



UNIVERSITAT ROVIRA I VIRGILI



Càtedra Uriach
de Nutracèutica

III JORNADAS NUTRACÉUTICA

COMPUESTOS BIOACTIVOS
Y NUTRACÉUTICOS

7 y 8 de marzo de 2024

Centre Tarraconense EL SEMINARI
Tarragona



Comité organizador de las jornadas:

Directora: Begoña Mugerza

Coordinadores científicos: Miquel Mulero, Anna Arola-Arnal, Manuel Suárez, Gerard Aragonès, Francisca Bravo, Cristina Torres y Enrique Calvo.

Colaboradores:



**MÁSTER INTERUNIVERSITARIO
EN NUTRICIÓN Y METABOLISMO**

PROGRAMA DE DOCTORADO EN NUTRICIÓN Y METABOLISMO

**PROGRAMA DE DOCTORADO INTERUNIVERSITARIO EN NUTRIGENÓMICA Y NUTRICIÓN
PERSONALIZADA**



**FACULTAD
DE ENOLOGÍA**



**FACULTAD
DE QUÍMICA**



Título: "III Jornadas Nutracéutica: Compuestos Bioactivos y Nutracéuticos. Libro de resúmenes"

Editores: Begoña Mugerza, Miquel Mulero, Anna Arola-Arnal, Manuel Suárez, Gerard Aragonès, Francisca I Bravo, Cristina Torres y Enrique Calvo.

ISBN: 978-84-1365-142-2

1ª edición, marzo de 2024

Libro bajo una licencia [Creative Commons BY-NC-SA](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

Este año es ya el tercero en el que desde el grupo de investigación en Nutrigenómica organizamos las Jornadas sobre Nutracéutica “Compuestos Bioactivos y Nutracéuticos”. Las dos ediciones anteriores fueron un gran éxito, lo que ha permitido que estos encuentros científicos cada año vayan tomando más visibilidad, convirtiendo a estas jornadas en uno de los eventos más importantes en este ámbito. El propósito principal de las mismas es la presentación de los avances más recientes en relación con los compuestos bioactivos, ingredientes funcionales y nutracéuticos. Asimismo, las jornadas promueven el encuentro de científicos que están a la vanguardia en este campo, facilitando la discusión de los últimos resultados obtenidos en relación con esta temática y la búsqueda de nuevas sinergias entre investigadores que permitan futuras colaboraciones.

Además, al igual que en ediciones anteriores, las jornadas están abiertas a estudiantes de grado, máster y doctorado y también a diferentes profesionales relacionados con compuestos bioactivos, ingredientes funcionales y nutracéuticos, incluyendo tanto personal técnico de la industria alimentaria y de nutracéuticos, como a farmacéuticos y nutricionistas. Este hecho permite la divulgación científica de los más recientes avances de investigación con estudiantes y profesionales relacionados con este ámbito, facilitando la difusión de los resultados más actuales y la creación de foros de discusión entre distintos sectores relacionados con esta temática.

El programa científico se ha estructurado en cinco sesiones centradas, cada una de ellas, en temas de gran actualidad, en las que se tratará el efecto de los compuestos bioactivos y nutracéuticos sobre el cerebro, salud metabólica e inmunidad y microbiota y se abordarán también las tendencias más recientes en su estudio. La última sesión tendrá formato de mesa redonda, y en ella se discutirá sobre el presente y futuro de estos compuestos, abordándose la temática desde perspectivas muy diferentes: la académica, científica empresarial, así como desde el punto de vista de los farmacéuticos, también fundamental ya que son ellos quienes pueden recomendar estos productos a través del consejo farmacéutico. Este espacio facilitará, por tanto, la confrontación de diversos enfoques sobre el concepto actual y futuro de los nutracéuticos

Las jornadas están enmarcadas en las actividades llevadas a cabo por la Cátedra Uriach de Nutracéutica cuya finalidad es impulsar el conocimiento de la Nutracéutica en el ámbito educativo, profesional y social a través de la promoción de actividades de divulgación, docencia e investigación que permitan el progreso y desarrollo de esta disciplina.

<https://www.catedranutraceutica.urv.cat/es>

PROGRAMA CIENTÍFICO

PROGRAMA CIENTÍFICO:

7 de marzo 2024

8:30 Registro

Sesión inaugural

- 9.15 *Inauguración de las Jornadas.*
M. Galià, Vicerrectora de Investigación, URV
A. Domínguez, Directora de Global Core Innovation, Uriach
B. Muguerza, Directora de la Cátedra Uriach de Nutraceutica, URV.
- 9:30 *Polifenoles y salud: una visión personal.*
C. Santos-Buelga, USAL

Sesión 1. El cerebro como diana

Moderadores: **M. Bulló**, URV

- 10:15 *Alimentación, sueño y cerebro: ¿Quién gana a quién?* **M. Izquierdo-Pulido**, UB
- 10:40 *Disrupción de los ritmos biológicos por cambios en el ciclo luz-oscuridad y efecto de los compuestos fenólicos.* **B. Muguerza**, URV
- 11:05 *Pausa/Sesión de posters*
- 11:50 *El activador de autofagia urolitina A y su viaje al cerebro: lecciones de un modelo de envejecimiento fisiológico en ratones.* **JC. Espín**, CEBAS-CSIC
- 12:15 *Potencial de los compuestos fenólicos de los alimentos en salud mental.* **J. del Bas**, EURECAT
- 12:40 *Discusión*
- 13:00 *Pausa de comida*

Sesión 2. Salud metabólica

Moderadores: **L. Bravo**, ICTAN-CSIC; **E. Calvo**, URV

- 14:30 *Estrés oxidativo en enfermedad hepática crónica: mecanismos y estrategias terapéuticas.* **J. Gracia-Sancho**, IDIBAPS
- 14:55 *Efectos beneficiosos de extractos de Opuntia en ratas con obesidad y esteatosis hepática.* **MP. Portillo**, UPV/EHU
- 15:20 *Estacionalidad y salud: Impacto de los polifenoles en la respuesta metabólica del tejido adiposo.* **G. Aragonès**, URV
- 15:45 *Discusión*
- 16:00 *Pausa/ Sesión de posters*

Sesión 3. Inmunidad y microbiota

Moderadores: A. Fernández, UPV/EHU; C. Serena, IISPV

- 16:30 *PBMCs para la identificación de biomarcadores del efecto de compuestos bioactivos en la salud.* P. Oliver, UIB
- 16:55 *Péptidos inmunomodulantes y tratamiento de la alergia alimentaria: eficacia in vivo y mecanismo de acción.* R. López-Fandiño, CIAL-CSIC
- 17:20 *Papel de la microbiota en los efectos antihipertensivos de hidrolizados proteicos.* C. Torres-Fuertes, URV
- 17:45 Discusión
- 18:00 Reunión Grupo Red de polifenoles 2020

8 de marzo 2024

Sesión 4. Nuevas tendencias

Moderadores: A. Ardèvol, URV; M. Mulero, URV

- 9:00 *SUCCINATO: un metabolito derivado de la microbiota con potencial terapéutico.* S. Fernández-Veledo, IISPV
- 9:25 *Vesículas extracelulares como nuevos compuestos bioactivos y su papel en el transporte de ingredientes funcionales.* A. Davalos, IMDEA
- 9:50 *Utilización de los metabolitos fenólicos como biomarcadores del patrón alimentario.* R. Lamuela-Raventós, UB
- 10:15 *Crononutrición: nuevas estrategias para abordar los estudios de los compuestos bioactivos.* JR. Soliz, URV
- 10:40 Discusión
- 11:00 Pausa/ Sesión de posters

Sesión 5. Presente y futuro

- 11:45 **Mesa Redonda:** Compuestos bioactivos y nutraceuticos, ¿dónde estamos y hacia dónde vamos?
F. Puiggròs, Director científico del Área de Biotecnología, EURECAT
I. Felipe, Vocal de alimentación del Colegio Farmacéutico de Tarragona
J. Navarro, Patrón Fundación Uriach
L. Arola, Profesor Emérito URV

Sesión de Clausura

12:30 Premio al mejor Póster de las Jornadas:
M. Castiñeira, Uriach y **M. Suárez**, URV

Comunicaciones orales:
Pósteres ganadores Jornadas 2023

El miR-222, presente en la leche materna, regula negativamente la vía de señalización de la insulina en adipocitos. **P. Bibiloni**, UIB

Las proantocianidinas de pepita de uva modulan los cambios bruscos de fotoperiodo por vías oxidativas en hígado de ratas obesas. **AJ. Cortes-Espinar**, URV

13.00 **Clausura de las Jornadas.**
L. Arola, URV

LOS EXPERTOS

LOS EXPERTOS: por orden de intervención



Begoña Mugerza

Profesora Titular del Departamento de Bioquímica y Biotecnología de la URV. Responsable del Grupo de investigación en Nutrigenómica. Investigación centrada en efectos saludables de los alimentos y sus componentes sobre la enfermedad metabólica. Más de 130 publicaciones científicas y 13 patentes. Fue coordinadora del Máster en Nutrición y Metabolismo y directora del Departamento de Bioquímica y Biotecnología. Actualmente coordina en la URV el Programa de Doctorado en Nutrigenómica y Nutrición Personalizada y es directora de la Cátedra Uriach de Nutraceutica.



