

LIBRO DE ABSTRACTS



**MICROCHARLAS SELECCIONADAS
II CEEBI**

**DEL 18 AL 21 DE JULIO DE 2023
UNIVERSIDAD DE GRANADA**

II CONGRESO ESTATAL DE ESTUDIANTES DE BIOCIENCIAS (CEEBI)

El **II CEEBI** se llevó a cabo con la intención de ser punto de encuentro para todos los estudiantes de Biociencias del país interesados en la investigación, la ciencia, el pensamiento crítico y la divulgación científica.

Entre los objetivos del congreso, podemos destacar el promover una formación integral y complementaria a los planes oficiales de estudio de las diferentes universidades del país, impulsar la actitud crítica y participativa así como la cooperación de estudiantes, y ser nexo de unión entre estudiantes y empresas del ámbito de las biociencias.

ASOCIACIÓN GRANADINA DE ESTUDIANTES DE BIOCIENCIAS (AEBI)

El Congreso Estatal de Estudiantes de Biociencias (CEEBI) surge de un grupo de jóvenes estudiantes de la Universidad de Granada con la idea de ofrecer una formación complementaria de una manera divertida y amena para todos aquellos estudiantes de carreras relacionadas con las Biociencias, tales como Biología, Bioquímica, Biotecnología, Biomedicina, Ciencias Ambientales y muchas otras.

**DEL 18 AL 21 DE JULIO DE 2023
UNIVERSIDAD DE GRANADA**

CONCURSO DE MICROCHARLAS

COMITÉ EVALUADOR:

Alegría Carrasco Pancorbo

Departamento de Química Analítica de la Universidad de Granada

Mónica Jiménez Carretero

Departamento de Microbiología de la Universidad de Granada

Alberto Sola Leyva

Departamento de Bioquímica y Biología Molecular de la Universidad de Granada

GANADORES:

1º PREMIO: Sara Natalia Jaroszewicz

- Nuevo papel de DELE1 en la dinámica mitocondrial ----- página 29

2º PREMIO: Nadia León Recio

- Transformación de *Aspergillus niger* utilizando el sistema CRISPR-Cas9 y complejo RNP exógeno ----- página 23

3º PREMIO: Andrea Moreno Revuelta

- *Caenorhabditis elegans* como modelo subrogado para la evaluación de características probióticas de microorganismos ----- página 19

PREMIO ACCÉSIT: Sofía Jiménez de Ocaña

- Validación de marcadores de diseminación tumoral en cáncer colorrectal metastásico: Análisis funcional de TMD2 ----- página 22

ÍNDICE

MICROCHARLAS TURNO 1:

- Uso de hongos endófitos para la mejora de rendimientos en agricultura sostenible ----- página 08
- Optimización de simulaciones de dinámica molecular a través de la computación de altas prestaciones ----- página 09
- Efecto de las ondas complejas periódicas en el desarrollo del glioblastoma ----- página 10
- Evaluación preclínica del mecanismo de acción alucinógeno inducido por psilocibina ----- página 11
- ¿El ciclismo afecta a la calidad seminal? ----- página 12
- Descifrando los entresijos moleculares de la Dinámica Molecular a través de ASGARD ----- página 13
- Integrando la genética y la ecología para comprender los procesos de adaptación ----- página 14
- Visualizing Molecular Impact: Understanding the Role of Substructures in Drug Activity Prediction ----- página 15

ÍNDICE

MICROCHARLAS TURNO 2:

- Crecer órganos en una placa: el uso de organoides, ¿realidad o futuro? ----- página 16
- La respuesta humana ante el miedo: Fisiología y conducta ----- página 17
- De la heterodimerización a la regulación del comportamiento del pez cebra ----- página 18
- Optimización de la producción de extracto de una cepa de *Alternaria sp.* aislada de *Bethencourtia Palmensis* para su aplicación como bioplaguicida ---- página 19
- *Caenorhabditis elegans* como modelo subrogado para la evaluación de características probióticas de microorganismos ----- página 20
- Controlando la frescura, sensores para envasado inteligente en la industria alimentaria ----- página 21
- Validación de Marcadores de Diseminación Tumoral en el Cáncer Colorrectal Metastásico: Análisis Funcional de TMOD2 ----- página 22
- Transformación de *Aspergillus niger* utilizando el sistema CRISPR-Cas9 y complejo RNP exógeno ----- página 23

ÍNDICE

MICROCHARLAS TURNO 3:

- Estudio genético y funcional del efecto de un polimorfismo PIWIL4 en la susceptibilidad a patrones extremos de infertilidad masculina ----- página 24
- Cándida como agente etiológico de la meningitis ----- página 25
- Revisión del sistema inmune y sus compromisos ecológicos en anfibios ----- página 26
- Efecto del hábitat, tamaño de la nidada y edad de los pollos de herrero común sobre la infestación por dípteros del género *Simulium*. ----- página 27
- Tecnología innovadora de sesgos reducidos (*Doble Tailing Trap*) para miRNA-seq ----- página 28
- Nuevo papel de DELE1 en la dinámica mitocondrial ----- página 29
- Estudio conductual de un modelo doble de esquizofrenia en rata y del papel de la homeoproteína OTX2 sobre células PV en la corteza prefrontal ----- página 30
- Plásticos en la dieta y su efecto en la microbiota ----- página 31

ABSTRACTS



**II CONGRESO ESTATAL DE ESTUDIANTES
DE BIOCIENCIAS (CEEBI)**

Uso de hongos endófitos para la mejora de rendimientos en agricultura sostenible

Eric Torres García. Colaboradores: Soledad Sacristán Benayas y Sandra Díaz González.
Grado en Biotecnología de la Universidad Politécnica de Madrid. Grupo Factores ecológicos y moleculares implicados en el endofitismo y la patogénesis de hongos del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas.

