magnetic Resonance (NMR)-based metabolomics and lipidomics offer promising predictive strategies; however, conventional NMR spectroscopy is limited by infrastructure requirements and costs. Consequently, benchtop NMR (b-NMR) spectrometers have emerged as promising alternatives.

In this study, we evaluated the potential of b-NMR based multi-omics to predict sepsis in a clinical emergency setting.

A total of 173 patients admitted to the Emergency Department of Hospital Parc Taulí (Sabadell, Spain) with suspected infection were included. A total of 291 serum samples were collected at 0, 4, and 24 hours post-admission. Lipidomic analysis was performed on untreated serum using Bruker Fourier80 spectrometer. Metabolomic analysis was carried out on ultrafiltered samples analyzed on two benchtop systems: 80 MHz Magritek Spinsolve Ultra and Fourier80. Resulting NMR spectra were processed and multivariate statistical analyses were employed.

Partial Least Squares Discriminant Analysis (PLS-DA) was employed to differentiate septic from non-septic patients. Lipidomic profiling identified 19 lipoprotein parameters, achieving 73% accuracy ($R^2 = 0.29$, $Q^2 = 0.20$) and an AUC-ROC of 0.76. Metabolomic analysis identified 8 discriminant metabolites, exhibiting consistent performance (~70% accuracy) across both b-NMR systems. Finally, the multi-omics integration of these datasets yielded a stable classification accuracy of 70%.

These results highlight the potential of benchtop NMR spectroscopy as an accessible and rapid strategy for the early prediction of sepsis in emergency care settings.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.03.

EL AUMENTO DE LA ACTIVIDAD MMP-2 Y MMP-9 FAVORECE LA ACTIVACIÓN DE LA VÍA GACRP-ADIPOR1 Y EL DAÑO RENAL EN UN MODELO DE ENFERMEDAD RENAL CRÓNICA

Sanz-Gómez, M¹; Palma-Guzmán, P²; Plaza, A³; Fernández-Alfonso-M.S.²

¹Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Internacional de la Empresa (UNIE), Madrid, España

²Instituto Pluridisciplinar y Facultad de Farmacia UCM, Madrid, España

³Departamento de Ciencias Farmacéuticas y de la Salud, Facultad de Farmacia, Universidad CEU-San Pablo, Madrid, España

Introducción: La adiponectina (*AdipoQ*) es antiinflamatoria y antioxidante. En condiciones fisiológicas presenta una isoforma monomérica mayoritaria, Acrp30, que señala a través de AdipoR2. La isoforma globular, gAcrp, se une con mayor afinidad a AdipoR1 y se ha asociado a situaciones patológicas. En la enfermedad renal crónica (ERC) el nivel plasmático de *AdipoQ* aumenta durante la progresión del daño, caracterizado por fibrosis y aumento de la actividad metaloproteínasa, (MMP)-2 y MMP-9. Nuestra **hipótesis** es que la gAcrp aumenta en daño renal por la actividad proteolítica de las MMPs.

Métodos: Se determinó la expresión génica renal de *AdipoQ*, *AdipoR1* y *AdipoR2* y los niveles de Acrp30 y gAcrp en riñón y plasma por Western Blot en ratas Wistar control y MWF (n=5-7/grupo). La probabilidad de la actividad proteolítica de MMP-2 y MMP-9 sobre la adiponectina se predijo con CleavPredict.

Resultados: *AdipoQ*, Acrp30 y gAcrp fueron mayores en riñón de MWF en comparación con Wistar. Sin embargo, el aumento de gAcrp fue proporcionalmente mayor que el de Acrp30 coincidiendo con el aumento de la actividad renal MMP-2 y MMP-9, medida por zimografía. Además, *AdipoR1* aumentó significativamente mientras que *AdipoR2* disminuyó en ratas MWF. La capacidad proteolítica de MMP-2 sobre la adiponectina se confirmó en células EA.hy926. La inhibición farmacológica de MMP-2 y MMP-9 se acompañó con un aumento de Acrp30 y una disminución de gAcrp en riñón.

Conclusión: El aumento de la actividad MMP-2 y MMP-9 promueve la vía gAcrp-AdipoR1 en detrimento de la Acrp30-AdipoR2, lo que sugiere su contribución en el daño renal.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.04.

**STRUCTURAL CHARACTERIZATION OF PROTEIN MITOFUSIN 2 BY
BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL TECHNIQUES**

**Sara Ballesteros Aparicio^a, Paolo Natale^{a,b,c}, Pablo Mateos Gil^{a,b,c}, Iván López
Montero^{a,b,c}**

^aDepartamento Química Física, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

^bInstituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

^cInstituto de Investigación Biomédica Hospital Doce de Octubre (imas12), Madrid, Spain

Proteins mitofusin 1 and 2 are dynamin-like proteins which promote the GTP-dependent fusion of the outer mitochondrial membrane, where they are located. Thus, within the context of mitochondrial dynamics, this organelle forms complex branched networks. Although there are studies highlighting the essential physiological role of the fusion process, the mechanism driven by these proteins remains elusive, as well as the structural arrangement of its membrane-bound state and the positioning of its functional domains within the bilayer. Combining techniques such as size-exclusion chromatography (SEC) and atomic force microscopy (AFM), we aim to investigate the structural properties of Mfn2 to link them to its mechanism of action.

Size-exclusion chromatography allows the oligomeric state of the purified Mfn2 protein to be determined, based on mass and size, in the absence or presence of different nucleotides. It has been found that, both in the absence and in the presence of GDP, the Mfn2 protein remains in solution in a predominantly monomeric state. Using atomic force microscopy, single Mfn2 molecules can be visualised in solution, revealing V-shaped structures, which confirms the SEC result that Mfn2 can assemble into higher-order assemblies.

This combined strategy demonstrates that the full-length Mfn2 protein exists as a monomer in solution being able of dimerising via its GTPase domains and form higher-order oligomers. These new insights into its structural organisation pave the way for a better understanding of its role in mitochondrial fusion.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.05.

DISFUNCIÓN DE LAS CÉLULAS MADRE MESENQUIMALES DE TEJIDO ADIPOSEO PERIRRENAL EN LA ENFERMEDAD RENAL CRÓNICA

Elvira Bragado-García¹, Mariano A. García-Arranz², Paloma Palma-Guzmán¹, Reinhold Kreutz³, Adrián Plaza⁴, José Joaquín Merino¹, María S. Fernández-Alfonso¹

¹Instituto Pluridisciplinar y Facultad de Farmacia UCM, Madrid, España.

²Fundación Jiménez Díaz, Madrid, España.

³Charité-Universitätsmedizin Berlin and Berlin Institute of Health, Department of Clinical Pharmacology and Toxicology, Germany.

⁴Departamento de Ciencias Farmacéuticas y de la Salud, Facultad de Farmacia, Universidad CEU-San Pablo, Madrid, España.

Introducción: La enfermedad renal crónica (ERC) se caracteriza por un daño progresivo asociado a inflamación y fibrosis. En la rata Munich Wistar Frömter (MWF), un modelo experimental de ERC, hemos demostrado que el tratamiento farmacológico induce la movilización de células madre mesenquimales (MSC) hacia el riñón, contribuyendo a atenuar estas alteraciones. La limitada capacidad de regeneración renal sugiere la hipótesis de una posible disfunción de las MSC endógenas que podría estar implicada en la progresión del daño.