Celestino Santos Buelga

Catedrático de Nutrición y Bromatología en la Universidad de Salamanca y director del "Grupo de Investigación en Polifenoles" (GIP-USAL), reconocido como Unidad de Investigación Consolidada (UIC-158) y Grupo de Excelencia (GR133) por la Comunidad Autónoma de Castilla y León (España). Experiencia investigadora relacionada con el estudio de los compuestos fenólicos vegetales: análisis, caracterización e influencia sobre características sensoriales y funcionales de alimentos. Intereses actuales de investigación centrados en las implicaciones para la salud de los flavonoides: biodisponibilidad, metabolismo y evaluación de su actividad biológica y mecanismos de acción en sistemas modelo. Investigador principal en 24 proyectos competitivos, director de 23 Tesis de Doctorado y coautor de más de 300 artículos en revistas JCR (>80 % Q1), con más de 21.900 citas y un índice H de 85 (Scopus; febrero 2024). Incluido en el World's Top 2 % Scientists ranking de la Stanford University. Número ORCID: 0000-0001-6592-5299.



Maria Izquierdo-Pulid

Farmacéutica y dietista-nutricionista, es catedrática de nutrición del Departamento de Nutrición, Ciencias de la Alimentación y Gastronomía de la Universidad de Barcelona. Docente con más de 30 años de experiencia, dirige el grupo de investigación en Nutrición de Precisión y Crononutrición en el Institut de Recerca de Nutrició i Seguretat Alimentària de la Universidad de Barcelona. Es autora de más de 120 artículos en revistas internacionales indexadas y su investigación ha estado financiada tanto por organismos públicos (nacionales e internacionales) como por empresas. Ha sido, en la Universidad de Barcelona, Coordinadora del Programa de Doctorado en Alimentación y Nutrición, Vicedecana del Campus Torribera de la Alimentación de la Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación y Directora del Departamento de Nutrición, Ciencias de la Alimentación y Gastronomía. Es Académica Correspondientes de la Real Academia de Farmacia de Cataluña y Académica de Número y Miembro de Honor de la Academia Española de Nutrición y Dietética.



Juan Carlos Espín

Profesor de Investigación del CSIC en el centro CEBAS de Murcia. Sus principales líneas de investigación abordan i) el metabolismo y biodistribución de polifenoles en el ser humano, identificando los responsables finales de los efectos biológicos; y ii) comprender por qué un mismo alimento no produce igual efecto en todas las personas. En esta variabilidad entre individuos participa activamente la microbiota intestinal. Sus investigaciones sugieren que esta microbiota puede ser árbitro en los efectos observados, dentro del contexto de “dieta personalizada y “salud de precisión”. Es un investigador “highly-cited” de forma consecutiva los últimos seis años (solo el 0,1% de investigadores en el mundo son “highly-cited”). En la actualidad (marzo-2024), cuenta con un índice H=84, 226 publicaciones JCR con más de 22.500 citas (Scopus) y ha liderado la segunda patente con más regalías en la historia del CSIC.



Josep M del Bas

Licenciado en química y en bioquímica, doctor en nutrición y metabolismo por la URV. Ha realizado diferentes estancias de investigación en la universidad de Milán, el Baylor college of Medicine en Houston y la universidad de Liverpool. Actualmente es el coordinador científico del área de biotecnología de Eurecat, centro tecnológico de Catalunya. Su carrera investigadora se ha centrado en el estudio de la interacción entre nutrición funcional y salud desde un enfoque

centrado en la innovación y la transferencia de conocimiento y tecnología.



Jordi Gracia-Sancho

Profesor de Investigación en el Instituto de Investigación Sanitaria IDIBAPS – Hospital Clínic de Barcelona e Investigador Asociado en la Universidad de Berna. Director Científico del Centro de Investigación Biomédica en Red en Enfermedades Hepáticas y Digestivas (CIBEREHD) del Instituto de Salud Carlos III. Sus líneas de investigación se centran en el papel de las células del sinusoides hepático en la fisiopatología de las enfermedades del hígado y en el envejecimiento, con el objetivo final de desarrollar nuevas opciones terapéuticas. Es autor de >125 publicaciones y director de 11 tesis doctorales. Ha recibido diversos galardones incluyendo el Emerging Leader Award de la Asociación Europea de Hepatología (EASL), el International Gilead Fellowship y recientemente ha sido nombrado Fellow de la Sociedad Americana de Hepatología (AASLD). Forma parte del comité científico de AASLD, del comité directivo del consorcio Baveno-EASL, así como de la junta directiva de Asociación Española para el Estudio del Hígado (AEEH). Ha sido editor asociado de la revista Journal of Hepatology, siendo actualmente el editor jefe de la revista npj Gut & Liver del grupo Nature.



María Puy Portillo

Catedrática de Nutrición en la Facultad de Farmacia de la Universidad del País Vasco (UPV/EHU). Lidera el grupo de investigación Nutrición y Obesidad.

Coordinadora del Grado de Nutrición Humana y Dietética en la UPV/EHU. Directora del Programa de Doctorado Nutrigenómica y Nutrición personalizada en la UPV/EHU

Es directora Científica del Ciberobn del Instituto de Salud Carlos III.



Gerard Aragonès

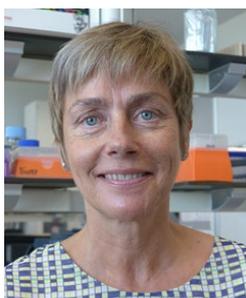
Profesor Agregado Serra Húnter del Departamento de Bioquímica y Biotecnología de la URV e investigador del grupo Nutrigenómica. Especialista en nutrición molecular y metabolismo. Actualmente su investigación se centra en el estudio de los compuestos bioactivos de los alimentos, principalmente polifenoles, y su interacción con el metabolismo energético y los ritmos biológicos. Es coautor de más de 100 artículos científicos JCR, 2 patentes y 6 capítulos de libro, ha participado en múltiples congresos nacionales e internacionales y ha dirigido 6 tesis doctorales (H-index 32). Fue coordinador del Programa de Doctorado de Nutrición y Metabolismo de la URV,

y actualmente es el secretario del Departamento de Bioquímica y Biotecnología. Es miembro fundador de la Asociación de Divulgación Científica del Camp de Tarragona y participa activamente en diferentes actividades de divulgación y comunicación de la ciencia.



Paula Oliver

Catedrática de Bioquímica y Biología Molecular en la Universidad de las Islas Baleares (UIB). Co-IP del grupo de “Nutrigenómica, Biomarcadores y Evaluación de riesgos” (NuBE) del CIBER de Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN) y del Instituto de Investigación Sanitaria Illes Balears (IdISBa). Coautora de más de 60 artículos científicos en revistas indexadas en JCR, de 2 libros sobre nutrición y 5 capítulos de libro (3 de ellos internacionales). Autora de cuatro patentes (2 con extensión internacional) y de una tecnología genómica transferida a la empresa Agilent Technologies, Inc. Ha dirigido 7 tesis doctorales. Su tema principal de investigación es el estudio del efecto de la dieta y sus componentes sobre la salud, en especial sobre los mecanismos moleculares implicados en el control del peso corporal (obesidad). Su investigación se centra en la identificación de biomarcadores tempranos de patologías relacionadas con alimentación inadecuada y la obesidad, incluido el deterioro cognitivo/demencia. Ha participado como investigadora en más de 40 proyectos de investigación financiados por el Gobierno español, la Unión Europea y otros organismos públicos y privados. Actualmente forma parte de la “coordination office” del proyecto europeo INTEGRactiv (JPI HDHL, 2022-25) encaminado a identificar biomarcadores de ejercicio físico y salud en niños y adolescentes. También es coordinadora de una acción cooperativa intramural del CIBEROBN, el proyecto METAHEALTH-TEST PLUS (2023-24), encaminado a diseñar un test para determinar el riesgo metabólico en población general. Responsable de diversos estudios en humanos encaminados a caracterizar la utilidad de las células sanguíneas para la obtención de biomarcadores de nutrición y salud.



Rosina López-Alonso Fandiño

Licenciada con grado en farmacia por la Universidad de Santiago de Compostela y Doctora en Farmacia por la Universidad Complutense de Madrid. Profesora de Investigación del CSIC desde 2006. Ha sido Coordinadora del Área de Ciencia y Tecnología de Alimentos del CSIC (2008), Vicepresidenta Adjunta de Relaciones Institucionales del CSIC (2009-2012) y Vicepresidenta de Organización y Relaciones Institucionales (2019-2022). Actualmente trabaja en el Instituto de

Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL) en la caracterización y propiedades de interés biológico de péptidos alimentarios, así como en el estudio de las bases moleculares de la alergenicidad de las proteínas, con el fin de conocer los mecanismos implicados en los procesos de sensibilización, desencadenamiento de anafilaxia e inducción de tolerancia. Su actividad investigadora se recoge en 150 publicaciones en revistas científicas indexadas, en capítulos de libro y volúmenes colectivos. Ha participado en más de 30 proyectos nacionales y europeos y contratos de investigación. Ha codirigido 14 tesis doctorales y es coautora de 5 patentes, dos de las cuales han sido licenciadas para su explotación.