RESUMEN:

La necesidad de asegurar la seguridad alimentaria y de adecuar las prácticas agrícolas a las crecientes exigencias medioambientales son dos preocupaciones crecientes en agricultura. Ante un contexto donde la población global continúa incrementándose cada año, y en el que la sostenibilidad de las actividades económicas juega un papel cada vez más importante, surgen nuevas alternativas biotecnológicas para hacer frente a tales desafíos. El uso de microorganismos, como hongos micorrícicos o bacterias promotoras del crecimiento, han sido soluciones comúnmente exploradas en los últimos años. Sin embargo, menos atención se ha prestado a los hongos endófitos. Algunos de estos, como *Colletotrichum tofieldiae*, pueden establecer relaciones mutualistas con la planta modelo en investigación, *A. thaliana*, incrementando su peso seco y número de silicuas, de acuerdo con investigaciones recientes. Sin embargo, de cara a su uso comercial en agricultura, es interesante estudiar el efecto en especies de interés agronómico y condiciones de campo. Se expone a continuación un estudio en el que se ha ensayado la capacidad de *Colletotrichum tofieldiae* de mejorar rendimientos en cultivos comerciales, demostrando el potencial del uso de los hongos endófitos en agricultura sostenible.

PALABRAS CLAVE: Biotecnología agrícola, hongos endófitos, agricultura sostenible, bioinoculantes, seguridad alimentaria.

Optimización de simulaciones de dinámica molecular a través de la computación de altas prestaciones

Miguel Carmena-Bargueño. Colaboradores: Carlos Martínez-Cortés, Antonio Jesús Banegas-Luna, Horacio Pérez-Sánchez.

PhD Structural Bioinformatics and High Performance Computing Research Group (BIO-HPC) HiTech Innovation Hub, Universidad Católica de Murcia.

RESUMEN:

Las simulaciones de dinámica molecular (MD) es una herramienta que permite simular sistemas biológicos y su comportamiento a lo largo del tiempo. De esta manera se puede predecir como afectaría un determinado fármaco al interacción con una proteína cuya actividad está alterada. Esta técnica permite encontrar el mejor compuesto dentro de una librería de fármacos evaluando las interacciones producidas entre la proteína y el compuesto, además de predecir la estabilidad tanto del compuesto como de la proteína. Sin embargo, dado que estas técnicas requieren de mucha potencia de cálculo es necesario combinar las MD con la computación de altas prestaciones (HPC). Hay varios motores de MD como GROMACS, AMBER o CHARMM, desafortunadamente la mayoría de ellos requieren usuarios expertos para ser ejecutados. Sin embargo, Maestro-Desmond es un software que permite lanzar MD a través de una interfaz gráfica, aunque solamente permite lanzar una dinámica a la vez. Por ello, nuestro grupo ha creado una herramienta llamada TOLEDO (Throughput Optimization of Ligand-Protein systems Exploration throug Dynamics simulation in Optimized HPC systems), esta herramienta permite lanzar automáticamente y de forma paralela múltiples MD de larga duración (>1000ns) además de realizar el análisis al finalizar la dinámica. Esta herramienta se ha testado y en este trabajo se muestra su eficacia y uso.

PALABRAS CLAVE: Maestro-Desmond, Drug Discovery, Molecular Dynamics, Virtual Screening, High-Performance Computer, Structural Bioinformatic.

Efecto de las ondas complejas periódicas en el desarrollo del glioblastoma

Anna Sofía Castells Nieto. Colaboradores: Sergio Casas Tintó
Máster en Neurociencias de la Universidad Autónoma de Madrid. Instituto de Salud Carlos III.

RESUMEN:

El glioblastoma (GB) es el tumor más común y agresivo del sistema nervioso central según la Organización Mundial de la Salud (OMS), con una media de supervivencia de 14 meses tras el diagnóstico. Este tumor se origina a partir de células gliales neoplásicas que emiten unas protuberancias de membrana llamadas microtubos tumorales (MT) que garantizan la supervivencia del tumor, siendo responsables del fracaso de los tratamientos actuales frente al glioma: quimioterapia con radioterapia.

Se ha visto que la combinación de la quimioterapia con otras terapias es capaz de incrementar la supervivencia de los pacientes con GB. En este trabajo se estudia la aplicación de las ondas complejas periódicas, o música, como posible terapia alternativa. Las ondas sonoras son un tipo de estrés mecánico discontinuo capaz de alterar la fluidez de la membrana. Planteamos la hipótesis de que frecuencias altas contraen la bicapa de fosfolípidos de los MT, pudiendo disminuir la endocitosis del Recetor del Factor de Crecimiento Epidérmico (EGFR) y, por tanto, disminuir esta ruta de señalización constitutivamente activa en el GB.

Para el desarrollo de este proyecto se ha empleado a *Drosophila melanogaster* como modelo. Los resultados obtenidos sugieren que el 1o movimiento de la Sonata op.27 no 2 de Beethoven y el Arabesque 1 de Debussy retrasan el desarrollo del GB y disminuyen su proliferación glial mediante la reducción de la señal de EGFR y de la expresión de los receptores de dopamina, neurotransmisor que a su vez influye en la ruta de señalización de EGFR. Además, la exposición al Arabesque 1 de Debussy incrementa la supervivencia en los individuos con GB. Por otro lado, la exposición a estas dos piezas musicales acelera el desarrollo de los individuos controles sin alterar el número de células gliales.

PALABRAS CLAVE: Glioblastoma, ondas sonoras, música, EGFR, DA, *Drosophila melanogaster*.

Evaluación preclínica del mecanismo de acción alucinógeno inducido por psilocibina

Leyre Salinas Novoa. Colaboradores: Inés Erkizia-Santamaría, Nerea Martínez-Álvarez, J. Javier Meana, Jorge E. Ortega.

Grado en Farmacia de la Universidad del País Vasco. Departamento de Farmacología de la Universidad de País Vasco, Centro de Investigación Biomédica en Red de Salud Mental, Instituto de Salud Carlos III, Instituto de Investigación Sanitaria Biobizkaia de Barakaldo.

RESUMEN:

El efecto alucinógeno mediado por los agonistas de los receptores de serotonina 5-HT_{2A} puede ser modulado por la concentración sináptica de serotonina (5-HT). Se ha identificado en modelos animales que la respuesta alucinógena evaluada mediante la prueba de torsión de la cabeza (*head-twitch response*, HTR) presenta una relación inversa con los niveles de 5-HT sinápticos. Además, la activación de los receptores de serotonina 5-HT_{1A} produce un efecto inhibitorio sobre dicha respuesta. Por el contrario, los receptores de serotonina 5-HT_{2C} no parecen modular la respuesta HTR.

PALABRAS CLAVE: Esquizofrenia, psilocibina; serotonina; head-twitch response; receptor de serotonina 5-HT_{2A}, 5HT_{2AR}; receptor de serotonina 5-HT_{1A}, 5HT_{1AR}; receptor de serotonina 5-HT_{2C}, 5HT_{2CR}.