Objetivos: Caracterizar la posible disfunción de las MSC derivadas del tejido adiposo (ADMSC) perirrenal (TAPR) y evaluar su papel en la regeneración renal mediante la administración en ratas MWF de ADMSC procedentes de ratas sanas.

Métodos: Las ADMSC fueron aisladas del TAPR de ratas MWF y Wistar (n = 5/grupo) y caracterizadas mediante citometría de flujo, Western blot y qPCR. Además, ratas MWF recibieron una administración intraperitoneal de 3×10^6 ADMSC de ratas sanas (n = 3/grupo). Tras una semana, se extrajeron los riñones y se analizaron marcadores moleculares mediante qPCR.

Resultados: Las ADMSC de ratas MWF mostraron un fenotipo más senescente, junto con una menor capacidad proliferativa y migratoria en comparación con las de ratas Wistar. La administración de ADMSC sanas redujo la expresión de factores inflamatorios (Tnf α , Mcp1 e Il-8), sin observarse cambios en marcadores de daño renal, fibrosis o calcificación.

Conclusiones: Las ADMSC en ratas MWF presentan una disfunción en su capacidad reparadora que podría contribuir a la progresión de la ERC. De hecho, la administración de ADMSC sanas mejora de forma temprana el estado inflamatorio renal en MWF.

Sesión de posters – 15:00 – 16:30

P.06.

DE LA TRACCIÓN A LA ESTANDARIZACIÓN: CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE MICROORGANISMOS AUTÓCTONOS DE LECHES FERMENTADAS ARTESANALES PARA SU APLICACIÓN EN LA INDUSTRIA ALIMENTARIA

Beatriz Márquez Fernández^{1,2}, Laura Álvarez Pastor^{1,2}, Rubén Jurado Escobar^{1,2}, Natalia Hernando Ospina^{1,2}, Alberto Aragón Ramírez^{1,2}, Leónides Fernández Álvarez^{1,2}, Juan Miguel Rodríguez Gómez^{2,3}, Belén Orgaz Martín^{1,2} & Josué Jara Pérez^{1,2}

1. *Sec. Dept. Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid.*
2. *Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Madrid.*
3. *Sec. Dept. Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid.*

Las bacterias ácido lácticas (BAL) destacan por su potencial probiótico, sus propiedades tecnológicas y su actividad antimicrobiana frente a microorganismos patógenos. En este contexto, las leches fermentadas tradicionales constituyen una fuente relevante de BAL autóctonas con posible aplicación en la industria alimentaria (IA) y en los productos fermentados. El objetivo del trabajo fue estudiar las comunidades microbianas presentes en leches fermentadas artesanales con el fin de identificar y seleccionar microorganismos con características de interés tecnológico para su aplicación en la elaboración de alimentos fermentados.

Se analizaron tres muestras de leches fermentadas artesanales, que fueron sembradas en distintos medios de cultivo para el recuento y la selección de diferentes morfotipos. Los aislados obtenidos se identificaron mediante secuenciación parcial del gen 16S rRNA y se genotiparon mediante RAPD-PCR, lo que permitió seleccionar seis aislados con perfiles RAPD únicos. Posteriormente, estos aislados fueron caracterizados en función de su capacidad acidificante, actividad proteolítica, capacidad espesante, potencial de inhibición frente a patógenos de interés alimentario y perfil de resistencia a antibióticos.

Se identificaron un total de 26 aislados, pertenecientes principalmente a los géneros *Lactococcus* (13) (*Lactococcus lactis*, *Lactococcus cremoris* y *Lactococcus garviae*) y *Enterococcus* (6). Los resultados mostraron variabilidad en las propiedades tecnológicas evaluadas, así como una elevada capacidad de crecimiento a diferentes temperaturas.

Así, estos resultados sugieren que las BAL autóctonas constituyen candidatos prometedores para el desarrollo de procesos de fermentación más seguros, controlados y estandarizados en la IA, pudiendo contribuir además a la preservación de las características organolépticas propias de los productos tradicionales.

Sesión de posters – 15:00 – 16:30

P.07.

SIN SENTIDO, PERO NO SIN EMOCIÓN: RESULTADOS DE UN MEGAESTUDIO SOBRE DECISIONES LÉXICAS CON PSEUDOPALABRAS

Celia Martínez-Tomás^{1,2*}, Marc Guasch³, Miguel Lázaro¹, Ana Baciero^{1,2}, Pilar Ferré³, José Antonio Hinojosa^{1,2,4}

¹Departamento de Psicología Experimental, Procesos Cognitivos y Logopedia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain

³Universitat Rovira I Virgili, Departamento de Psicología y CRAMC, Tarragona, Spain

⁴Centro de Investigación Nebrija en Cognición (CINC), Universidad Nebrija, Madrid, Spain

Resumen

En este megastudio investigamos el procesamiento de las dimensiones emocionales de valencia y activación en estímulos lingüísticos carentes de entrada léxica (es decir, pseudopalabras). Como segundo objetivo, examinamos los efectos de la estructura morfológica de estos estímulos. En una tarea de decisión léxica, un total de 1.025 hablantes nativos de español respondieron a 1.200 palabras y 4.800 pseudopalabras derivadas de palabras base emocionales, presentadas en cuatro condiciones morfológicas que variaban en la presencia o ausencia de raíces y sufijos. Se emplearon modelos lineales y modelos lineales generalizados de efectos mixtos para evaluar el impacto del tipo de pseudopalabra, la valencia y la activación sobre los tiempos de reacción y la precisión.

Los resultados mostraron que las pseudopalabras más positivas y con mayor activación eran rechazadas más lentamente y con menor precisión como palabras reales. Además, estos efectos variaron entre las condiciones morfológicas, lo que indica una contribución interactiva de las claves estructurales y afectivas. En conjunto, nuestros resultados pueden interpretarse como evidencia de que el procesamiento de los aspectos emocionales durante la lectura está influido tanto por claves léxicas como subléxicas, y de que la estructura morfológica de las pseudopalabras modula estos efectos.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.08.

METABOLIC FINGERPRINTING OF BOVINE TUBERCULOSIS: TRANSLATING BENCHTOP NMR FROM LAB TO BARN.

**Pérez-Collar, Álvaro¹, de Benito-Rodríguez, Luis A.^{1,2}, Alonso-Moreno, Pilar^{1,2},
Velasco- Reinaldos, Carlos^{3,4}, Ortega-Martin, J.³, Bezos-Garrido, Javier^{3,4*},
Izquierdo-García, José L.^{1,2,5,6*}.**

1. *NMR and Imaging in Biomedicine Group, Pluridisciplinary Institute, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
2. *Department of Chemistry in Pharmaceutical Sciences, Pharmacy School, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
3. *Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria, VISAVET, Complutense University, Madrid, Spain*
4. *Department of Animal Health, Faculty of Veterinary Medicine, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
5. *ICTS Bioimagen Complutense, BIOIMAC, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain*
6. *Centre for Biomedical Networked Research in Respiratory Diseases (CIBERES), Carlos III Health Institute*

Bovine tuberculosis diagnosis is based on the detection of the host immune response, primarily through tests such the interferon-gamma release assay (IGRA). However, this response can be influenced by multiple factors, including exposure to environmental mycobacteria, which may lead to false-positive results and reduced diagnostic specificity.