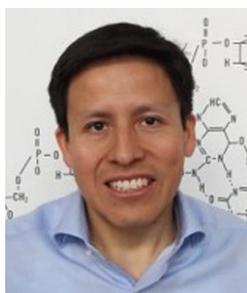
Cristina Torres Fuentes

Doctora en Bioquímica y Biología Molecular por la Universidad de Sevilla y profesora titular de la Universitat Rovira i Virgili. Su principal línea de investigación se centra en la promoción de la salud y la prevención de enfermedades metabólicas a través de la microbiota y de compuestos bioactivos como los polifenoles y los péptidos bioactivos. Su doctorado lo realizó en el Instituto de la Grasa (CSIC) (2008-2012) y se centró en la obtención de péptidos bioactivos a partir de hidrolizados proteicos de subproductos de la industria alimentaria. Durante su primera estancia postdoctoral en el APC Microbiome Institute, de la University College Cork (UCC), Irlanda (2012-2017), identificó nuevos probióticos con potencial para ejercer efectos beneficiosos contra la obesidad. En la Universidad de California Davis, EE. UU. (2017-2018), estudió probióticos con potencial antiinflamatorio y cómo afecta la matriz alimentaria utilizada para su administración. En la Universidad Rovira i Virgili (URV) (2018-presente), estableció una nueva línea de investigación centrada en la microbiota intestinal. Su último trabajo ha dado lugar a hallazgos no descritos anteriormente, incluido el impacto de la microbiota en las oxilipinas y los efectos de diferentes fotoperíodos sobre las bacterias intestinales en la obesidad. Autora de 43 artículos y co-inventora de 1 patente. Ha participado en 8 proyectos competitivos y 3 proyectos no competitivos. Como investigadora principal (IP) lidera un proyecto de “I+D+i Retos Investigación” centrado en el estudio de la interacción entre la microbiota intestinal y los hidrolizados de proteínas y su potencial para generar péptidos antihipertensivos. Además, ha participado en actividades de divulgación para la sociedad y en 5 contratos de I+D+i con diferentes empresas (1 como IP). Ha dirigido 5 TFG, 2 TFM y 1 tesis doctoral (3 más en curso).



Sonia Fernández-Veledo

Responsable del grupo Diabetes y Enfermedades Metabólicas asociadas (DIAMET) del Instituto de Investigación Sanitaria Pere Virgili (IISPV), adscrito a CIBERDEM y la URV. Su investigación se centra en desentrañar los mecanismos moleculares subyacentes a las comorbilidades relacionadas con la obesidad, con el objetivo de encontrar nuevos enfoques y objetivos para el tratamiento de enfermedades metabólicas. Ha publicado más de 100 artículos, incluyendo destacadas contribuciones como autor senior en revistas de alto impacto como Cell Metabolism, Nature Immunology, y Diabetes Care. Ha liderado numerosos proyectos de investigación competitivos y de Innovación & Transferencia, colaborando con diversas instituciones y la industria farmacéutica. Es titular de tres patentes y cofundadora de la spin-off SUCCIPRO S.L. Desde 2013, es colaboradora habitual de la Agencia Estatal de Investigación (AEI) y el ISCIII. La Dra. Fernández-Veledo también ha contribuido significativamente a la formación de estudiantes graduados y posgraduados en varias universidades españolas, dirigiendo numerosas tesis doctorales y trabajos de investigación. Participa activamente en las estructuras organizativas de su institución siendo actualmente miembro del Comité de Dirección del IISPV y coordinadora del área de Investigación en Nutrición y Metabolismo del instituto.



Alberto Dávalos

Líder del laboratorio de Epigenética del Metabolismo Lipídico del IMDEA Alimentación de Madrid. Es doctor en Farmacia por la Universidad Complutense de Madrid. Ha realizado Investigación postdoctoral en el Hospital Ramón y Cajal de Madrid, en la Escuela de Medicina de la Universidad de Yale (New Haven, USA), y la Escuela de Medicina de la universidad de Nueva York (New York, USA). Su laboratorio trabaja en el uso de vesículas extracelulares de la dieta para transportar tanto, ARNs no codificantes como compuestos bioactivos, con fines terapéuticos. Además, está interesado en el estudio de la influencia de los estilos de vida en la modulación del epigenoma y personalizar la salud de las personas utilizando la epigenética (en particular, los ARN no codificantes) para el desarrollo de Nutrición de Precisión.



Rosa M Lamuela-Raventós

Catedrática del Departamento de Nutrición y Bromatología de la Universidad de Barcelona, es la fundadora y líder del Grupo de Investigación en Polifenoles SGR 00334 2021 (polyphenolresearch.com), el cual forma parte de los grupos de excelencia científica del CIBEROBN. Actualmente, ocupa el cargo de investigadora principal de la Unidad de Excelencia María de Maeztu del Instituto en Nutrición y Seguridad Alimentaria de la UB, INSA-UB. Durante cinco años consecutivos (2017-2021), ha sido incluida en la lista de los científicos más influyentes del mundo publicada por Clarivate Analytics (Highly Cited Researchers). Ha publicado más de 400 artículos científicos con más de 46.000 citas, lo que se traduce en un índice H de 98 (Scopus). En reconocimiento a su excelencia, en 2018 fue galardonada con el XXV Premio Instituto Danone a la Trayectoria Científica "Dr. Carles Martí Henneberg".



Jorge Ricardo Soliz Rueda

Profesor asociado en el Departamento de Bioquímica y Biotecnología de la Universitat Rovira i Virgili (URV) e investigador postdoctoral en el grupo de Nutrigenómica, obtuvo el grado en Bioquímica (2015) y el Máster de Nutrigenómica y Nutrición personalizada (2016) por la Universitat de les Illes Balears. Además, cursó el Máster de Biotecnología en la Universidad de Granada (2017) y se doctoró en Nutrición y Metabolismo por la URV (2022). Antes de empezar su carrera investigadora obtuvo la certificación en Lenguajes Orientados a Objetos y Bases de Datos Relacionales (2017) y trabajó como desarrollador software en el Departamento IT de Barceló Business Corporation. Estuvo como investigador visitante en el Departamento de Anatomía y Neurociencia del APC Microbiome Ireland (2021 y 2023). Actualmente, desarrolla soluciones informáticas para el tratamiento de datos, siendo el desarrollador del software CircAnalyst para el análisis de datos oscilatorios. Su investigación se centra en la interacción entre los ritmos biológicos y la nutrición y la implicación que esta relación tiene sobre el metabolismo energético y el comportamiento alimentario.



Francesc Puiggròs

Licenciado en Química y Bioquímica, disciplina en la que obtuvo el doctorado por la URV en 2005. Es coautor de 34 artículos científicos y 3 capítulos de libros. Especializado en la innovación e investigación aplicada en el ámbito biotecnológico, es actualmente director científico del Área de Biotecnología de EURECAT-centro tecnológico de Cataluña. Es experto en la transferencia de ciencia y tecnológica a las empresas en el sector de mercado de la nutrición y la salud, impulsando numerosos proyectos de investigación en consorcios empresariales sobre el impacto de compuestos bioactivos y los productos generados sobre la salud. Complementa esta actividad con la de profesor asociado en la URV desde el año 2010 en seguridad alimentaria, área de la que es profesor de la URV en diversas enseñanzas.



Inma Felipe

Licenciada en farmacia por la Universidad de La Laguna (Tenerife), Diplomada en Dietética y Nutrición por la Universidad de Granada, Diplomada en Alta Tecnología de Alimentos por el Instituto Agroquímico de Valencia

Realizó un post-grado de Dietética y Nutrición por la Universidad de Navarra, y otro en Salud pública por la Universidad de Navarra. Además, es especialista en Análisis clínicos por la Universidad de Granada. Coordinada el Grupo de Trabajo "Nutrición Comunitaria" (antiguamente Nutrición en la escuela) del Colegio oficial de farmacéuticos de Tarragona. El grupo de trabajo "Nutrición Comunitaria" realiza talleres de nutrición en los diferentes cursos de primaria y secundaria en colegios e institutos y, así como charlas educativas en asociaciones de vecinos y mujeres. Publicó "una guía de alimentación en la escuela", consensuada por el Departament de Ensenyament de Tarragona y distribuida a todos los colegios de la provincia de Tarragona gratuitamente. Colaboró con la URV en el estudio FARMAGONACOL de la cátedra de Uriach. Ha presentado posters en diversos congresos y jornadas farmacéuticas. Actualmente desarrolla su actividad profesional en oficina de farmacia comunitaria y como vocal de alimentación del COFT.



Javier Navarro Olivella

Licenciado en medicina y cirugía por la Universidad Autónoma de Barcelona y Master en Administración y Dirección de empresas por el IESE.

Su trayectoria profesional ha estado ligada siempre a la industria farmacéutica y muy especialmente al campo de la nutraceutica. Ha trabajado en diversas compañías

desarrollando su etapa más relevante en URIACH, una de las compañías líderes en Europa en el desarrollo y comercialización de nutracéuticos y productos a base de ingredientes naturales. Ha sido director general de Uriach en España, Italia y Portugal, así como máximo responsable de su área de innovación. Actualmente dirige la Fundación Uriach, de la cual es miembro de su patronato. La Fundación Uriach impulsa la Cátedra Uriach de Nutracèutica en colaboración con la Universitat Rovira i Virgili.



Lluís Arola

Catedrático emérito de Bioquímica y Biología Molecular de la Universitat Rovira i Virgili de Tarragona desde 2019. Especialista en bioquímica de la nutrición, su investigación se ha centrado en la evaluación de la eficacia de ingredientes funcionales y su interacción con la expresión génica, el metabolismo celular y la microbiota. Es coautor de más de 230 artículos publicados en revistas científicas indexadas y ha dirigido 20 tesis doctorales. Fue decano de la Facultad de Química, director de Escuela de Enología, vicerector y rector de la Universidad Rovira i Virgili, director del Centro Tecnológico en Nutrición y Salud y director científico de Eurecat-Centro Tecnológico de Catalunya.