¿El ciclismo afecta a la calidad seminal?

Ana Benza. Colaboradores: Sergio Fuster.
Grado en Biología de la Universidad de Alicante.

RESUMEN:

El número de parejas con problemas de fertilidad en el mundo es cada vez mayor, por ello es importante estudiar cada uno de los factores que pueden afectar a la fertilidad de las personas. Se asocia un 40% de los problemas de reproducción al hombre, otro 40% a la mujer y un 20% a un origen desconocido. En estos porcentajes se ve reflejada la influencia de los hábitos de vida, como la dieta, el estrés, el deporte y otros. El ciclismo es un deporte que cada vez es más practicado. En el mundo un 28,4% de la población es ciclista, siendo 3 veces más hombres que mujeres. Además, con el aumento de las Zonas de Bajas Emisiones y la preocupación por la sostenibilidad, cada vez hay más usuarios de la bicicleta, siendo en España un 57,1% de los residentes. Por todo ello es importante preguntarse cómo afecta el ciclismo a la calidad seminal. Maleki y Tartibian (2014) hicieron un estudio en el que analizaron la influencia del ciclismo intenso en la calidad seminal de deportistas de élite cuya calidad seminal inicial era muy buena, observando como resultado valores fuera de lo normozoospermico (valores que se asocian a personas con problemas de fertilidad). Esta charla se centra en los resultados obtenidos por los dos investigadores en su artículo y en los factores que han provocado la disminución de la calidad seminal en los individuos analizados (siendo estos factores el calor, la fricción y el exceso de deporte).

PALABRAS CLAVE: espermatozoides, eyaculado, ciclistas, deporte intenso, influencia.

Descifrando los entresijos moleculares de la Dinámica Molecular a través de ASGARD

Alejandro Rodríguez Martínez. Colaboradores: Jochem Nelen, Miguel Carmena-Bargueño, Carlos Martínez Cortés, Irene Luque, Horacio Pérez-Sánchez.

PhD Structural Bioinformatics and High Performance Computing Research Group (BIO-HPC) HiTech Innovation Hub, Universidad Católica de Murcia. Departamento de Química Física, Instituto de Biotecnología y Unidad de Excelencia de Química aplicada a Biomedicina y Medioambiente de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

En los últimos años, tanto la Química Computacional como la Bioinformática se han convertido en pilares fundamentales dentro del campo de descubrimiento de fármacos y de otros compuestos bioactivos. A la hora de buscar un compuesto con una bioactividad concreta, las diferentes metodologías computacionales de las que se disponen actualmente nos permiten filtrar entre librerías de miles, e incluso millones, de moléculas para finalmente obtener un número reducido de posibles hits. No obstante, aunque estas técnicas nos permiten descartar una gran cantidad de compuestos, son métodos estáticos donde no conocemos ni la evolución real del sistema a lo largo del tiempo ni los mecanismos moleculares que tienen lugar entre el posible fármaco/molécula y su diana. Para ello, se hace uso de la Dinámica Molecular, que nos permite una simulación más precisa y un mayor entendimiento molecular de lo que está ocurriendo. La Dinámica Molecular (MD, en inglés Molecular Dynamics) es una técnica ampliamente utilizada en el campo de descubrimiento de fármacos y en la Bioinformática Estructural para estudiar el movimiento de las moléculas. Este método realiza simulaciones de la dinámica de biomoléculas en disolución acuosa durante un determinado intervalo de tiempo (normalmente entre 100 y 1000 nanosegundos). El proceso tiene en cuenta distintas características moleculares e investiga las conformaciones alternativas de la proteína o biomolécula implicada. Existe una amplia gama de software para realizar este tipo de simulaciones, cada uno con características específicas. Entre todos los motores de MD, GROMACS es el paquete de software libre y de código abierto más popular. Dentro de estas simulaciones de Dinámica Molecular, el análisis posterior es una parte esencial para verificar que la simulación tenga validez biológica y obtener resultados sobre el sistema, por ejemplo, la búsqueda de interacciones clave entre un fármaco y la proteína diana, o comprender la flexibilidad en la estructura de una proteína al unirse a una determinada molécula. Sin embargo, analizar los archivos generados por GROMACS puede ser un proceso complicado, especialmente para usuarios sin experiencia trabajando en línea de comandos y en programación. Por ello, hemos desarrollado una alternativa llamada ASGARD, una herramienta que nos permite analizar simulaciones de GROMACS y generar un informe del análisis de forma automática (<https://github.com/bio-hpc/ASGARD>). Esta herramienta está desarrollada para ejecutarse en un sistema Linux y programada en su mayor parte en Python. De esta forma, ASGARD está diseñada para simplificar el proceso dentro de las simulaciones de MD, permitiendo que los usuarios ejecuten el análisis a través de una única línea de comando en lugar de incluir y usar cada uno de los comandos de GROMACS individualmente. Además, ASGARD contiene varios módulos que calculan distintos aspectos esenciales de la simulación, como la estabilidad del sistema, flexibilidad e interacciones proteína-ligando. ASGARD también genera automáticamente un informe final de todos estos análisis, lo que permite comprender las interacciones moleculares y los cambios estructurales del sistema estudiado. Para probar la utilidad y eficacia de ASGARD, este software ha sido sometido a diferentes casos, produciendo de manera generando resultados que concuerdan con los experimentales. De esta forma, en primer lugar, ASGARD se testeó la herramienta con los tutoriales indicados en el propio sitio web de GROMACS (<http://www.md-tutorials.com/gmx/>) donde se indican los pasos para ejecutar una MD (en los sistemas de lisozima en agua y el complejo lisozima-2-propilfenol). Posteriormente, después de verificar que estos análisis funcionan correctamente en ambos casos, simulamos el sistema de la proteasa principal del SARS-CoV2 (MPro) con el fármaco antiviral desarrollado por Pfizer, Paxlovid™, donde estudiamos las interacciones proteína-ligando que tienen lugar y los cambios en el sistema. Por tanto, con estos casos de estudio, hemos demostrado que ASGARD es capaz de analizar simulaciones de Dinámica Molecular en GROMACS automáticamente y con resultados positivos, creando además un informe con todos los resultados obtenidos.