NMR-based metabolomics represents a promising approach for identifying metabolic profiles that could improve bovine tuberculosis diagnosis. Its application has traditionally been limited by high costs and infrastructure demands. However, the emergence of benchtop NMR spectrometers offers a novel and accessible alternative.

The aim this study was to identify metabolomic biomarkers associated with bovine tuberculosis infection and to evaluate the implementation of benchtop NMR.

Two groups were analysed: the first comprised calves from herds with confirmed bovine tuberculosis (N = 20), classified as true positives; the second included calves from tuberculosis-free herds that tested IGRA-positive (N = 20), classified as false positives. NMR-based metabolomic analysis were

performed from plasma samples with high-field (Bruker AVANCE III 500 MHz) and low-field (Magritek Spinsolve Ultra 80 MHz) spectrometers.

Partial Least Squares Discriminant Analysis (PLS-DA) enabled discrimination between true-positive and false-positive animals, achieving an accuracy of 92.5% using high-resolution NMR and 90% with benchtop NMR spectrometers. The high-field approach fulfilled an AUC-ROC of 88.1%, with 89% sensitivity and 81% specificity, while benchtop NMR achieved an AUC-ROC of 92%, with 94% sensitivity and 86% specificity.

These findings highlight the potential of NMR-based metabolomics as a more specific diagnostic approach for bovine tuberculosis.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.09.

MEMANTINA REDUCE SIGNOS DE DAÑO HIPOCAMPAL Y PREVIENE EL HIPOMETABOLISMO CEREBRAL INDUCIDO POR EL MODELO DE STATUS EPILEPTICUS DE LITIO-PILOCARPINA EN RATA

Beatrice Panaite¹, Elena Marcos¹, Pablo Bascuñana^{1,2}, Miguel Ángel Pozo^{1,3},
Luis García-García^{1,4}

¹Unidad de Cartografía Cerebral, Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid

²Instituto de Investigación Sanitaria San Carlos (IdISSC), Hospital Clínico San Carlos

³Departamento de Fisiología, Facultad de Medicina, Universidad Complutense de Madrid

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

Introducción: El *status epilepticus* (SE) es una emergencia neurológica que cursa con crisis epilépticas recurrentes sin recuperación entre episodios. Esta condición se asocia a un aumento excesivo de la liberación de glutamato que conduce a la excitotoxicidad y la neurodegeneración. El modelo experimental de SE inducido por litio-pilocarpina desencadena una cascada glutamatérgica que reproduce las características clínicas, electrofisiológicas e histopatológicas de la epilepsia del lóbulo temporal humana.

Objetivo: Evaluar el potencial efecto neuroprotector de la memantina, un antagonista de los receptores NMDA de glutamato en el modelo de SE litio-pilocarpina en rata.

Metodos: La memantina (20 mg/kg, i.p.) fue administrada 20 minutos antes de la inducción del SE y se registraron parámetros conductuales (latencia de aparición del SE y pérdida de peso post-ictal). Tres días después se analizaron los cambios metabólicos cerebrales mediante tomografía por emisión de positrones (PET). El estudio se complementó con análisis histoquímicos encaminados a evaluar la integridad hipocampal, la neuroinflamación mediada por microglía y la astrogliosis reactiva.

Resultados: La administración de memantina incrementó la latencia al SE y redujo significativamente la pérdida de peso inducida por SE. Los análisis PET, revelaron que el hipometabolismo cerebral inducido por SE fue prevenido por la administración de memantina. Más aún, los estudios histoquímicos revelaron una reducción de la neurodegeneración y muerte neuronal a nivel hipocampal, así como una disminución de la neuroinflamación y astrogliosis reactiva.

Conclusiones: En conjunto, los resultados apoyan un potencial efecto neuroprotector de la memantina frente al SE, reduciendo la excitotoxicidad dependiente del receptor de glutamato NMDA.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.10.

NUEVOS MODELOS, VIEJAS LIMITACIONES: MODELOS GRT Y BAYESIANOS EN LA MEDICIÓN DEL PRIMING ENMASCARADO

Mikel Jiménez¹, Christian Andrade^{2,3}, José Antonio Hinojosa^{2,3,4}, Pedro R. Montoro¹, Antonio Prieto¹

¹ *Departamento de Psicología Básica I, UNED, España*

² *Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España*

³ *Departamento de Psicología Experimental, Procesos Cognitivos y Logopedia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España*

⁴ *Centro de Investigación Nebrija en Cognición (CINC), Universidad de Nebrija, Madrid, España*

¿Puede la información que permanece fuera de la consciencia de las personas influir en su comportamiento? En este estudio, nuestro objetivo es evaluar en qué medida las formas globales construidas mediante la agrupación perceptiva de elementos locales pueden percibirse inconscientemente, aplicando dos métodos novedosos: (1) una regresión basada en un modelo generativo bayesiano y (2) las Sensitivity vs. Awareness curves (SvA) derivadas de la Teoría General del conocimiento (GRT), que difieren en su definición de «inconsciente» (discriminación a nivel del azar vs ausencia de consciencia subjetiva) y de «procesamiento» (priming vs a detección), así como en sus marcos matemáticos subyacentes. Dada la gran disparidad entre ambos enfoques, este trabajo se centra en comparar y contrastar los resultados y la convergencia entre estos. Así, analizamos el procesamiento visual de estímulos enmascarados presentados brevemente utilizando dos intervalos entre el inicio del estímulo principal y el del estímulo enmascarado (SOA): 40 ms (Experimento 1) y 67 ms (Experimento 2). Si bien ambos métodos aportan pruebas del procesamiento inconsciente de la forma global con el SOA de 67 ms; en el Experimento 1, con el SOA de 40 ms, observamos una divergencia entre los análisis de las SvA, que respaldan el procesamiento inconsciente de los objetivos; y el modelo generativo bayesiano, que aporta una evidencia fuerte en su contra. Ambos métodos y sus resultados se analizan en profundidad, prestando atención a las precauciones que deben tomarse a la hora de interpretar los resultados, debido a los diferentes (y controvertidos) supuestos teóricos de ambos métodos.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.11.

REPROGRAMACIÓN TRANSCRIPTÓMICA DE *Staphylococcus aureus* EN BIOFILMS ASOCIADOS A MASTITIS TRAS LA EXPOSICIÓN A BACTERIAS LÁCTICAS**Rubén Jurado Escobar^{1,2}, Laura Álvarez Pastor^{1,2}, Natalia Hernando Ospina^{1,2}, Alberto Aragón Ramírez^{1,2}, Josué Jara Pérez^{1,2}, Juan Miguel Rodríguez Gómez^{2,3}, Leonides Fernández Álvarez^{1,2} y Belén Orgaz Martín^{1,2}**

¹Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Complutense s/n, 28040 Madrid, Spain

²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Ps. Juan XXIII 1, 28040 Madrid, Spain

³Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, Spain

Introducción/Objetivo: *Staphylococcus aureus* es uno de los principales agentes implicados en la mastitis lactacional, y su persistencia en *biofilms* dificulta su erradicación. Las bacterias lácticas (BAL) se proponen como estrategias alternativas o complementarias a la antibioterapia convencional; sin embargo, se conoce poco sobre la respuesta transcriptómica de *S. aureus* durante su interacción directa con BAL en *biofilm*. El objetivo fue caracterizar, mediante RNA-seq, los cambios globales de expresión génica en *biofilms* de *S. aureus* SA4, aislada de mastitis aguda, tras exposición a tres BAL.