RESÚMENES: Ponencias Invitadas

PI-01

Polifenoles y salud: una visión personal

Celestino Santos Buelga*

Grupo de Investigación en Polifenoles (GIP-USAL), Universidad de Salamanca

Campus Miguel de Unamuno, 37007 Salamanca (España)

**Responsable de la ponencia: Celestino Santos Buelga (csb@usal.es)*

La ingesta de polifenoles se ha relacionado con la prevención de enfermedades crónicas y degenerativas como trastornos cardiovasculares, diabetes de tipo II o procesos neurodegenerativos. Existen, sin embargo, muchas lagunas en el conocimiento de su papel real en salud humana y los mecanismos a través de los que ejercerían sus efectos. Clásicamente su actividad biológica se ha asociado a su capacidad antioxidante y captadora de radicales libres, bien establecidas en sistemas in vitro. Sin embargo, se ha podido establecer que se trata de sustancias escasamente biodisponibles y ampliamente metabolizadas en el organismo, de manera que sus concentraciones en plasma y medios celulares son muy bajas e inferiores a las de otros antioxidantes fisiológicos. Actualmente, se contemplan hipótesis como la posibilidad de que actúen como moduladores de la expresión de genes y cascadas de señalización en rutas relacionadas con el control del estrés oxidativo, inflamación o producción de energía. Por otra parte, gran parte de los polifenoles dietéticos llega inalterada al colon, donde interactúan con la microbiota, dando lugar a una variedad de metabolitos, que podrían presentar efectos locales y sistémicos. Además, los polifenoles y sus metabolitos podrían tener un impacto sobre la composición de la microbiota, actuando como prebióticos. Es necesario continuar avanzando en la comprensión de aspectos como su biodisponibilidad, metabolismo, dianas moleculares o los verdaderos compuestos responsables de su actividad biológica. Ello haría posible llegar a estar en disposición de realizar recomendaciones fundamentadas sobre su consumo dietético o su uso con fines terapéuticos o como ingredientes funcionales.

Agradecimientos: Se agradece al Ministerio de Ciencia e Innovación y la Junta de Castilla y León por la financiación recibida a través de los proyectos PID2019-106167RB-I00 y SA093P20, respectivamente.

PI-02

Alimentación, sueño y cerebro: ¿Quién gana a quién?

Maria Izquierdo-Pulido*

Departamento de Nutrición, Ciencias de la Alimentación y Gastronomía. Campus de la Alimentación Torribera. Universidad de Barcelona.

**Responsable de la ponencia: Maria Izquierdo-Pulido (maria_izquierdo@ub.edu)*

Descansar adecuadamente cada noche es un pilar básico de nuestra salud. Durante el sueño, tanto nuestro cuerpo como nuestra mente se restauran, y es durante este período que se fortalecen la memoria y las habilidades de aprendizaje. Según la National Sleep Foundation, los adultos necesitan entre 7 y 9 horas de sueño por noche, mientras que los niños y adolescentes requieren aún más. La falta de sueño, ya sea por no dormir lo suficiente o por tener un sueño de mala calidad, afecta negativamente tanto nuestra salud emocional como nuestra función cognitiva y rendimiento. Además, la falta de sueño puede alterar los sistemas cardiovascular, endocrino e inmunológico, y está asociada con problemas metabólicos como la diabetes y la obesidad. Por ejemplo, se ha observado, que cuando se duerme poco o el sueño es de baja calidad, nuestro cerebro toma decisiones que nos lleva a comer aquellos alimentos que son más placenteros, generalmente ricos en azúcares y grasas, a través de un mecanismo de compensación. Por otro lado, nuestra dieta también influye en la duración y calidad del sueño. Dietas saludables, como la mediterránea, y una ingesta adecuada de fibra, proteínas, carbohidratos y de ciertos alimentos pueden ayudar a tener un sueño de mayor calidad. Asimismo, no excederse en el consumo de café, evitar las bebidas alcohólicas y cenar ligero, pero de forma correcta, preferentemente de 2 a 2,5 horas antes de dormir, procuran un sueño de mayor calidad. Finalmente, seguir horarios regulares durante toda la semana, tanto de sueño como de comidas, exponerse a la luz del sol, especialmente al poco tiempo de levantarse, estar activos físicamente, evitar siestas largas y no exponerse a pantallas (móvil, ordenador, televisión, etc.) antes de irse a dormir son estrategias que pueden ayudar a tener un sueño de mayor calidad, porque el sueño también se prepara durante el día.

PI-03

Disrupción de los ritmos biológicos por cambios en el ciclo luz-oscuridad y efecto de los compuestos fenólicos

Begoña Muguerza*, Jorge R. Soliz-Rueda, Enrique Calvo, Cristina Torres-Fuertes, Francisca Isabel Bravo, Gerard Aragonès, Manuel Suárez, Anna Arola-Arnal, Miquel Mulero y Lluís Arola.

University Rovira i Virgili, Biochemistry and Biotechnology Department, Nutrigenomics Research Group, Tarragona, Spain.

**Responsable de la ponencia:* Begoña Muguerza (begona.muguerza@urv.cat)

Existe una gran evidencia sobre los efectos beneficiosos de los (poli)fenoles. No obstante, su biodisponibilidad y bioactividad dependen también de cuando son consumidos. Además, esta relación entre (poli)fenoles y ritmos circadianos parece ser bidireccional, ya que algunos de ellos han mostrado su actividad como moduladores de los ritmos circadianos.

En relación con los ritmos estacionales resultados previos en animales sanos y obesos también mostraron que frutas o extractos ricos en (poli)fenoles presentaban diferentes efectos metabólicos dependiendo del fotoperiodo de consumo. Además, un estudio reciente con animales sanos a los que se administraron cerezas con diferente composición fenólica mostró que esta fruta incrementaba la expresión de genes neuroprotectores en hipocampo y que este efecto era dependiente tanto del fotoperiodo como de la composición de la fruta.

Por otro lado, resultados recientes de nuestro grupo muestran disrupción circadiana y metabólica por cambios en los ciclos de luz-oscuridad, tanto en animales sanos como especialmente en obesos. No obstante, la administración de un extracto de pepita de uva rico en (poli)fenoles fue capaz de mitigar estas alteraciones, indicando que el consumo de compuestos fenólicos podría ayudar a la adaptación del nuevo fotoperiodo. Este hecho es considerado de especial relevancia ya que se conoce que el envejecimiento se acompaña de una pérdida de adaptación a los cambios de fotoperiodo y porque, además, nuestro estilo de vida actual, con nuevas tecnologías, jet-lag social o trabajos a turnos entre otros, produce una gran alteración de los ciclos naturales de luz-oscuridad, que han sido relacionada con efectos negativos para nuestra salud.

Agradecimientos: PID2021-128813OB-I00 y PID2020-113739RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa.

PI-04

El activador de autofagia urolitina A y su viaje al cerebro: lecciones de un modelo de envejecimiento fisiológico en ratones

Juan Carlos Espín*¹, Juan Ignacio Jiménez-Loygorri², Álvaro Viedma-Poyatos², María Dolores Frutos-Lisón¹, Francisco Tomás-Barberán¹, Patricia Boya².

¹*Food & Health Lab; Research Group on Quality, Safety, and Bioactivity of Plant Foods, CEBAS-CSIC, 30100 Campus de Espinardo, Murcia, Spain.*

²*Department of Cellular and Molecular Biology, Margarita Salas Center for Biological Research, CSIC, Ramiro de Maetzu, 9, 28040, Madrid, Spain.*

**Responsable de la ponencia: Juan Carlos Espín (jcespin@cebas.csic.es)*

Antecedentes y objetivo: Existe controversia para identificar qué metabolito final ejerce actividad biológica tras el consumo de polifenoles. El ácido elágico (nueces, fresas, granada, etc.) es metabolizado por la microbiota intestinal hasta urolitinas, metabolitos anti-inflamatorios, antiproliferativos, neuroprotectores, moduladores de la microbiota intestinal y protectores de la barrera intestinal. Urolitina-A (Uro-A) induce autofagia en modelos murinos de enfermedades del sistema nervioso central (SNC). Sin embargo, se desconoce si llega al parénquima cerebral para ejercer estos efectos. Nuestro objetivo es explorar los efectos de Uro-A en un modelo de ratón de envejecimiento fisiológico y comprobar si Uro-A y/o sus metabolitos de fase-II llegan al cerebro. **Métodos y resultados:** Administramos 2,3 mg de Uro-A i.p. diariamente (~14 mg/persona de 70 kg) en ratones jóvenes (6 m) y viejos (22 m) durante 8 semanas. Realizamos electroretinogramas, pruebas de comportamiento, histología de retina, análisis de mitofagia y del metabolismo de Uro-A (UPLC-QTOF-MS). Uro-A mejoró el índice neurodegenerativo, memoria visual, daño oxidativo, integridad sináptica, gliosis, visión nocturna y mitofagia, especialmente en ratones viejos. Un estudio cinético mostró pico de Uro-A, Uro-A-sulfato y Uro-A-glucurónido en plasma, y de forma relevante, Uro-A y Uro-A-sulfato, pero no Uro-A-glucurónido en cerebro perfundido, 30 minutos tras administrar Uro-A. **Conclusiones:** Uro-A ejerce neuroprotección previniendo deterioro del SNC asociado al envejecimiento. La llegada al cerebro de Uro-A y Uro-A-sulfato tras administrar Uro-A vía i.p., sugiere que cruzan la barrera hematoencefálica. Uro-A-sulfato podría ser un reservorio para liberar Uro-A tras desconjugación por arilsulfatasas cerebrales. Sin embargo, Uro-A-glucurónido, relevante en humanos, no llega al cerebro.

Agradecimientos: NEURO-AGING+ (Plataforma Temática Interdisciplinar del CSIC, PTI+), y PID2019-103914RB-I00 y PGC2018-098557-B-I00 (MICINN, España).