PALABRAS CLAVE: Bioinformática – Química computacional – Descubrimiento de fármacos – Dinámica Molecular – Análisis

Integrando la genética y la ecología para comprender los procesos de adaptación

Jorge Garrido Bautista.

PhD Departamento de Zoología, Universidad de Granada.

RESUMEN:

La heterogeneidad espacial propia de muchos ecosistemas hace que existan hábitats óptimos y sub-óptimos para las especies. Para afrontar las presiones selectivas de cada hábitat, las poblaciones deben adaptarse para mantener constante su éxito reproductor. La enorme variedad de hábitats del Parque Nacional de Sierra Nevada ofrece una oportunidad única para testar diferentes hipótesis relacionadas con la adaptación local, es decir, si las poblaciones maximizan su éxito reproductor en cada tipo de hábitat. Mi investigación usa la genética y la ecología para tratar de responder a la pregunta de por qué el éxito reproductivo de una especie (herrerillo común, *Cyanistes caeruleus*) es tan diferente entre tipos de bosque. En concreto, trato de averiguar por qué las hembras de una loma montañosa exhiben un tamaño de puesta tan distinto de las hembras de la loma opuesta. Usando ciertos marcadores genéticos se puede conocer la divergencia reciente de las poblaciones: los herrerillos de una loma son genéticamente distintos a los de la loma opuesta, es decir, llevan decenas de años (o cientos) sin cruzarse. La ecología apunta en la misma dirección: el tamaño de puesta difiere entre lomas porque la selección natural está favoreciendo dos fenotipos distintos, ya que las presiones selectivas de cada loma no son iguales. Estos resultados muestran que la selección natural puede operar a escalas espaciales y temporales muy pequeñas, provocando la divergencia de poblaciones naturales en pocas generaciones.

PALABRAS CLAVE: Adaptación local, éxito reproductor, estructura genética, divergencia fenotípica, *Cyanistes caeruleus*.

Visualizing Molecular Impact: Understanding the Role of Substructures in Drug Activity

Jochen Nelen. Colaboradores: Miguel Carmen Bargaño, Carlos Martínez Cortés, Alejandro Rodríguez Martínez, Antonio Jesús Banegas Luna, Alfonso Pérez Garrido, José Manuel Villalgorido Soto, Horacio Pérez Sánchez
hD Structural Bioinformatics and High Performance Computing Research Group (BIO-HPC) HiTech Innovation Hub, Universidad Católica de Murcia. Eurofins Villapharma Research, Murcia.

RESUMEN:

The development of novel drugs comes with high costs and generally low success rates (1). Virtual screening techniques have emerged as a promising solution, but there is still much room for improvement in terms of accuracy and efficiency. Different types of virtual screening exist, including structure-based, ligand-based and machine learning-based approaches (2). Structure- and ligand-based techniques have been applied routinely in many contexts for quite some time, but screening using machine learning has only recently seen a big rise in both popularity and efficacy. To train a machine learning model using bio-activity data, molecular structures need to be represented in a way that can be interpreted by a computer. This is typically achieved by converting them into molecular fingerprints or descriptors. Molecular fingerprints serve as an identifier for a molecule's structure, and there are various approaches to encoding its features into a fingerprint, such as MACCS keys (3), Pubchem substructure fingerprints (4), or extended connectivity fingerprints (ECFPs) (5). Traditionally, these molecular fingerprints were mainly used for searching similar molecules in databases, but they also make for an effective way to represent molecular structures in a machine learning context, since compounds with similar structures tend to have similar fingerprints. Many different machine learning models exist: from simple linear regression models and decision trees to advanced artificial neural networks. Some of these more advanced methods can result in really accurate models, however one disadvantage is that they usually are considered to work like a "black box" (6). This means that it is often not trivial to understand why the model makes certain decisions.

Recently, novel methods have been developed which are able to give more insight into these "black box" models. Interpretation techniques such as Shapley (7) and LIME (8) can indicate the impact that certain inputs have. When the molecular fingerprints used for the training of the model are substructure based, such as the MACCS keys or the Pubchem substructure fingerprint, these interpretation techniques can directly show the effect that the presence or absence of certain substructures in the molecules can have on its predicted activity. This knowledge in turn can aid in the development of more potent inhibitors. The training of machine learning models and the subsequent application of interpretation techniques can easily and quickly be accomplished using Sibila (9), a command-line tool which has been developed in-house. To increase the reliability of the interpretation techniques, different machine learning models, including artificial neural networks, random forests and XGBoost models, are trained using the datasets. After training these various models, different interpretation techniques such as the aforementioned LIME and Shapley are applied. In order to arrive at a consensus, the input features that have the highest impact are identified by considering the interpretation results of all the different models. A visualization script was also developed in order to better illustrate the substructures and their predicted effects on the compound's bioactivity. In conclusion, machine learning-based virtual screening methods have shown great potential in aiding with the discovery of novel drugs. By using molecular fingerprints and interpretation techniques, we can gain insights into and visualize the impact of specific substructures on the compound's inhibitory activity. This in turn can aid in the development of more potent and specific inhibitors. The use of multiple machine learning models and interpretation techniques can increase the reliability of our findings. With the development of tools like Sibila, the training and interpretation of these models has become more accessible than ever before. In previous projects we have demonstrated that these tools can aid in the discovery of novel chemotypes in different drug discovery contexts. We hope that these insights can also guide other researchers in chemical sciences to uncover novel chemistries and to develop more potent drugs.

PALABRAS CLAVE: Drug discovery · Machine learning · Interpretability · Molecular fingerprints · Virtual Screening

Crecer órganos en una placa: el uso de organoides, ¿realidad o futuro?

Jorge Mañes García. Colaboradores: Leonardo Beccari.

Estudiante de Máster de la Universidad Autónoma de Madrid. MSc Molecular Biomedicine y Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CBMSO).