Métodos: Se extrajo ARN total de *biofilms* control de SA4 y de *biofilms* preformados expuestos a cada BAL durante 16 h, con tres réplicas biológicas por condición. Tras depleción de rRNA y secuenciación Illumina, las lecturas se mapearon competitivamente frente a genomas de referencia. La expresión diferencial de *S. aureus* se evaluó con DESeq2, considerando significativos los genes con $FDR < 0,05$ y $|\log_2FC| > 1$.

Resultados: Los análisis de PCA y correlación mostraron reproducibilidad y separación entre condiciones. La exposición a BAL provocó una amplia remodelación transcriptómica en *S. aureus*, con 1.791 genes regulados en al menos una condición. De ellos, 588 genes se reprimieron y 444 se indujeron de forma común frente a las tres BAL. Esta respuesta afectó a metabolismo, transporte, adquisición de nutrientes y metales, envoltura celular, estrés y regulación de la virulencia.

Conclusiones: Las BAL inducen una reprogramación transcriptómica parcialmente conservada en *S. aureus* en *biofilm*, aportando claves sobre cambios moleculares que podrían debilitar su persistencia en la mastitis lactacional.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.12.

WHEN PERCEPTION CONDITIONS LEARNING: EXPLORING THE GENERALIZATION GRADIENT IN RACIAL STIMULI

Nadia Loulidi Fernández^{1,2}, **José Antonio Hinojosa Poveda**^{1,2,3}, **José Andrés Alcalá Martín**^{1,2,4}.

1 Departamento de Psicología Experimental, Procesos Cognitivos y Logopedia, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain.

2 Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain.

3 Centro de Investigación Nebrija en Cognición (CINC), Universidad Nebrija, Madrid, Spain.

4 Departamento de Psicología, Universidad Rey Juan Carlos, Madrid, Spain.

Introduction: Generalization enables the transfer of responses learned with conditioned stimuli (CS+) to novel stimuli (Generalization Stimuli, GS). A wealth of research has attributed generalization to perceptual similarity with the CS+, reflecting a decrease in response as similarity decreases (i.e., generalization gradient). However, in humans, generalization can also occur along conceptual dimensions. Race is a complex variable where both dimensions converge, yet it remains understudied in learning research. **Objective:** To examine and compare generalization gradients between White and Black faces, with and without facial information. **Methods:** Seventy self-identified White participants completed an online discrimination learning task. They predicted whether faces belonged to a person who had posted an insult on a fictitious social media site (CS+) or not (CS-). The experimental group was conditioned with two average male faces (one Black, one White; counterbalanced), while a control group was conditioned with stimuli lacking facial features but matched in skin colour. Generalization was then assessed using four GS varying in skin tone. **Results:** A linear generalization gradient based on skin colour was observed. Importantly, participants showed a greater tendency to generalize when the CS+ was a Black face. Additionally, the face group demonstrated better discrimination among GS than the control group. **Conclusions:** These findings highlight the role of learning processes in the development and persistence of racial prejudice, underscoring the importance of integrating learning models to design effective interventions against racial discrimination.

Keywords: generalization gradients, race, skin colour, racial prejudice, outgroup.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.13.

ALTERACIONES EN EL EJE CEREBRO-CORAZÓN EN EL MODELO MURINO FUSDELTA14: EVALUACIÓN MEDIANTE ¹⁸F-FDG PET Y MRI

Elena Marcos-Macías^{1,2,3}, Juan Miguel Godoy-Corchuelo⁴, Arantxa García-Martín^{1,3}, Rubén Fernández de la Rosa^{1,2,5}, Luciano F.L. de Oliveira⁶, Rafael D.D.B. Oliveira⁶, Miguel Ángel Pozo^{1,2,3}, Luis García-García^{1,3,7}, Silvia Corrochano⁴, Mirjam Brackhan^{1,3}, Pablo Bascuñana^{1,3}

¹*Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense, Madrid*

²*Dpto Fisiología, Facultad de Medicina, Universidad Complutense, Madrid*

³*Cartografía Cerebral, Hospital Clínico San Carlos (IdISSC), Madrid*

⁴*Grupo Enfermedades Neurológicas, Hospital Clínico San Carlos (IdISSC), Madrid*

⁵*Bioimac, Universidad Complutense de Madrid, Madrid 28040, Spain*

⁶*Fisioterapia Aplicada Group, Federal University of Triângulo Mineiro, Uberaba, Brasil*

⁷*Dpto Farmacología, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense, Madrid*

Introducción: La alta comorbilidad entre trastornos neurológicos y alteraciones cardiovasculares ha despertado un creciente interés por el estudio del eje cerebro-corazón. Evidencia previa sugiere que la neuroinflamación y las disfunciones en el metabolismo principalmente en áreas de la red autónoma central (CAN) contribuyen a la desregulación autonómica del corazón.

Objetivo: Evaluar la relación entre anomalías en el metabolismo cerebral y la disfunción cardíaca para comprender los mecanismos subyacentes a la interacción cerebro-corazón.

Métodos: Se realizaron estudios PET/CT con ¹⁸F-FDG, gated-MRI de corazón y registro de ECG en machos de ratón FUSΔ14 a las 10 semanas de edad. A las 16 semanas se recogió tejido cerebral y cardíaco para su posterior análisis.

Resultados: Los resultados preliminares indican diferencias significativas en la captación de ¹⁸F-FDG en áreas de la CAN o relacionadas con el control autónomo (BFS, p=0.0102; HYP, p=0.0033; BS, p=0.0416; CG, p=0.0185; rMB, p=0.0148; lMB, p=0.0002). Además, se encontraron alteraciones en las medidas de variabilidad de la frecuencia cardíaca (RMSSD, p=0.0094; SDNN, p=0.0189), correlacionando los valores de SDNN y la captación en corteza (R²=0.3671). Los machos FUSΔ14/Δ14 presentan una tendencia de reducción del volumen cardíaco. Sin embargo, estos animales tienen mayores porcentajes de fracción de eyección.

Conclusiones: Los animales portadores de la mutación FUSΔ14 presentan alteraciones metabólicas cerebrales que correlacionan con la variabilidad de la frecuencia cardíaca. Estos hallazgos sugieren una relación entre las anomalías metabólicas cerebrales y la disfunción autonómica cardíaca, donde una mejor función autónoma se asocia con menores niveles de captación cortical.

Eje cerebro-corazón, FusDelta14, ¹⁸F-FDG PET, ECG, MRI

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por le Instituto de Salud Carlos III (PI22/00446)

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.14.