PI-05

Potencial de los compuestos fenólicos de los alimentos en salud mental

Josep M del Bas¹, Harry Tracey², Xavier Escoté², Roger Mariné², Joan Teichenné²,

¹ *Eurecat, Centre Tecnològic de Catalunya, Biotechnology Area, Reus, Spain*

² *Eurecat, Centre Tecnològic de Catalunya, unit of Nutrition and Health, Reus, Spain*

**Responsable de la ponencia: Josep M del Bas (Josep.delbas@eurecat.org)*

Las evidencias científicas recogidas en las últimas décadas han permitido establecer posibles asociaciones entre patrones dietéticos, nutrición y salud mental. Estas han sido confirmadas por estudios de intervención, tanto en humanos como en diferentes modelos preclínicos, que permiten establecer relaciones causales aunque los mecanismos continúan siendo desconocidos. La relación entre alimentación y salud mental se puede entender por la modulación que ejerce la dieta sobre la dinámica de las poblaciones microbianas del intestino y el efecto de estas sobre el eje intestino cerebro. Los (poli)fenoles de la dieta son metabolizados por la microbiota y, tras entrar en la circulación sistémica, pueden llegar a difundir por la barrera hematoencefálica y ejercer sus efectos señalizadores en el cerebro. Así, a lo largo de diferentes proyectos Eurecat ha identificado diferentes extractos de (poli)fenoles con actividad sobre la capacidad cognitiva en diferentes modelos como larvas de pez cebra, pez cebra adulto y ratas sanas y con declive cognitivo asociado a neuroinflamación. Aunque la capacidad neuroprotectora y preventiva del declive cognitivo de los (poli)fenoles depende del origen y naturaleza de estos, estos primeros resultados preclínicos sugieren que su aplicación en nutraceutica podría resultar una buena estrategia para complementar las intervenciones dirigidas a la prevención de alteraciones de la capacidad cognitiva.

Agradecimientos: This work has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation program under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No 101034328. This work reflects only the author's view and the Research Executive Agency, and the European Commission are not responsible for any use that may be made of the information it contains.

PI-06

**Papel fisiopatológico del estrés oxidativo en la enfermedad hepática crónica:
mecanismos y estrategias terapéuticas**

Jordi Gracia-Sancho*^{1,2,3}

¹ IDIBAPS-Hospital Clínic de Barcelona, Hepatología, Laboratorio de Biología Vascular Hepática. Rosselló 153, 08036 Barcelona, España.

² Centro de Investigación Biomédica en Red en Enfermedades Hepáticas y Digestivas (CIBEREHD), Madrid, España.

³ Universidad de Berna, Departamento de Medicina y Cirugía Visceral, Hepatología. Berna, Suiza.

**Responsable de la ponencia:* Jordi Gracia-Sancho, MSc, PhD, FAASLD
(jgracia@recerca.clinic.cat)

El estrés oxidativo emerge como un factor clave en la fisiopatología de la enfermedad hepática crónica (CLD), incluyendo complicaciones clínicas relevantes como el síndrome de hipertensión portal (PH). Este fenómeno se origina por la disfunción del equilibrio redox, caracterizado por un exceso en la producción de especies reactivas de oxígeno y una disminución en las defensas antioxidantes endógenas. En el marco de la CLD e HP, procesos patológicos como la inflamación crónica, la esteatosis hepática, la fibrogénesis y la hipoxia hepática propician un ambiente pro-oxidante. Este entorno favorece la peroxidación lipídica, la oxidación de proteínas y el daño al ADN, exacerbando la lesión hepática y fomentando la progresión hacia estadios avanzados, tales como la cirrosis y el carcinoma hepatocelular. Además, el estrés oxidativo interviene en el desarrollo de disfunción endotelial, la vasodilatación disminuida y una angiogénesis anómala, contribuyendo así al desarrollo de la PH y sus complicaciones, como las varices esofágicas y el riesgo de sangrado gastrointestinal. Diversos estudios han demostrado el potencial de estrategias terapéuticas destinadas a mitigar el estrés oxidativo en el contexto de la CLD, incluyendo el uso de agentes antioxidantes exógenos, nutraceuticos, la modulación de vías de señalización redox y la restauración de la homeostasis mitocondrial. Sin embargo, la complejidad de las cascadas moleculares subyacentes representa un reto significativo en el diseño de enfoques terapéuticos efectivos. Esta ponencia describirá el papel del estrés oxidativo en la CLD e HP, identificando posibles dianas terapéuticas para el desarrollo de estrategias seguras y eficaces para abordar estas condiciones clínicas multifactoriales.

PI-07

**Efectos beneficiosos de extractos de *Opuntia* en ratas con
obesidad y esteatosis hepática**

María Puy Portillo*^{1,2,3}

¹ Grupo Nutrición y Obesidad, Departamento de Nutrición y Ciencias de los Alimentos, Facultas de Farmacia, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU) e Instituto de Investigación Lucio Lascaray, Vitoria-Gasteiz, España.

² CIBERobn Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición, Instituto de Salud Carlos III, Vitoria-Gasteiz, España.

³ BIOARABA Instituto de Investigación de Salud, Vitoria-Gasteiz, España.

*Responsable de la ponencia: María Puy Portillo (mariapuy.portillo@ehu.eus)

Tras los estudios de "screening" realizados en nuestro laboratorio con diversos extractos de *Opuntia ficus-indica* (OFI) y *Opuntia stricta* var. *dillenii* (OD) en cultivos de hepatocitos y adipocitos murinos, seleccionamos los dos que resultaron ser más interesantes (cáscara de OD y pulpa de OFI) para la realización de un estudio *in vivo*, en ratas alimentadas durante 8 semanas con una dieta rica en grasa saturada y fructosa que producía obesidad y esteatosis hepática (diseño experimental en los resúmenes de Iker Gómez e Irene Besné-Eseverri). En lo que respecta a la obesidad, los dos extractos fueron capaces de prevenir en parte el crecimiento del tejido adiposo, si bien mientras que OFI actuó sobre depósitos subcutáneo y viscerales, OD sólo redujo los depósitos viscerales. En cuanto a los parámetros bioquímicos plasmáticos, ambos extractos fueron capaces de mejorar el perfil de lípidos séricos, mientras que ninguno previno las alteraciones producidas por la dieta en el control glucémico. En relación con la esteatosis hepática, la cuantificación de los triglicéridos hepáticos indica que solo el extracto de OFI fue capaz de prevenir parcialmente esta alteración. Dado que el estrés oxidativo es clave en el desarrollo de esteatosis hepática y de su evolución hacia esteatohepatitis, analizamos algunos parámetros relacionados con dichos procesos. Los resultados indican que el extracto de OFI fue el más interesante en la prevención de esta alteración.

PI-08

Estacionalidad y salud: Impacto de los polifenoles en la respuesta metabólica del tejido adiposo

Gerard Aragonès*

Grupo de investigación NUTRIGENÓMICA^{1,2,3}

¹ *Universitat Rovira i Virgili, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Tarragona, España*

² *Instituto de Investigación Sanitaria Pere Virgili (IISPV), Tarragona, España*

³ *Centro de Tecnología Ambiental Alimentaria y Toxicológica (TecnATox), Tarragona, España*

**Responsable de la ponencia: Gerard Aragonès (gerard.aragones@urv.cat)*

El tejido adiposo desempeña un papel crucial en la regulación metabólica y el control del peso corporal, adaptándose a las variaciones estacionales que caracterizan la vida en la Tierra. Entre estas, el fotoperiodo destaca como una señal clave. Como regla general, la fase anabólica de crecimiento del tejido adiposo suele sincronizarse con fotoperiodos largos, cuando los alimentos son abundantes, mientras que la fase catabólica se asocia con fotoperiodos cortos, cuando los alimentos son escasos. En este sentido, los polifenoles presentes en las frutas actúan como señales estacionales adaptando el metabolismo a las necesidades de cada época del año. De hecho, nuestras investigaciones evidencian que los efectos de estos compuestos bioactivos en el tejido adiposo son estacionalmente dependientes, induciendo adaptaciones metabólicas variables según el momento de su consumo. Además, diferentes estudios en animales muestran que el consumo de polifenoles tiene la capacidad de modular diferentes elementos clave del reloj molecular tanto a nivel hipotalámico como en el propio tejido adiposo. Estos hallazgos indican una vez más la posibilidad que los polifenoles puedan tener propiedades cronobiológicas, afectando la expresión génica relacionada con el reloj molecular, lo que puede contribuir a la adaptación de nuestro propio metabolismo a las condiciones ambientales fluctuantes. Este enfoque puede ofrecer estrategias nutricionales más efectivas para mantener la salud en un entorno en constante cambio.

Agradecimientos: Financiado por PID2020-113739RB-I00 MCIN/AEI/10.13039/501100011033.