RESUMEN:

En los últimos años han surgido diversas tecnologías de cultivos organotípicos tridimensionales que desafían con sustituir a la experimentación animal, imitando la estructura tisular de ciertos órganos del cuerpo. Los organoides son uno de dichos cultivos, generados a partir de células madre embrionarias o inducidas (iPS), las cuales son capaces de auto agregarse, recapitulando las dinámicas de diferenciación celular y morfogénesis análogas a las que ocurren *in vivo*. De esta manera, es posible utilizar célula iPS humanas para estudiar aspectos de la biología de nuestra especie, previamente fuera de nuestro alcance. A pesar de las limitaciones de este sistema, los organoides han ganado relevancia en la ciencia debido a la facilidad que presentan para la modificación genética y adquisición de imagen; así como la posibilidad de estudiar fenómenos que ocurren durante el desarrollo humano o la carcinogénesis. En esta charla, se discutirá acerca de estos cultivos tridimensionales y se expondrán las cuestiones aquí resumidas, centrándose en el uso de organoides cerebrales humanos.

PALABRAS CLAVE: organoides, elementos cis-regulatorios, transgenesis, experimentación animal, evolución

La respuesta humana ante el miedo: Fisiología y Conducta

Ana Díaz Norris.

Grado en Biotecnología de la Universidad Politécnica de Madrid.

RESUMEN:

El ser humano es la única especie en el mundo capaz de aprender el miedo no solo por experiencia, sino también por instrucción. Los miedos rigen nuestras decisiones y comportamientos, y en ocasiones nos hacen perder el control racional de nuestro encéfalo y sucumbir ante el secuestro de la amígdala. El origen del miedo es puramente evolutivo; un mecanismo de defensa ante el peligro, que se detecta en la amígdala y provoca la activación del eje HPA. Las glándulas suprarrenales liberan adrenalina y cortisol, que activan el sistema nervioso simpático y provocan todos los síntomas asociados con el miedo (aumento de presión arterial y frecuencia cardíaca, pupilas midriáticas, dilatación de los vasos sanguíneos, etc.).

PALABRAS CLAVE: amígdala, hipotálamo, glándula pituitaria, adrenalina, cortisol.

De la heterodimerización a la regulación del comportamiento del pez cebra

Valentina Canino Avilés. Colaboradores: Marcel Schaaf y Erin Faught
PhD Departamento de Animal Science en el Instituto de Biología de Leiden (IBL) de Leiden University.

RESUMEN:

El estrés provoca un aumento de hormonas clave, como los glucocorticoides (GC), que facilitan cambios fisiológicos para mantener la homeostasis. El principal GC, tanto en peces como en humanos, es el cortisol, que ejerce sus funciones a través de receptores de corticosteroides (RC), concretamente, receptores de glucocorticoides (GR) y mineralocorticoides (MR). Tras la unión al GC, cada RC se transloca al núcleo, se homodimeriza (GR: GR y MR: MR) y se une a elementos de respuesta en genes diana, según el modelo clásico de activación de GR y MR. Sin embargo, ambos se unen a sitios idénticos de unión al ADN y comparten un 96% de identidad estructural y de secuencia. Por lo tanto, es posible que el GR y el MR interactúen como heterodímeros, aunque se desconoce su importancia biológica. Se cree que GR y MR interactúan formando enlaces iónicos entre regiones complementarias de sus dominios de unión al ADN. Mi hipótesis durante este proyecto ha sido que la heterodimerización de MR y GR es necesaria para inducir o silenciar genes específicos. He utilizado mutantes de puentes salinos que alteran dos aminoácidos clave que estabilizan la heterodimerización.

PALABRAS CLAVE: estrés, cortisol, receptores nucleares, mutantes, dimerización.

Optimización de la producción de extracto de una cepa de *Alternaria sp.* aislada de *Bethencourtia palmensis* para su aplicación como bioplaguicida.

William Alejandro Useche Pacheco. Colaboradores: Nicolás Reyes Castillo, Jorge Rojas, Carmen E. Díaz, María Fe Andrés, Azucena González Coloma.

Grado en Biología de la Universidad Complutense de Madrid. Instituto de Ciencias Agrarias-CSIC e Instituto de Productos de Productos Naturales y Agrobiología-CSIC.

RESUMEN:

Ante la necesidad de aumentar la producción de alimentos, la producción de plaguicidas adquiere una importancia fundamental. Las restricciones cada vez mayores impuestas por la Unión Europea a los plaguicidas sintéticos y sus efectos perjudiciales para la salud humana y el ecosistema han impulsado la búsqueda y producción de compuestos bioplaguicidas, los cuales se presentan como una alternativa para reemplazar a los primeros. Esta búsqueda de compuestos nos lleva a las Islas Canarias, una región con una gran biodiversidad donde se encuentra la planta endémica *Bethencourtia palmensis*, que ha sido identificada como portadora de hongos endófitos capaces de producir metabolitos secundarios con propiedades bioplaguicidas. Para mejorar la eficacia de estos metabolitos, se realizará un estudio de los factores significativos en las variables críticas, seguido de una optimización basada en diseños de superficie de respuesta.

PALABRAS CLAVE: *Bethencourtia palmensis*, hongo endófito, optimización, bioplaguicida, metabolitos secundarios.

***Caenorhabditis elegans* como modelo subrogado para la evaluación de características probióticas de microorganismos**

Andrea Moreno Revuelta

Máster Universitario en Investigación Traslacional y Medicina Personalizada (TransMed) de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

En este estudio se ha utilizado *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*) como modelo subrogado para evaluar la seguridad, toxicidad y potencial biotecnológico de dos cepas recientemente aisladas; *Bacillus pumilus* GG-22 (*B. pumilus*) y *Pseudomonas fluorescens* PV-8 (*P. fluorescens*), a través del estudio de la supervivencia de estos nematodos. Como control se utilizó la cepa canónica *Escherichia coli* OP50 (*E. coli*). Los resultados mostraron un efecto negativo de la cepa de *P. fluorescens* sobre el crecimiento y la supervivencia de *C. elegans*, y por tanto se podría considerar un potencial patógeno. Sin embargo, *B. pumilus* tuvo un efecto similar en el crecimiento de *C. elegans* a la de la cepa control.

PALABRAS CLAVE: *C. elegans*, *P. fluorescens*, *B. pumilus*, longevidad, supervivencia, bioseguridad

Controlando la frescura, sensores para envasado inteligente en la industria alimentaria.

M^a Angustias Torres-Molina Jiménez. Colaboradores: Isabel M. Pérez de Vargas Sansalvador, Miguel M. Erenas,, Luis Fermín Capitán Vallvey.