THERMODYNAMIC DESCRIPTORS FROM MOLECULAR DYNAMICS AS MACHINE LEARNING FEATURES FOR EXTRAPOLABLE PROPERTY PREDICTION

**Nuria H Espejo^{1,2}, Pablo Llombart¹, Andrés González de Castilla³, Jorge Ramírez⁴,
Jorge R Espinosa^{1,5}, Adiran Garaizar².**

1. *Department of Physical-Chemistry, Universidad Complutense de Madrid, Av. Complutense s/n, Madrid 28040, Spain*
2. *Data Science, Bayer AG, Alfred-Nobel-Straße 50, 40789 Monheim am Rhein, Germany*
3. *Crop Protection Innovation, Bayer AG, Kaiser-Wilhelm-Alle 1, 51373 Leverkusen, Germany*
4. *Department of Chemical Engineering, Universidad Politécnica de Madrid, C/ Jose Gutierrez Abascal 2, Madrid 28006, Spain*
5. *Yusuf Hamied Department of Chemistry, University of Cambridge, Lensfield Road, Cambridge CB2 1EW, UK*

The limited extrapolative power of structure-based machine learning (ML) models is a critical bottleneck in chemical discovery, particularly for industrial R&D, where navigating uncharted chemical space to find next-generation materials or drugs is paramount ^[1,2]. These models, reliant on structural descriptors or graph neural networks (GNNs), often fail when predicting properties for molecules with novel chemotypes ^[3]. Here, we introduce a physics-augmented ML framework that overcomes this limitation. Our approach replaces conventional structural inputs with thermodynamic properties such as cohesive energy, heat of vaporization, and density, derived directly from molecular dynamics (MD) simulations. While performing comparably to structure-based models on known organic compounds, our method uniquely maintains low error when extrapolating to dissimilar chemical spaces. Crucially, it accurately predicts boiling points for entire chemical classes absent from the training set, including inorganic compounds, salts, and molecules with elements such as Si, B, and Te. By learning from the intermolecular forces that govern phase transitions, our framework provides a more fundamental and generalizable strategy for molecular property prediction, enabling chemical exploration beyond established structural domains.

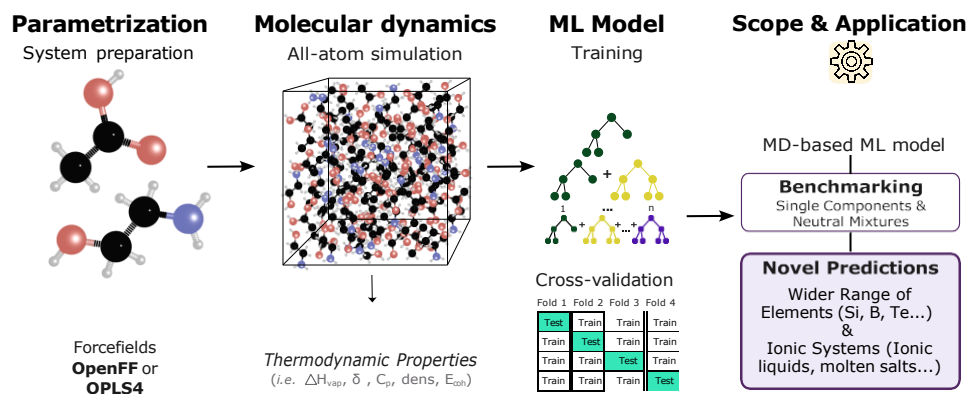


Figure 1. Molecular structures are subjected to short all-atom molecular dynamics simulations using the two forcefields. Thermodynamics properties are used as physics-augmented descriptors to train a regression model for final prediction.

References

- [1] Wu W, et al. *Org. Process Res. Dev.* 2023, 28, 1618.
- [2] De Hemptinne J-C, et al. *Ind. Eng. Chem. Res.* 2022, 61, 14664
- [3] Kubincová A, Mobley DL. 2026.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.15.

SÍNTESIS DE HIDROGELES ESFÉRICOS TERMOSENSIBLES PARA SU USO EN BIORREACTORES

Camila Pajares Acosta^{1,2}, Lucía Ruíz Manzano^{1,2}, Rubén Gil Gonzalo^{1,2}, Helmut Reinecke¹, Alberto Gallardo¹, Enrique Martínez-Campos^{1,2}

1. Instituto de Ciencia y Tecnología de Polímero (ICTP-CSIC), Madrid, Spain.

2. Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid, Spain.

Introducción

Los materiales inteligentes, como los hidrogeles termosensibles, permiten el cultivo y despegue celular mediante cambios de temperatura, evitando tratamientos enzimáticos. En este contexto, se desarrollan microesferas de poli(N-vinilcaprolactama) como sustrato para células eucariotas en biorreactores, favoreciendo su crecimiento y despegue controlado.

Objetivos

Desarrollar microesferas de hidrogeles de poliVCL y evaluarlos como sustratos para el cultivo celular y su despegue controlado mediante cambios de temperatura.

Métodos

Las microesferas de poliVCL se sintetizaron por polimerización en suspensión, empleando PVP como surfactante y variando la agitación para controlar el tamaño. Tras su purificación por lavados y diálisis, se evaluó su biocompatibilidad con células adherentes mediante ensayo Alamar Blue tras la exposición a los hidrogeles y sus extractos.

Resultados

Se sintetizaron microesferas de poliVCL variando PVP y agitación para controlar el tamaño. El aumento de ambos redujo el tamaño, siendo óptimas 3% PVP y 500 rpm (200–600 μm). Los ensayos mostraron ausencia de citotoxicidad y confirmaron la adhesión celular, evidenciando su potencial como sustratos de cultivo.

Conclusiones

Es posible obtener microesferas con tamaño y propiedades ajustables mediante el control de la síntesis, mostrando alta biocompatibilidad y ausencia de citotoxicidad. Estos sistemas permiten el crecimiento celular y se perfilan como candidatos prometedores para su aplicación en biorreactores.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.16.

LENGTH SCALE-DEPENDENT DYNAMICS IN ELECTROSTATIC PROTEIN COACERVATES

Eduardo Pedraza^{1,2}, Andrés R. Tejedor^{1,2}, Álvaro S. Zorita¹, Rosana Collepardo-Guevara^{3,4,5}, David de Sancho^{6,7}, Pablo Llombart^{1,*}, Jorge R. Espinosa^{1,2,4,5,*}

¹ *Department of Physical Chemistry, Universidad Complutense de Madrid, Av. Complutense s/n, Madrid 28040, Spain*

² *Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, P.º de Juan XXIII, 1, Moncloa -Aravaca, Madrid 28040, Spain*

³ *Yusuf Hamied Department of Chemistry, University of Cambridge, Lensfield Road, Cambridge CB2 1EW, United Kingdom*

⁴ *Department of Genetics, University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom*

⁵ *PhAslca Biosciences S.L, Calle Velázquez 27, 28001 Madrid*

⁶ *Polimero eta Material Aurreratuak: Fisika, Kimika eta Teknologia, P Manuel Lardizabal 3, Donostia/San Sebastian 20018, Spain*