PI-09

PBMCs para la identificación de biomarcadores del efecto de compuestos bioactivos en la salud

Paula Oliver*

¹Universidad de las Islas Baleares (UIB), Laboratorio de Biología Molecular, Nutrición y Biotecnología, Grupo de Nutrigenómica, Biomarcadores y Evaluación de riesgos, Cra. Valldemossa km 7,5, 07122, Palma, Mallorca, España

²Instituto de Investigación Sanitaria de las Islas Baleares (IdISBa)

³CIBER de Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Madrid, España

* Responsable de la ponencia: Paula Oliver (paula.oliver@uib.es)

La dieta y sus componentes influyen notablemente en la expresión de nuestros genes, lo que repercute en nuestra salud. Por ello, es crucial disponer de biomarcadores poco invasivos que indiquen cómo los componentes funcionales de los alimentos afectan nuestro metabolismo. Las células sanguíneas, especialmente las células mononucleares de sangre periférica (PBMCs), que incluyen linfocitos y monocitos, son una fuente ideal de biomarcadores. Además de su función inmunológica, estas células pueden reflejar patrones de expresión de otros tejidos internos, difíciles de obtener, en respuesta, por ejemplo, a compuestos bioactivos. Nuestro grupo de investigación de la UIB, ha contribuido notablemente en la caracterización de PBMCs como fuente de biomarcadores nutrigenómicos. Además de su innegable utilidad en estudios in vivo, hemos demostrado la eficacia de los sistemas ex vivo de PBMCs humanas para evaluar de forma rápida, sencilla, económica y segura, la eficacia de compuestos bioactivos de la dieta. Esto es relevante para promover la investigación en alimentación funcional. Concretamente, estos sistemas permiten estudiar cambios en la expresión de genes clave/biomarcadores en respuesta a compuestos como omega-3 o ácido retinoico. Esto no solo nos brinda información sobre el impacto del compuesto en la salud sino también sobre el riesgo metabólico del individuo si la respuesta no es la esperada, dando la posibilidad de prevenir. Además, se pueden identificar respuestas individualizadas a los compuestos analizados, lo que es fundamental para diseñar planes de nutrición adaptados a cada individuo. En resumen, los sistemas ex vivo de PBMCs ofrecen la posibilidad de testar de manera personalizada los efectos transcriptómicos de compuestos bioactivos con potencial impacto en la salud.

PI-10

Péptidos inmunomodulantes para el tratamiento de la alergia alimentaria: eficacia *in vivo* y mecanismo de acción

Daniel Lozano-Ojalvo, Mónica Martínez-Blanco, Elena Molina, Rosina López-Fandiño*

*Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL, CSIC-UAM),
Departamento de Alergia a Alimentos, C/ Nicolás Cabrera 9, 28049, Madrid, España*

**Responsable de la ponencia: Rosina López-Fandiño (rosina.lopez@csic.es)*

La alergia al huevo se encuentra entre las alergias alimentarias más comunes en niños europeos menores de 3 años, con una prevalencia que llega al 2%. La inmunoterapia oral con clara de huevo es una de las opciones de tratamiento más prometedoras, si bien el uso de alérgenos intactos hace que haya un alto riesgo de efectos secundarios graves. El objetivo de este trabajo fue la preparación y caracterización de hidrolizados enzimáticos de proteínas de clara de huevo con propiedades hipoalérgicas e inmunomodulantes, la comprobación de su eficacia en el tratamiento de la alergia en ratones y la elucidación de su mecanismo de acción. Se demostró que los péptidos alimentarios son más eficaces que los alérgenos intactos para proporcionar desensibilización contra la alergia alimentaria en términos de reducción de anafilaxia y niveles de anticuerpos específicos. El tratamiento con un hidrolizado de clara de huevo con pepsina moduló la microbiota, restaurando los niveles de algunos miembros del orden Clostridiales (grupos IV y XIVa) que se vieron afectados por la sensibilización, y favoreció la expresión de factores que contribuyen a reforzar la barrera intestinal. La tolerancia inducida por el hidrolizado se relacionó con el desarrollo de células T reguladoras que expresaron simultáneamente Foxp3 y ROR γ t. Demostramos que los péptidos interactúan con receptores tipo Toll en células del sistema inmune innato y adaptativo (células dendríticas y células T), potenciando el metabolismo de la vitamina A y, en particular, la biosíntesis del ácido retinoico, para promover la tolerancia oral a diferentes niveles.

PI-11

Papel de la microbiota en los efectos antihipertensivos de hidrolizados proteicos

Cristina Torres-Fuentes*, Francisca I. Bravo, Manuel Suárez, Lluís Arola y Begoña Mugerza

Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, C/Marcel·lí Domingo, Edifici N4, 43007, Tarragona, España
Grup de Recerca en Nutrigenòmica, Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili. C/ Marcel·lí Domingo Edifici N4, 43007, Tarragona, España

*Responsable de la ponencia: Cristina Torres-Fuentes (cristina.torres@urv.cat)

La microbiota intestinal se ha convertido en un factor crucial en el mantenimiento de la salud. Numerosos estudios han demostrado diferentes alteraciones en su composición que se correlacionan con la progresión de patologías como la hipertensión. Así, las intervenciones dirigidas a la microbiota ofrecen una nueva alternativa. En este sentido, los hidrolizados de proteínas (HPs) son de interés ya que pueden tener un impacto importante en las bacterias intestinales, ya que actúan como fuente de nitrógeno y pueden contener péptidos con actividad antimicrobiana. Por otra parte, los subproductos de las industrias agroalimentarias son fuentes ricas en proteínas, y su reutilización puede representar una fuente renovable para la producción de HPs, contribuyendo a la economía circular. Así, nuestra hipótesis se basó en que hidrolizados de proteínas específicos obtenidos a partir de subproductos de la industria agroalimentaria podrían modular la microbiota intestinal y promover efectos antihipertensivos. El objetivo fue identificar HPs con efectos en la microbiota intestinal y evaluar su capacidad para ejercer efectos antihipertensivos. Para alcanzar este objetivo se llevó a cabo diferentes experimentos: (1) screening *in vitro* para evaluar el potencial prebiótico de los HPs, (2) screening *in vitro* para evaluar su potencial antihipertensivo, y (3) validación de los efectos en ratas hipertensas (SHR). Como resultado, se han identificado HPs con efectos antihipertensivos mediados al menos en parte por la microbiota intestinal. Así, estos HPs se podrían incluir como ingredientes de alimentos funcionales destinados a prevenir la hipertensión, permitiendo a su vez la revalorización de subproductos de la industria agroalimentaria.

Agradecimientos: Este trabajo está financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2020-114608RA-I00; MCIN/AEI /10.13039/501100011033).

PI-12

SUCCINATO: un metabolito derivado de la microbiota con potencial terapéutico para enfermedades metabólicas

Sonia Fernández-Veledo*

Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili
URV
Ciberdem

*Responsable de la ponencia: Sonia Fernández-Veledo (sonia.fernandez@urv.cat)

Tradicionalmente considerado como un intermediario del ciclo del ácido tricarboxílico (TCA) con funciones meramente energéticas, hoy en día sabemos que el succinato es producido tanto por el huésped como por la microbiota intestinal, modulando diversos procesos fisiopatológicos a través del receptor de succinato 1 (SUCNR1). Se observa un aumento crónico en patologías como la obesidad y la diabetes, con incrementos transitorios en situaciones como el ejercicio y la ingesta de alimentos. Nuestros hallazgos revelan su papel dual en la desregulación patológica y en el mantenimiento de la homeostasis metabólica e inmunitaria.

Mediante modelos murinos de depleción de microbiota, demostramos que la microbiota intestinal es una fuente relevante del succinato circulante, especialmente en la obesidad. Intervenciones terapéuticas con bacterias consumidoras de succinato, como *Odoribacter laneus*, reducen los niveles de succinato en ratones obesos, mejorando la tolerancia a la glucosa y la inflamación. Datos clínicos confirman la correlación inversa entre los niveles de succinato plasmático y fecal en pacientes obesos, y su relación con parámetros clínicos asociados al síndrome metabólico y a la sensibilidad a la insulina. Esta aproximación terapéutica también podría ser relevante para otras funciones fisiológicas del succinato, como la regulación de la producción de leptina en adipocitos

En resumen, nuestra investigación destaca el papel del succinato derivado de la microbiota en la homeostasis energética y en la fisiopatología de enfermedades metabólicas, ofreciendo nuevas perspectivas en el desarrollo de terapias basadas en la modulación de la microbiota intestinal.

PI-13

Importancia de las vesículas extracelulares como nuevos compuestos bioactivos y su papel en el transporte de ingredientes funcionales

Alberto Dávalos* ^{1,2}, Juan Carlos Espín³, Antonio Gonzalez-Sarrias³, Andrea del Saz-Lara¹, Joao Tomé-Carneiro ⁴, Carmen Crespo⁴, Carmen Mazario¹, María-Carmen López de las Hazas ¹

¹ *Laboratory of Epigenetics of Lipid Metabolism, Madrid Institute for Advanced Studies (IMDEA)-Food, 28049 Madrid, Spain*

² *Consorcio CIBER de la Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBn), Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), 28029 Madrid, Spain.*

³ *Laboratory of Food & Health, Research Group on Quality, Safety, and Bioactivity of Plant Foods, Campus de Espinardo, CEBAS-CSIC, 30100 Murcia, Spain.*

⁴ *Laboratory of Functional Foods, Madrid Institute for Advanced Studies (IMDEA)-Food, 28049 Madrid, Spain*

**Responsable de la ponencia: Alberto Dávalos (alberto.davalos@imdea.org)*

La comunicación celular es esencial para el desarrollo de todo organismo. Para facilitar la comunicación, tanto las células vegetales como las animales, pueden liberar nanopartículas conocidas como vesículas extracelulares (VEs). Las VEs transportan de manera natural distintas moléculas bioactivas. Estudios recientes sugieren que las VEs, tanto de origen animal (ejem., exosomas) como las de origen vegetal, pueden ejercer un efecto biológico beneficioso en distintas condiciones fisiológicas y patológicas, lo que podría considerarlas como compuestos bioactivos *per se*.

Además de las propias biomoléculas que transportan de forma natural las VEs, se puede vehiculizar otras moléculas con fines nutricionales, terapéuticos, cosméticos y/o biopesticidas. De esta forma, las VEs pueden proteger parcialmente su carga de la digestión, la metabolización, la actividad enzimática (ej. Nucleasas) u otros agentes físicos, químicos o biológicos, aumentando así la estabilidad de los componentes transportados. Esto podría facilitar su absorción, distribución en los tejidos y capacidad de producir efectos biológicos en células diana.