Máster en Biotecnología de la Universidad de Granada. Departamento de Química Analítica de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

Hoy en día, la forma más habitual de presentar alimentos es envasados, siendo misión del envase el aislar los productos de la atmósfera exterior y cumplir otras funciones de comunicación, conveniencia y contención. En respuesta a las nuevas necesidades, el envasado tradicional de alimentos ha llevado a un envasado inteligente, que además de cumplir las otras funciones, es capaz de proporcionar información sobre el producto o extender su vida útil. Para ello, es necesario incorporar dispositivos como son los sensores de gases, capaces de informar al usuario del estado de los mismos mediante el monitoreo de ciertos gases diana que se pueden correlacionar con el contenido microbiano. El amoniaco es un gas incoloro indicador de deterioro al ser un producto de degradación microbiana, por lo que a medida que pase el tiempo aumentará la cantidad de amoniaco presente. Es por ello por lo que, para detectarlo, analizamos distintos tipos de indicadores colorimétricos, tanto naturales como sintéticos, que son inocuos y biocompatibles. Estudiamos la variación colorimétrica de las coordenadas RGB y HSV a distintas concentraciones de amoniaco, en un rango entre 0-25 ppm, probando también distintas condiciones, matrices y soportes con el fin de optimizarlos. Una vez optimizados, realizamos estudios de estabilidad en el tiempo de cada uno de nuestros indicadores en distintas condiciones, con el fin de poder seleccionar el más adecuado.

PALABRAS CLAVE: envasado inteligente, sensores de gases, colorimetría, indicadores biocompatibles, sensor de amoniaco.

Validación de marcadores de diseminación tumoral en cáncer colorrectal metastásico: Análisis funcional de TMOD2

Sofía Jiménez de Ocaña. Colaboradores: Ana Montero-Calle, Raquel Rejas-González, María Garranzo-Asensio, Elisa Carral-Ibarra, Rodrigo Barderas-Manchado.

Grado en Biología de la Universidad Complutense de Madrid. Unidad Funcional de Investigación en Enfermedades Crónicas (UFIEC), Instituto de Salud Carlos III, Majadahonda (Madrid).

RESUMEN:

El cáncer colorrectal (CCR) es el tercer tipo de cáncer con mayor incidencia en la población mundial, siendo la metástasis a hígado la principal causa de muerte asociada a esta enfermedad (1). Tras identificar como desregulada en células de CCR con alta capacidad metastásica hacia hígado (KM12SM) la proteína TMOD2 (2), se realizaron diversos experimentos tanto *in vitro* como *in vivo* para llevar a cabo un análisis funcional de la proteína. Se estudió el interactoma y el proteoma asociado a TMOD2 para identificar y validar potenciales biomarcadores de diseminación tumoral que interactúen con esta. Los experimentos confirmaron el papel desregulador de la proteína en la progresión de CCR. Ello permite presentar TMOD2 como un potencial biomarcador de CCR.

PALABRAS CLAVE: TMOD2, proteómica, metástasis, interactoma, biomarcador.

Transformación de *Aspergillus niger* utilizando el sistema CRISPR-Cas9 y complejo RNP exógeno

Nadía León Recio.

Grado en Biología de la Universidad Complutense de Madrid. Departamento de Genética, Fisiología y Microbiología de la Universidad Complutense de Madrid.

RESUMEN:

Las micotoxinas, producidas por hongos filamentosos, pueden encontrarse en alimentos como cereales, frutas y frutos secos. Entre las descritas, destaca la ocratoxina A por su alta toxicidad. Estudios genéticos han revelado que, al igual que ocurre con otras micotoxinas, los genes involucrados en su síntesis están agrupados en un clúster compuesto por 4 genes estructurales, incluyendo el codificante para la halogenasa. La edición genética mediante herramientas como CRISPR-Cas9 ofrece la posibilidad de generar mutantes con deficiencias en la síntesis de esta micotoxina. Utilizando un RNA guía, la endonucleasa Cas9 puede reconocer y unirse a la secuencia diana para inducir un corte que es reparado mediante unión de extremos no homólogos. En este estudio, se propuso emplear un protocolo de transformación de *Aspergillus niger* utilizando un complejo ribonucleoproteico *in vitro*, con el fin de obtener mutantes del gen codificante para la halogenasa y realizar un estudio molecular de las colonias regeneradas.

PALABRAS CLAVE: *Aspergillus niger*, CRISPR-Cas9, ocratoxina A, halogenasa y RNP exógeno.

Estudio genético y funcional del efecto de un polimorfismo *PIWIL4* en la susceptibilidad a patrones extremos de infertilidad masculina

Ana Isabel Rodríguez Martín.

Máster en Genética y Evolución de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

La azoospermia no obstructiva (NOA) es la causa de infertilidad masculina clínicamente más grave y se caracteriza por una ausencia total de espermatozoides en el eyaculado debida a fallos durante la espermatogénesis. Aunque se han dedicado grandes esfuerzos para conocer la etiología de NOA, las causas genéticas son aún bastante desconocidas. Los resultados de estudios recientes indican que el polimorfismo rs508485 (localizado en la región 3'UTR de *PIWIL4*) se encuentra asociado con fallo espermatogénico, pero estos estudios tienen grandes limitaciones intrínsecas y sus resultados son discordantes. En el presente estudio, que incluye la mayor cohorte ibérica de azoospermia registrada en la literatura (713 casos y 1051 controles), conseguimos verificar que este polimorfismo está asociado con el síndrome de células de Sertoli solo (SCO), que es el subfenotipo de NOA que presenta un fallo espermatogénico más severo. Además, con el fin de determinar las posibles causas funcionales de dicha asociación, realizamos ensayos de silenciamiento génico postranscripcional con microARNs miméticos. Los resultados obtenidos nos indican que el polimorfismo afecta a la afinidad de unión de los microARNs hsa-miR-215-3p y hsa-miR-136-3p, alterando la expresión de *PIWIL4*, lo que podría desencadenar infertilidad.

PALABRAS CLAVE: infertilidad, NOA, *PIWIL4*, polimorfismo, microARNs

Cándida como agente etiológico de la meningitis

Isabel Sánchez Morcillo.

Grado en Bioquímica de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

Existe una gran variedad de agentes etiológicos causantes de la meningitis, entre los cuales destacan las infecciones bacterianas, víricas y fúngicas. Dentro de este último grupo se encuentra *Candida albicans*, que causa con más frecuencia meningitis en neonatos que en adultos. Para ilustrar este tipo de infección, se presenta el caso de una paciente de 25 años, analizando los mecanismos que llevan a la inflamación de las meninges y a las alteraciones estructurales que explican la sintomatología y los signos observados.