⁷ *Donostia International Physics Center (DIPC), P Manuel Lardizabal 3, Donostia/San Sebastian 20018, Spain*

Biomolecular condensates formed by complex coacervation between highly charged proteins offer a valuable platform to elucidate how microscopic interactions translate into emergent macroscopic material properties^{1,2}. Although atomistic molecular dynamics simulations yield detailed molecular-level information, they are inherently limited in accessing the spatial and temporal scales governing condensate behavior^{1,3}. In this work⁴, we employ the residue-level coarse-grained Mpipi-Recharged model⁵ to study condensates formed by ProTα in combination with positively charged partners such as histone H1, protamine, poly-lysine, and poly-arginine. In this context, material properties represent a demanding experimental benchmark for validating coarse-grained approaches. Notably, our model captures salt-dependent phase behavior, binding affinities, and sequence-dependent stability trends in quantitative agreement with in vitro observations, even though these properties were not explicitly included during parameterization. We further connect microscopic protein dynamics with macroscopic material responses by quantifying monomer diffusion, conformational rearrangements, and translational motion within the condensed phase, and relating these features to viscosity. A comparative analysis between dilute and dense environments reveals a strong dependence on length scale. While residue-level association and dissociation processes occur on similar timescales in both phases, global protein re-configuration and self-diffusion are markedly reduced inside condensates. This decoupling

highlights how rapid intermolecular interactions can coexist with slow collective dynamics at larger scales. Overall, our findings provide a predictive framework linking sequence-encoded interactions and multiscale dynamics to the emergent material properties of complex biomolecular condensates.

References

- [1] N. Galvanetto, M. T. Ivanović, A. Chowdhury, A. Sottini, M. F. Nüesch, D. Nettels, R. B. Best, B. Schuler, *Nature*, 619, 876 (2023).
- [2] A. Borgia, M. B. Borgia, K. Bugge, V. M. Kissling, P. O. Heidarsson, C. B. Fernandes, A. Sottini, A. Soranno, K. J. Buholzer, D. Nettels, B. B. Kragelund, R. B. Best, B. Schuler, *Nature*, 555, 61 (2018).
- [3] S. Kmiecik, D. Gront, M. Kolinski, L. Wieteska, A. E. Dawid, A. Kolinski, *Chemical Reviews*, 116, 7898 (2016).
- [4] E. Pedraza, A. R. Tejedor, Á. S. Zorita, R. Collepardo-Guevara, D. de Sancho, P. Llombart, J. R. Espinosa, *bioRxiv*, DOI: 10.64898/2026.03.27.714715 (2026).
- [5] A. R. Tejedor, A. Aguirre Gonzalez, M. J. Maristany, P. Y. Chew, K. Russell, J. Ramirez, J. R. Espinosa, R. Collepardo-Guevara, *ACS Central Science*, 11, 302 (2025).

*Author for correspondence: jorgerene@ucm.es, pllombar@ucm.es

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.17.

CHITOSAN AND VASCULAR TONE WITH NEW INSIGHTS INTO HAEMOSTATIC BIOMATERIALS

Saeedeh Pouri^{1,2}, Marta Sanz-Gómez², María S, Fernández-Alfonso², Ángeles María Heras Caballero^{1,2} Inmaculada Aranz^{1,2}

¹ *Departamento de Química en Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Plaza Ramón y Cajal S/N, Madrid, 28040, Spain. E-mail: iaranaz@ucm.es*

² *Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Paseo de Juan XXIII, n°1, Madrid, 28040, Spain.*

Severe hemorrhage remains one of the leading preventable causes of death after trauma and surgery, making the development of effective haemostatic materials highly important. Chitosan is widely recognized as a promising haemostatic biomaterial because of its biocompatibility, biodegradability, and low toxicity. Its haemostatic activity has been associated with electrostatic interactions between the positively charged chitosan chains and negatively charged blood cell membranes, promoting erythrocyte aggregation as well as platelet activation and aggregation. Although these mechanisms have been extensively investigated in blood models, the influence of chitosan on vascular function remains poorly understood.

In the present study, the vascular effects of two low-molecular-weight chitosans derived from crustacean shells and squid pens, together with their monomeric subunit's glucosamine and N-acetylglucosamine, were evaluated. The chitosan samples were characterized using UV-Vis spectroscopy, FTIR, GPC, and MALDI-TOF analyses. Vascular responses were studied in isolated rat aortic rings mounted in organ bath systems under controlled experimental conditions.

Neither chitosan sample induced direct vasoconstriction by itself. However, pre-incubation with chitosan significantly enhanced phenylephrine (Phen)-induced contraction and reduced acetylcholine-mediated vasorelaxation, demonstrating increased vascular responsiveness. Similarly, the chitosan subunits also potentiated Phen-induced contraction, with glucosamine producing a stronger effect than N-acetylglucosamine.

Interestingly, crustacean-derived chitosan exhibited a greater vasoactive effect than squid-derived chitosan, despite both materials presenting similar degrees of acetylation. These observations suggest that additional structural characteristics, such as molecular-weight distribution, acetylation pattern, or polymer conformation, may contribute to the differences in vascular activity.

Overall, the findings demonstrate that both chitosan polymers and their monomeric subunits can modulate vascular responsiveness. This vasoactive behavior may complement the established haemostatic properties of chitosan and could contribute to the development of improved chitosan-based haemostatic biomaterials.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.18.

LAYER-BY-LAYER ASSEMBLY AND BIOPHYSICAL CHARACTERIZATION OF HYBRID LIPID–PROTEIN–ANTIBODY FILMS FOR BIOSENSING PLATFORMS

Alexis F. Pecci Genaro^{1,2}, Tomás E. Benavidez^{1,2}, Candelaria I. Cámara^{1,2}, Pablo Mateos-Gil^{3,4,5}, Iván López Montero^{3,4,5}

¹ Instituto de Investigaciones en Físicoquímica de Córdoba (INFIQC), CONICET, Argentina.

² Departamento de Físicoquímica, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.

³ Departamento de Química Física, Universidad Complutense de Madrid, 28040, Madrid, Spain.

⁴ Instituto de Investigación Biomédica Hospital 12 de Octubre (imas12), 28041, Madrid, Spain.

⁵ Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid, Spain.

Email: alexis.pecci@unc.edu.ar

Keywords: Biomimetic membranes, Quartz Crystal Microbalance (QCM), Langmuir trough.

ABSTRACT

Introduction: The development of biomimetic interfaces is pivotal for next-generation biosensors. A promising strategy involves constructing hybrid lipid–protein–antibody systems, where a lipid bilayer serves as a biocompatible scaffold for the oriented anchoring of recognition elements. In this context, *Staphylococcus aureus* Protein A (SpA) is a key molecular adaptor due to its high-affinity, selective binding to the Fc region of immunoglobulin G (IgG), which preserves the accessibility of the Fab region for antigen recognition.

Methodology: This study characterizes hybrid multilayer films composed of a Ni-NTA-functionalized POPC bilayer formed by Large Unilamellar Vesicle (LUV) deposition, His-tagged SpA, and commercial IgG. These films were assembled using a layer-by-layer strategy and monitored via Quartz Crystal Microbalance (QCM). Complementary Langmuir trough studies were carried out using DSPA phospholipids and SpA.