Por ejemplo, los compuestos fenólicos de la dieta representan una fuente importante de compuestos bioactivos en la dieta humana. Sin embargo, a menudo muestran una baja biodisponibilidad debido a la escasa bioaccesibilidad y al intenso metabolismo por parte de las enzimas endógenas y la microbiota del huésped. La incorporación de (poli)fenoles a exosomas aumentaría su biodisponibilidad, eficacia y bioactividad, incluso administrados por vía oral. Pese a los resultados positivos, aun es necesario estudiar a fondo los mecanismos subyacentes antes de que la sociedad puede beneficiarse de las VEs con aplicaciones terapéuticas.

Agradecimientos: Esta investigación ha sido financiada en parte por el MCIN/ AEI /10.13039/501100011033 y la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR (TED2021-130962B-C21; TED2021-130962B-C22) y la ERDF “Una manera de hacer Europa” (PID2022-143100OB-I00). MCLH está financiada a través del programa Juan de la Cierva IJC2020-044353-/MCIN/AEI/10.13039/501100011033/EU/PRTR. AS-L está financiada por una beca predoctoral (Nº 2021-01- PhD GRANT) del International Olive Council. CIBEROBN (CB22/03/00068) es una iniciativa del Instituto de Salud Carlos III, España.

PI-14

Utilización de los metabolitos fenólicos como biomarcadores del patrón alimentario

Rosa M Lamuela-Raventós ^{*1,2,3}, Polina Galkina^{1,2,3}, Francesc M Campins-Machado^{1,2},
Eulàlia Gutierrez-Alcalde^{1,2}, Maria Pérez^{1,2,3}

¹*Polyphenol Research Group, Department of Nutrition, Food Science and Gastronomy, University of Barcelona, Barcelona, Spain* ²*Institute of Nutrition and Food Safety (INSA-UB)* ³*CIBER Physiopathology of Obesity and Nutrition (CIBEROBN), Institute of Health Carlos III, 28029 Madrid, Spain*

**Responsable de la ponencia: Rosa M Lamuela-Raventós (lamuela@ub.edu)*

Las encuestas de frecuencia de consumo han sido una de las metodologías más utilizadas para evaluar el consumo de alimentos, nutrientes y/o componentes bioactivos. Sin embargo, tienen sus limitaciones dado que no consideran la absorción y metabolismo de los componentes en el organismo. Los metabolitos fenólicos han emergido como biomarcadores para estudiar el patrón alimentario debido a su presencia en una amplia variedad de alimentos de origen vegetal. Se ha demostrado que la diversidad y cantidad de metabolitos fenólicos en la dieta están significativamente asociados a un menor riesgo de enfermedades cardiovasculares, cáncer y enfermedades neurodegenerativas. Los estudios epidemiológicos han utilizado la medición de metabolitos fenólicos en muestras biológicas para evaluar la adherencia a diferentes patrones alimentarios, como la dieta mediterránea. Además, la identificación de metabolitos fenólicos específicos en el cuerpo puede ayudar a determinar la ingesta de alimentos individuales o grupos de alimentos, lo que proporciona información detallada sobre los hábitos dietéticos de una persona. El uso de metabolitos fenólicos como biomarcadores del patrón alimentario ofrece una nueva herramienta para evaluar la relación entre la dieta y la salud, así como para diseñar estrategias de intervención dietética personalizadas. Sin embargo, se necesitan más investigaciones para comprender los mecanismos de estos compuestos y su papel en la prevención y el tratamiento de enfermedades.

Agradecimientos: This research was funded by PID2020-114022RB-I00 and CIBEROBN from the Instituto de Salud Carlos III, ISCIII from the Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, (AEI/FEDER, UE), and Generalitat de Catalunya [2021-SGR-00334]. INSA-UB is María de Maeztu Unit of Excellence (grant CEX2021-001234-M funded by MICIN/AEI/FEDER, UE).

PI-14

Crononutrición: nuevas estrategias para abordar el estudio de los compuestos bioactivos

Jorge R. Soliz-Rueda*, Enrique Calvo, Cristina Torres-Fuertes, Francisca Isabel Bravo, Gerard Aragonès, Manuel Suárez, Anna Arola-Arnal, Miquel Mulero, Lluís Arola y Begoña Muguerza

Grupo de investigación NUTRIGENÓMICA^{1,2,3}

¹ Universitat Rovira i Virgili, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Tarragona, España.

² Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili (IISPV), Tarragona, España.

³ Centro de Tecnología Ambiental Alimentaria y Toxicológica (TecnATox), Tarragona, España.

**Responsable de la ponencia:* Jorge R. Soliz-Rueda (jorgericardo.soliz@urv.cat)

Los ritmos circadianos son oscilaciones endógenas que orquestan y sincronizan la adaptación fisiológica y metabólica del organismo. Estos ritmos pueden verse afectados por el estilo de vida actual que incluye alteraciones en los ciclos luz/oscuridad y variaciones en los patrones de alimentación. No solo el qué y cuánto, sino también el cuándo comemos tiene un impacto significativo en la oscilación funcional del metabolismo. La crononutrición profundiza en los aspectos temporales de la ingesta energética, centrándose en el horario, la frecuencia y la regularidad de las comidas. Estudios recientes de nuestro grupo demostraron que la administración de una pequeña cantidad de azúcar antes de dormir altera el sistema circadiano y aumenta los marcadores de riesgo metabólico en ratas sanas. Sin embargo, en animales alimentados con dieta de cafetería se enmascaran los efectos del azúcar y aunque se observa disrupciones oscilatorias de diferentes parámetros y genes reloj del hipotálamo y órganos periféricos, estos cambios son debidos a la propia dieta obesogénica y fueron mejorados por la administración de polifenoles de pepita de uva. Estos polifenoles produjeron una disminución de la ganancia de peso más efectiva y restauraron la oscilación de diversos parámetros cuando se administraron al inicio de la fase de actividad. Estos resultados sugieren un papel crucial de los ritmos circadianos en el correcto funcionamiento del metabolismo y fisiología y en los efectos de los compuestos fenólicos que, hasta hace poco, no se tenía en cuenta y pone a la crononutrición como una disciplina clave para un nuevo abordaje del estudio de los compuestos bioactivos.

Agradecimientos: Proyectos PID2021-128813OB-I00 y PID2020-113739RB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa.

RESÚMENES: Comunicaciones Orales

CO-01

El miR-222, presente en la leche materna, regula negativamente la vía de señalización de la insulina en adipocitos

Pere Bibiloni^{*1,2,3}, Catalina A Pomar^{1,2,3}, Andreu Palou^{1,2,3}, Juana Sánchez^{1,2,3}, Francisca Serra^{1,2,3}

¹Laboratorio de Biología Molecular, Nutrición y Biotecnología (Nutrigenómica, Biomarcadores y Evaluación de riesgo), Universitat de les Illes Balears, Palma, España.

²Instituto de Investigación Sanitaria Illes Balears, IdISBa, Palma, España.

³CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), Madrid, España.

**Responsable de la ponencia:* Pere Bibiloni Coll (pere.bibiloni@uib.eu)

Introducción: Dietas desequilibradas durante la lactancia pueden condicionar la salud de la descendencia en la edad adulta, por ejemplo, mediante cambios en la composición de bioactivos de la leche materna. Entre estas variaciones, la ingesta de una dieta obesogénica incrementa los niveles de miR-222, un microRNA anteriormente vinculado a síndrome metabólico, resistencia a la insulina y diabetes. **Objetivos:** Elucidar los mecanismos moleculares a través de los que el miR-222 podría estar implicado en la programación metabólica de la obesidad. **Métodos y resultados:** Células 3T3-L1 fueron transfectadas con un mimético o un inhibidor del miR-222 y se recogieron a los 2 días (preadipocitos) o a los 8 días (adipocitos maduros). El análisis global del transcriptoma mediante microarray indicó un efecto en vías relacionadas con la señalización de la insulina, el metabolismo lipídico y la adipogénesis. Técnicas más dirigidas (RT-qPCR y Western Blot) revalidaron este impacto, ya que se observó una inhibición de efectores claves de estas vías bajo el tratamiento con el mimético de miR-222. El efecto se conservó en cierta medida en los adipocitos maduros, lo que sugiere un impacto a largo plazo del microRNA. **Conclusiones:** El miR-222 ejerce un efecto en vías metabólicas de gran importancia para la función de los adipocitos, principalmente inhibiendo rutas de señalización de la insulina y adipogénesis. Estos resultados refuerzan el papel del miR-222 como compuesto bioactivo de la leche materna potencialmente implicado en la programación metabólica de la obesidad.

Agradecimientos: CIBEROBN es una iniciativa del ISCIII. Esta investigación fue financiada por el proyecto “PI20/00417”, por parte del ISCIII, y cofinanciada por la Unión Europea (FEDER/ESF, “Invertir en tu futuro”). PB es beneficiario de un contrato predoctoral (FPU20/06023 – Ministerio de Universidades).