PALABRAS CLAVE: meningitis crónica, *Candida*, líquido cefalorraquídeo, sistema nervioso, hidrocefalia, pleocitosis neutrofilica

Revisión del sistema inmune y sus compromisos ecológicos en anfibios

Rosa María Rodríguez Jiménez. Colaboradores: Gregorio Moreno Rueda, Mar Comas.
Máster en Conservación, Gestión y Restauración de la Biodiversidad de la Universidad de Granada.
Departamento de Zoología de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

Las funciones que ocurren simultáneamente dentro de un organismo compiten entre sí por recursos limitados. Los conocidos como trade-offs son compromisos que determinan qué proceso, en función de su importancia para el fitness del individuo, tendrá acceso de manera prioritaria a los recursos necesarios para su funcionamiento. También existen otro tipo de compromisos, que surgen cuando el desempeño de una función provoca consecuencias negativas para otros procesos, por ejemplo, la generación de estrés oxidativo. El sistema inmunológico es de gran importancia para la supervivencia de los organismos y, por ello, ha influido de manera crucial en el transcurso de la evolución. Los anfibios son un grupo en alarmante declive debido a diversos factores, siendo uno de ellos la expansión de enfermedades infecciosas. La finalidad de este trabajo es realizar una revisión del conocimiento existente en la actualidad sobre los compromisos que presenta el sistema inmune con el resto de rasgos en el grupo de los anfibios. Este tema ha sido escasamente estudiado en este grupo y sólo se ha investigado los compromisos relacionados con el reparto de recursos. Los estudios que relacionan el estrés hídrico con los compromisos del sistema inmune con otras funciones son una evidencia de que el declive que están sufriendo los anfibios se acentuará con el progreso del cambio climático. La investigación en este ámbito puede desempeñar un papel crucial en la conservación y gestión de las poblaciones de anfibios.

PALABRAS CLAVE: anfibios, fitness, sistema inmune, trade-off, conservación

Efecto del hábitat, tamaño de la nidada y edad de los pollos de herrerillo común sobre la infestación por dípteros del género *Simulium*

Pablo Melero Romero. Colaboradores: Jorge Garrido Bautista, Josué Martínez de la Puente, Jesús Veiga Nieto, Gregorio Moreno Rueda.

Máster en Genética y Evolución de la Universidad de Granada. Departamento de Zoología y Departamento de Parasitología de la Universidad de Granada.

RESUMEN:

La malaria aviar es una enfermedad propia de las aves producida por protozoos del orden Haemosporida (*Plasmodium*, *Haemoproteus* y *Leucocytozoon*), que son transmitidos por dípteros hematófagos como las moscas del género *Simulium* (1).

Se desconocen qué factores hacen que en un nido entren más o menos ejemplares de estos dípteros. El objetivo de este estudio es analizar el efecto del tamaño de la nidada (número de pollos por nido), la ontogenia (edad de los pollos) y el tipo de hábitat sobre la abundancia y prevalencia de *Simulium* en los nidos de las aves, usando al herrerillo común (*Cyanistes caeruleus*) como hospedador. Se muestrearon cajas-nido de dos bosques distintos y adyacentes y se llevó a cabo un experimento de alteración del tamaño de la nidada. Los *Simulium* se recolectaron en distintos tramos de edad, desde la eclosión hasta el emplumamiento de los pollos. Los resultados muestran que la abundancia de *Simulium* aumenta con la ontogenia y el tamaño de la nidada, mientras que hay una tendencia a variar entre tipo de bosque. El aumento de dípteros con el tamaño de nidada y edad puede estar explicado por el aumento de CO₂ y temperatura: a mayor número de pollos por nido, mayor emisión de CO₂; a mayor edad, mayor emisión de calor por endotermia (2)

PALABRAS CLAVE: Malaria, *Simulium*, hábitat, edad, pollo, *Cyanistes caeruleus*

Tecnología innovadora de sesgos reducidos (*Double Tailing Trap*) para miRNA-seq

María José Muñoz Domene. Colaboradores: Anaïs Redruello Rodríguez, Ángel Carazo Gallego.
Máster en Investigación traslacional y Medicina personalizada de la Universidad de Granada. Unidad de Apoyo a la Investigación, Instituto de Investigación Biosanitaria (IBS) de Granada.

RESUMEN:

Las células eucariotas producen pequeñas moléculas de RNA no codificante (miRNA) que regulan la expresión de numerosos genes. Su desregulación se asocia a la mayoría de los procesos patológicos crónicos humanos, incluyendo cáncer, diabetes tipo 2, enfermedades neurodegenerativas y trastornos inmunitarios.

La secuenciación masiva es la única metodología capaz de cuantificar con precisión el conjunto de variantes de miRNA en una muestra biológica. Sin embargo, los métodos desarrollados para la secuenciación masiva convencional fallan cuando se aplican a las características químicas del miRNA. Muchas variantes aparecen sobredimensionadas e infravaloradas o, sencillamente, no son detectables (consecuencia, principalmente, del sesgo de ligación). Existe un enorme interés por desarrollar nuevos conceptos que reduzcan los sesgos en secuenciación masiva de miRNA por lo que se ha desarrollado un concepto innovador y disruptivo, la tecnología denominada *Double Tailing Trap*.

PALABRAS CLAVE: miRNA, NGS, biomarcadores, partículas magnéticas, cáncer

Nuevo papel de DELE1 en la dinámica mitocondrial

Sara Natalia Jaroszewicz. Colaboradores: Yolanda Martí-Mateos y José Antonio Enriquez. Máster en Biomedicina Molecular por la Universidad Autónoma de Madrid. Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares Carlos III de Madrid y Centro de Investigación Biomédica en Red de Fragilidad y Envejecimiento Saludable (CIBERFES) de Madrid.