Results: QCM results demonstrated robust binding between SpA/NTA and SpA/IgG, forming compact self-assemblies that follow Langmuir adsorption kinetics with a K_d of 20 nM. Langmuir trough studies revealed that SpA exhibits interfacial activity with maximum compactness at 11 mN/m, suggesting a flexible polymer-like behavior with structured domains. Furthermore, interaction studies with DSPA phospholipids, based on Maximum Insertion Pressure (MIP) values, indicate that SpA primarily undergoes surface adsorption. The protein appears partially localized within the inter-lipid spaces at surface pressures below 20 mN/m, where molecular packing is less dense.

Conclusion: Altogether, these findings provide critical insights into the structural organization of SpA-based sensing interfaces. This work serves as a starting point for further optimization of the binding, stability, and efficacy of modified surfaces for biotechnological applications.

References:

X. Xie, C. Wang, Q. Xiao, Y. Zheng, Y. Li, B. Feng, Anal. Methods 7 (2015) 9018–9025. <https://doi.org/10.1039/C5AY01808K>.

J. Patino-Alonso, J. Cabrera-González, J. Merino, G. Nieto-Ortiz, F. Lasala, J. Katati, C.H.B. Da Cruz, A.K. Monnappa, P. Mateos-Gil, Á. Canales, I. López-Montero, B.M. Illescas, R. Delgado, N, Small 20 (2024) 2307045. <https://doi.org/10.1002/sml.202307045>.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.19.

PARTÍCULAS LIPÍDICAS CARGADAS DE CURCUMINA PARA EL TRATAMIENTO DE HERIDAS CRÓNICAS

Rubén Gil-Gonzalo¹, Inmaculada Aranaz^{1,2}, Niuris Acosta

1,2

1. *Instituto pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, Paseo Juan XXIII, 1, E-28040 Madrid, Spain*
2. *Departamento de Química en Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Farmacia, Universidad Complutense de Madrid, Plaza de Ramón y Cajal s/n, E-28040 Madrid, Spain.*

En la actualidad, aproximadamente entre el 1 % y el 2 % de la población de los países desarrollados padece de heridas crónicas.

La curcumina (Cur), un polifenol natural, ha demostrado ser un compuesto prometedor para la cicatrización de heridas crónicas gracias a sus propiedades antiinflamatorias, antineoplásicas y antioxidantes, entre otras. Sin embargo, la curcumina es muy hidrófoba, por lo que su biodisponibilidad es limitada. Para superar este problema, la curcumina puede encapsularse en partículas lipídicas, como los portadores lipídicos nanoestructurados (NLC).

Las NLC cargadas con curcumina (Cur-NLC) se obtuvieron disolviendo la curcumina en la fase lipídica y mezclándola con la fase acuosa mediante homogeneización de alto cizallamiento y ultrasonidos, seguido de una etapa de congelación a -20 °C. Para optimizar la producción de Cur-NLC, se estudió la influencia de diversas variables, tales como la composición de la fase lipídica, el tipo de tensioactivo, la concentración del tensioactivo, el tiempo de homogeneización, el tiempo de sonicación y el método de enfriamiento.

Para mejorar las propiedades de estas partículas, se recubrieron con quitosano, que posee actividad antihemorrágica y antimicrobiana. Este recubrimiento se obtuvo mezclando gota a gota las Cur-NLC con una solución de quitosano [Chitopharm S (Cognis), número de lote: UPBH7334PR. Mp ≈ 750-800 kDa. Grado de acetilación = 25 %].

El tamaño de las partículas se analizó mediante dispersión dinámica de luz (DLS). La carga superficial de las partículas también se analizó mediante su potencial zeta. Por último, la actividad antioxidante se midió mediante el ensayo DPPH.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.20

RUPTURA DE SIMETRÍA EN LA CRISTALIZACIÓN QUIRAL: LOS FÁRMACOS Y EL ORIGEN DE LA VIDA

Cristobal Viedma

La quiralidad no es solo un rasgo distintivo de la vida, sino también uno de los desafíos más significativos de la química moderna. El hecho de que los sistemas biológicos sean fundamentalmente homocirales dicta que nuestros productos farmacéuticos deban ser igualmente puros para garantizar su eficacia y seguridad.

En la actualidad, la cristalización quiral es una técnica fundamental en la producción tanto de agroquímicos como de fármacos. Resulta de especial interés la cristalización asimétrica de moléculas en cristales enantioméricamente puros en que cada cristal está formado por la misma molécula quiral (conocidos como conglomerados).

El desafío de los compuestos racémicos

Si bien este proceso es altamente efectivo, solo se aplica al 20% de las moléculas quirales que forman tales estructuras conglomerativas de manera natural. El 80% restante de los compuestos quirales representa un obstáculo mucho mayor, ya que cristalizan como compuestos racémicos, en los cuales ambos enantiómeros se integran en la misma red cristalina formando un cristal racémico con ambas moléculas.

Las técnicas de cristalización estándar suelen fracasar al intentar separar estas mezclas racémicas.

En esta presentación, abordaremos esta limitación crítica y propondremos vías para la deracemización de compuestos racémicos, abriendo nuevas rutas para la síntesis farmacéutica y arrojando nuevas ideas para la comprensión del origen de la homociralidad en el origen de la vida.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.21.

SISTEMAS DE LIBERACIÓN CONTROLADA DE FÁRMACOS PARA LA LIBERACIÓN DE ANTIBIÓTICO

Lucía Ruiz-Manzano^{1,2}, Saeedeh Pouri², Camila Pajares^{1,2}, Helmut Reinecke¹, Alberto Gallardo¹, Enrique Martínez-Campos^{1,2}, Carlos Elvira¹

1. Instituto de Ciencia y Tecnología de Polímero (ICTP-CSIC), Madrid, Spain.

2. Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid (UCM), Madrid, Spain.

Introducción

Los sistemas de liberación controlada de fármacos permiten una cinética de liberación sostenida en el tiempo, algo de especial interés en terapia antibacteriana. La encapsulación de estos fármacos en vehículos poliméricos puede aumentar su eficacia y reducir efectos secundarios.

Objetivos

Obtener distintos sistemas poliméricos de liberación controlada de fármacos con la tecnología de CO₂ supercrítico (nanopartículas: NP) y polimerización en suspensión (microgeles: Mg), y evaluar el perfil de liberación del antibiótico Levofloxacino (LVF) y la citocompatibilidad y propiedades antibacterianas de ambos sistemas.

Métodos

Las nanopartículas se sintetizaron mediante tecnología de CO₂ supercrítico y los microgeles mediante polimerización en suspensión. Se analizó la liberación del LVF mediante espectroscopía UV-Vis. Se empleó una línea celular de células endoteliales (C166-GFP) y la evaluación bacteriana se realizaron con *E.coli* (ATCC 25922).

Resultados

Se sintetizaron y caracterizaron nanopartículas de vinil caprolactama (VCL) y copolímeros con vinil acetato (95:5, 90:10) y microgeles de pVCL con un 5%, 10% y 20% de LVF. Posteriormente, se evaluó el perfil de liberación a 37°C y se aseguró su citocompatibilidad con células endoteliales. Finalmente, se cuantificó la capacidad antibacteriana en ensayos tanto en agar como en suspensión bacteriana.