RESUMEN:

Las mitocondrias son orgánulos dinámicos que constantemente cambian entre formas alargadas y fragmentadas. Se sabe que la metalopeptidasa OMA1 induce la fragmentación en condiciones de estrés por proteólisis de OPA1. Mediante el análisis de imágenes confocales, demostramos *in vitro* que esto no siempre ocurre así. Las concentraciones bajas de FCCP pueden desencadenar la fragmentación sin procesamiento de OPA1 en células *Oma1^{WT}*, mientras que las concentraciones altas de FCCP conducen a la fragmentación incluso en ausencia de OMA1. Para comprender mejor el mecanismo, generamos mediante CRISPR/Cas9 células carentes de DELE1, una nueva diana de OMA1 recién identificada. Las mitocondrias *Dele1^{KO}* estaban parcialmente protegidas contra la fragmentación. Esta es la primera evidencia que vincula DELE1 y la dinámica mitocondrial, aunque se requerirán más estudios para caracterizar completamente esta vía.

PALABRAS CLAVE: fragmentación mitocondrial, OMA1, DELE1, OPA1, respuesta integrada al estrés.

Estudio conductual de un modelo doble de esquizofrenia en rata y del papel de la homeoproteína OTX2 sobre células PV en la corteza prefrontal.

Ana Isabel Fraga Sánchez. Colaboradores: Blanca Sánchez Moreno y Javier Gilabert-Juan
Máster en Neurociencia de la Universidad Autónoma de Madrid. Departamento de Anatomía, Histología y Neurociencia.

RESUMEN:

La esquizofrenia es una enfermedad mental grave que cursa con síntomas positivos y negativos junto con afectación cognitiva. Este trastorno neuropsiquiátrico afecta a un 1% de la población con una mayor prevalencia en hombres que en mujeres y con un debut en la adolescencia tardía o primeros años de la edad adulta. La etiología de la esquizofrenia es desconocida, pero hay indicios de que se trata de una enfermedad multifactorial en la que se ven implicados componentes genéticos, ambientales y del neurodesarrollo.

Estudios actuales sugieren que la aparición de la sintomatología podría estar influenciada por alteraciones en la plasticidad sináptica, mecanismo relacionado con la maduración de las interneuronas inhibitorias GABAérgicas que expresan parvalbúmina (PV). Más concretamente, las investigaciones se han centrado en la corteza prefrontal (PFC) puesto que su maduración consolida funciones cognitivas alteradas en la enfermedad y, coincide temporalmente con el inicio de los síntomas. La actividad y funcionamiento de las PV está condicionado por las redes perineuronales (PNNs), así como factores externos a la célula entre los que destaca OTX2. La homeoproteína OTX2 es un factor transcripcional que, a través de su interacción con las PNNs regula la apertura y cierre de los periodos críticos, y en la edad adulta la plasticidad, motivo por el que se ha empezado a estudiar en relación con trastornos mentales.

En esta microcharla, además de una introducción teórica, se comentarán los resultados comportamentales preliminares del modelo doble (DH) de esquizofrenia en rata Lister Hooded, desarrollado y caracterizado en el laboratorio, así como los resultados histológicos preliminares de los marcadores de OTX2 y PNN en células PV de la PFC.

PALABRAS CLAVE: esquizofrenia, OTX2, PV, corteza prefrontal, PNNs, plasticidad

Plásticos en la dieta y su efecto en la microbiota

Gracia Luque Aguilera. Colaboradores: Antonio Matilla Serrano, Magdalena Martínez Cañamero, Margarita Aguilera Gómez.

Máster en Biotecnología y Biomedicina de la Universidad de Jaén. Centro de Investigación Biomédica (CIBM) y Universidad de Granada.

RESUMEN:

El trabajo realizado de TFM en el Laboratorio de microbiota humana se centra en el efecto del xenobiótico obesogénico bisfenol A (BPA) en la microbiota intestinal. El objetivo principal fue determinar el impacto de la exposición directa del BPA en la composición, estructura y función de la microbiota a través de análisis de metagenómica-16S rRNA y culturómica en condiciones de anaerobiosis. Los resultados mostraron que la exposición directa del xenobiótico modifica la abundancia de taxones, afectando a la estructura y diversidad en la comunidad, disminuyendo significativamente *Bacteroidota* y aumentando *Actinomycetota*. Además, se seleccionan especies resistentes a BPA con funciones de degradación y metabolismo de este xenobiótico. Destacamos que las especies cultivables relevantes que resistieron a la exposición a BPA y presentaban un arsenal genético asociado a la biodegradación de xenobióticos pertenecían a *Bacillus spp.* y *Flavonifractor plautii*. Se realizarán futuros estudios de las propiedades como probióticos con aplicaciones biotecnológicas y biomédicas.

PALABRAS CLAVE: xenobióticos, microbiota, probióticos, amplicón 16S ARNr, culturómica, MALDI-TOF.

MECENAS Y COLABORADORES

MECENAS ORO



MECENAS BRONCE



MECENAS Y COLABORADORES

COLABORADORES



UNIVERSIDAD DE GRANADA

Vicerrectorado de Estudios e Investigación
Vicerrectorado de Innovación, Participación y Asociatividad Estudiantil



FACULTAD DE CIENCIAS

EVENTEX
ACTIVEMOS TUS PASIONES A TUS IDEAS

DCOOP
Trabaja con Almas

FINANZAS & I+D+I

CASIO
División Educativa



CENTRO MEDITERRÁNEO

WINKLE



Junta de Andalucía
Consejería de Salud y Consumo
Biotecnología del Sistema Sanitario
Pública de Andalucía



Junta de Andalucía
Consejería de Salud y Consumo
Fundación para la Investigación Biomédica de Andalucía-Innovación-Asociación-Idioma



Junta de Andalucía
Consejería de Desarrollo Educativo y Formación Profesional

Genyo

CONSEJO REGULADOR DE INGENIEROS DE SISTEMAS DE INFORMACIÓN BIOMÉDICA
INVESTIGACIÓN BIOMÉDICA



ibs.GRANADA
INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN BIOSANITARIA



ComunicaBiotec
Asociación Comunitaria de Biotecnología



SALA PREMIER



Colegio Oficial de Biólogos de Andalucía

HIDDEN NATURE

birway

TU CAMINO AL BIR

ASOCIACIÓN DE ESTUDIANTES DE BIOTECNOLÓGICAS DE ESPAÑA



CALDO DE CULTIVO



PARQUE de las CIENCIAS
ANDALUCÍA - GRANADA

farmaSkills

Iznadiva

genotipia

DESTAKANDQ



**II CONGRESO ESTATAL DE ESTUDIANTES
DE BIOCIENCIAS (CEEBI)**