Conclusiones

Se obtuvieron diferentes tipos de nanopartículas con LVF como sistemas de liberación controlada de fármacos. Presentan un comportamineto dependiente de la carga del fármaco, no resultan perjudiciales para células animales y son altamente eficaces en el tratamiento o prevención de infecciones bacterianas. Por ello, son candidatos para futura aplicación clínica en modelos como lesiones cutáneas, pulmonares o urinarias.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.22.

COMPUTATIONAL MAPPING OF REDOX PROCESSES IN CELL RESPIRATION IN ETFDH KNOCKOUT MODEL

Hernándezdel Valle, Raúl; Makowski, Marcin; López-Montero, Iván

Universidad Complutense de Madrid

The amphipatic cofactor quinol (UBQL) diffuses through the inner mitochondrial membrane carrying electrons from Complex I and II to Complex III (CIII). CIII catalyzes the electron exchange between UBQL and cytochrome c1, producing ubiquinone (UBQN). It is known that mutations in the enzyme ETFDH that introduces electrons from the oxidation of fatty acids into the electron transport chain causes alterations in the fatty acid composition of membrane lipids in the mitochondria. What remains unknown is how these alterations in the mitochondrial membrane lipids affect CIII functionality. In this project we study how the variation in the fatty acid profile of cardiolipins (CL)—a characteristic lipid of the mitochondrial membrane—affect the conformational stability of CIII, as well as the interactivity between of this complex with its substrates (UBQL/UBQN). We have observed that different types of cardiolipins penetrate the interior of CIII to varying extents depending on their fluidity. This differential penetration influences the interaction between the substrate UBQN/UBQL and CIII. Finally, the conformational stability of CIII was also found to be altered by changes in the lipid environment. These findings may help us understand the role of ETFDH dysfunction in health and disease.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:3

P.23.

DETERMINATION OF NUCLEOTIDE-NUCLEOTIDE AND NUCLEOTIDE-AMINO ACID BINDING INTERACTIONS FROM ALL-ATOM POTENTIAL-OF-MEAN-FORCE CALCULATIONS

Alejandro Feito¹, Eduardo Pedraza¹, Estefanía Cuesta¹, Alejandro Castro¹, Antonio Rey¹, Ignacio Sánchez-Burgos², Rosa Colleparado-Guevara^{2,4,5}, Andrés R. Tejedor², Jorge R. Espinosa^{1,2,3,5}

¹Department of Physical Chemistry, Universidad Complutense de Madrid, Av. Complutense s/n, Madrid 28040, Spain. ²Yusuf Hamied Department of Chemistry, University of Cambridge, Lensfield Road, Cambridge CB2 1EW, UK. ³Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, P.º de Juan XXIII, 1, 28040 Madrid, Spain. ⁴Department of Genetics, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge CB2 3EH, UK. ⁵PhAslca Biosciences S.L, Calle Velázquez, 27, 28001 Madrid, Spain.

Introduction: Biomolecular condensates emerge from multivalent interactions between proteins and nucleic acids and are frequently modelled using coarse-grained molecular dynamics simulations. The parametrization of these models critically depends on atomistic data describing the underlying molecular interactions. Objective: In this work, we employ all-atom molecular dynamics simulations and potential-of-mean-force (PMF) calculations to investigate the interaction landscape between RNA nucleotides and protein amino acids. Methods: We characterize nucleotide–nucleotide binding modes through canonical base-pairing analysis using the AMBER03ws and CHARMM36 force fields. PMFs are calculated for ribose–ribose, phosphate–phosphate, and RNA tertiary interactions such as G-quadruplex formation, also evaluating the effect of salt concentration. The analysis is extended to amino acids, benchmarking AMBER03ws and a99SB-disp force fields for pairwise interactions and computing nucleotide–amino acid binding profiles. Results: A subset of amino acids—Lys and Arg (positively charged), Asp and Glu (negatively charged), and Gln, Ser and Asn (polar residues)—consistently engage with nitrogenous bases, primarily through hydrogen bonding and cation– π interactions. Strong π – π stacking interactions with aromatic residues and phosphate–Arg contacts are identified as key contributors to cohesion in RNA–protein condensates. Conclusions: Our comprehensive analysis provides a detailed library of nucleotide–amino acid interactions, offering quantitative insights to inform coarse-grained model parametrization and deepening the understanding of condensate self-assembly, nucleic acid recognition, and phase-separation regulation at submolecular scale.

Sesión de pósteres – 15:00 – 16:30

P.24.

MODIFICACIONES SOBRE LA ESTRUCTURA Y RESISTENCIA ÓSEA EJERCIDAS POR EL APORTE DE PREBIÓTICOS EN DIETAS CON DIFERENTE CONTENIDO DE CALCIO Y VITAMINA D

Zeni Coronel EM¹, Longo M¹, Gómez A², Vázquez D², Seijo M¹

(1) Laboratorio de Osteopatías Metabólicas, Instituto de Inmunología, Genética y Metabolismo (INIGEM), CONICET-UBA-Hospital de Clínicas. Av. Córdoba 2351 (C1120), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

(2) Cátedra de Diagnóstico por imágenes, Universidad de Buenos Aires, Facultad de Odontología. Marcelo T de Alvear 2142 (C1122), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Introducción/objetivos: Los prebióticos favorecen la absorción de Calcio (Ca) y su retención en hueso. La vitamina D (VD) afecta positivamente tanto la absorción de Ca como la mineralización del tejido.

Métodos: Ratas Wistar adultas OVX fueron alimentadas con una dieta comercial durante 15 días post OVX y posteriormente divididas en grupos con dieta AIN'93-M variando el contenido de VD 100UI% o 0UI% (+D y -D), Ca 0.5% o 0.3% (Ca normal o bajo) y mezcla prebiótica (MP) de GOS/FOS (2.5%MP o 0%MP) dando lugar a 8 grupos: +D0.5; -D0.5; +D0.3;-D0.3; MP+D0.5; MP-D0.5; MP+D0.3; MP-D0.3. Al finalizar se determinó en fémur la densidad mineral ósea por DEXA (DMOft), volumen óseo (BV/TV), separación trabecular (Tb.Sp) y número de trabéculas (Tb.N) por micro-CT y fuerza máxima de fractura (Fmax).

Resultados: El déficit de Ca (0.3%) y VD en los grupos sin MP provocó un deterioro crítico de la microarquitectura y resistencia ósea. Al incorporar la MP se logró aumentar los valores de ftDMO, BV/TV, Tb.N y disminuir Tb.Sp en todos los grupos. Se destaca que, en condiciones de doble deficiencia (MP-D0.3), el aporte de MP mejoró significativamente la ftDMO y Fmax respecto del grupo -D0.3, alcanzando niveles comparables a los del grupo control (+D0.5).

Conclusión: La MP optimiza la microarquitectura y mecánica del hueso, corrigiendo parcialmente las deficiencias nutricionales de Ca y VD, actuando como factor protector óseo.