CO-02

Las proantocianidinas de pepita de uva modulan los cambios bruscos del ciclo luz/oscuridad a través de las vías oxidativas en hígado de ratas obesas

Antonio J. Cortés-Espinar^{*1,2}, Néstor Ibarz-Blanch^{1,2}, Francisca Isabel Bravo^{1,2}, Javier Ávila-Román³, Miquel Mulero^{1,2}

¹*Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Grup de Recerca en Nutrigenòmica, Carrer Marcel·lí Domingo nº 1, Edifici N4, Campus Sescelades, 43007, Tarragona, España*

²*Nutrigenomics Research Group, Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili. C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007 Tarragona, Spain*

³*Universidad de Sevilla, Departamento de Farmacología, Grupo de Investigación en Farmacología Molecular y Aplicada, Calle Profesor García González nº 2, Facultad de Farmacia, 41012, Sevilla, España.*

**Responsable de la ponencia: Antonio J. Cortés-Espinar (antoniojesus.cortes@urv.cat)*

Los estilos de vida modernos, incluyendo una alimentación poco saludable, el sedentarismo o el trabajo por turnos pueden modificar los ritmos biológicos generando patologías metabólicas relacionadas con el estrés oxidativo, como la obesidad o el síndrome metabólico. Estudios previos han demostrado que un extracto rico en proantocianidinas de pepita de uva (GSPE) presenta propiedades antioxidantes además de modular los ritmos biológicos. Por tanto, nuestro objetivo fue evaluar el efecto del GSPE después de una alteración brusca en el ciclo luz/oscuridad en la modulación metabólica hepática y en la respuesta antioxidante en ratas sanas y obesas. Para ello, 48 ratas Fischer 344 sensibles al fotoperiodo fueron alimentadas con dieta estándar (STD) o cafetería (CAF) durante 6 semanas en condiciones estándar (12h de luz, 23°C). Una semana antes del sacrificio, la mitad de estos animales fueron transferidos a un fotoperiodo largo (18h de luz, L18) y la otra mitad a un fotoperiodo corto (6h de luz, L6) y tratados diariamente con vehículo (VH) o 25 mg/kg GSPE. La administración de GSPE mostró efectos diferenciales atendiendo a la disrupción del fotoperiodo. En L6, el GSPE redujo el contenido lipídico hepático e incrementó la expresión de *GPx1*, así como aumentó la concentración de metabolitos antioxidantes; mientras que en L18, el extracto incrementó la respuesta antioxidante activando la ruta NRF2/KEAP1/ARE y acercó el perfil metabolómico al mostrado por el grupo STD-VH, potenciándose la actividad antioxidante en ambas disrupciones. Sin embargo, estudios adicionales ayudarán a comprender la acción del GSPE en trastornos relacionados con ritmos biológicos.

Agradecimientos: Proyecto PID2021-128813OB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa. A.J.C-E fue beneficiario de un contrato predoctoral otorgado por la Universitat Rovira i Virgili – Martí i Franquès (2019PMF-PIPF-74). F.I.B. es Serra Húnter.

RESÚMENES: Pósteres

P-01

Efecto de la administración de *Lactobacillus rhamnosus* GG viable o inactivado por calor para la prevención de la esteatosis hepática en un modelo de roedor

Laura Arellano-García^{1,2}, Iñaki Milton-Laskibar^{1,2,3}, J. Alfredo Martínez^{2,4} y María P. Portillo^{1,2,3}

¹ Grupo Nutrición y Obesidad, Departamento de Farmacia y Ciencias de los Alimentos, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), 01006, Vitoria-Gasteiz, España; lauraisabel.arellano@ehu.es

² CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN); jalfredo.martinez@imdea.org; inaki.milton@ehu.es; mariapuy.portillo@ehu.es

³ Instituto de Salud BIOARABA

⁴ Nutrición de Precisión y Salud Cardiometabólica, Instituto de Alimentación-IMDEA (Instituto Madrileño de Estudios Avanzados)

*Responsable del póster: Laura Arellano-García (lauraisabel.arellano@ehu.es)

La enfermedad de hígado graso asociada con disfunción metabólica (MAFLD) está caracterizada por una acumulación excesiva de grasa en los hepatocitos y está asociada al consumo de dietas occidentalizadas y disbiosis intestinal. El objetivo de este estudio es comparar los efectos de la administración de un parabiótico (*L. rhamnosus* GG inactivado por calor) con los del probiótico de origen en la prevención de MAFLD inducida por dieta. 36 ratas Wistar macho se dividieron en 4 grupos experimentales: dieta estándar (grupo C), dieta alta en grasa y fructosa, sola (grupo HFHF) o combinada con un probiótico (LGG, 10⁹ CFU/día, grupo PRO) o un parabiótico (LGG, a la misma dosis, grupo PARA) durante 6 semanas. El grupo HFHF aumentó su peso corporal, peso hepático, niveles de transaminasas, triglicéridos séricos y hepáticos, y parámetros asociados al índice NAS (esteatosis, ballooning e inflamación). La administración de LGG disminuyó los niveles de TGs séricos, hepáticos y el índice NAS; a pesar de no ser significativas, el parabiótico mostró las mismas tendencias de disminución. El probiótico redujo la expresión de FATP2, mientras que el parabiótico actuó a nivel de CD36. El probiótico redujo la actividad de FAS parcialmente, bajada que fue significativa en el caso del parabiótico. El contenido lipídico en heces fue significativamente mayor en el grupo PARA. Así, a pesar de que el parabiótico tuvo un mayor efecto en la lipogénesis *de novo* y sobre la absorción lipídica, el efecto delipidante del probiótico a nivel hepático parece ser mayor.

P-02

¿Son más saludables las alternativas vegetales? Una evaluación bidimensional desde los puntos de vista nutricional y de procesamiento.

Sara de las Heras-Delgado^{1,2,3}; Sangeetha Shyam^{1,2,3}; Èrica Cunillera²; Lica Natalia Dragusan²; Jordi Salas-Salvadó^{1,2,3} y Nancy Babio^{1,2,3}

¹*Centro de Investigación Biomédica en Red Fisiopatología de la Obesidad y la Nutrición (CIBEROBN), Institute of Health Carlos III, Madrid, Spain*

²*Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Unitat de Nutrició, Reus, Spain*

³*Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili (IISPV), Reus, Spain*

**Responsable del póster: Sara de las Heras-Delgado (sara.delasheras@urv.cat)*

Introducción: Cada vez hay más productos vegetales alternativos a la carne y los lácteos. Su calidad nutricional relativa en comparación con sus homólogos de origen animal está poco documentada. **Objetivos:** Caracterizar y evaluar las alternativas de origen vegetal disponibles en el mercado español en comparación con los productos de origen animal en términos de su composición, perfil nutricional y grado de procesado. **Métodos:** Se compararon cinco categorías de productos alternativos vegetales (PAV) (n=922) con alimentos de origen animal procesados (AAP) (n=922) y sin procesar (AASP) (n=381), utilizando la puntuación FSAm-NPS y los criterios de clasificación NOVA. **Resultados:** Comparado con los AAP o AASP, los PAVs contienen más azúcar, sal y fibra. A excepción del pescado, marisco y carne que contenían menos proteínas y grasas saturadas. El 68% de los PAV, el 43% de los AAP y el 75% de los AASP tenían mejor perfil nutricional. El 17% de los PAV, el 35% de AAP y el 13% de AASP tenían peor perfil nutricional. Las alternativas a los lácteos, el pescado y la carne obtuvieron puntuaciones FSAm-NPS más bajas (más saludables), mientras que las alternativas al queso obtuvieron puntuaciones más altas (menos saludables) que los APP. El pescado y la carne sin procesar eran más saludables que los PAV. El 37% de los PAV y el 72% de los APP eran alimentos ultraprocesados. **Conclusiones:** La mayoría de los PAV tenían mejor perfil nutricional que los AAP. Sin embargo, los PAV de queso, pescado y carne tenían peor perfil nutricional y estaban más procesados. Dado el alto grado de procesado y el perfil nutricional variable, los PAV requieren una evaluación sobre la salud.

Agradecimientos: N.B. agradece el apoyo financiero del Consell Social de la Universitat Rovira i Virgili, el Premio Jaume Vicens Vives de la Generalitat de Catalunya y Publicacions URV. J.S.-S. agradece el apoyo financiero de ICREA-Academia.

P-03

Propiedades antimicrobianas y antioxidantes de hidrolizados proteicos obtenidos a partir de un coproducto agroalimentario de origen animal

A. García-Ruiz^{1,2,3}, P. Martí⁴, A. Serrano-López¹, B. Muguera^{1,2,3}, I. Nogué-Serra⁵, G. Masferrer⁵, C. Torres-Fuentes^{1,2,3}, P. Puig⁴, F. I. Bravo^{1,2,3}

¹Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica y Biotecnologia, Grupo de Investigación de Nutrigenómica, Marcel·lí Domingo 1, 43007, Tarragona

² Grupo de Investigación de Nutrigenómica, Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili. C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007, Tarragona

³Centro de Tecnología Ambiental, Alimentaria y Toxicológica (TecnATox). Universitat Rovira i Virgili, C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007, Tarragona

⁴ Andrés Pinaluba S.A., c/ Prudenci Bertrana, 5, Polígono AgroReus, 43206, Reus, Tarragona

⁵ Matadero Frigorífico del Cardoner, S.A. Paratge Can Canals Nou, s/n, 08250, Sant Joan de Vilatorrada, Barcelona

*Responsable del póster: Almudena García Ruiz (almudena.garcia@urv.cat)

El uso indebido e indiscriminado de antibióticos ha generado consecuencias negativas tanto en personas como animales, así como la consecuente aparición de resistencias antimicrobianas. Por este motivo, se buscan nuevas alternativas al uso de antibióticos. Los coproductos agroalimentarios se caracterizan por ser fuente de compuestos bioactivos. En particular, los péptidos bioactivos destacan por poseer una amplia variedad de funcionalidades, entre las que podemos destacar propiedades antimicrobianas y antioxidantes. Basado en ello, el objetivo del presente estudio fue la obtención de nuevos hidrolizados proteicos con actividad antimicrobiana y antioxidante a partir de un coproducto cárnico con el fin de ser utilizado en la preservación de productos alimentarios. Para ello, a partir de diferentes condiciones de hidrólisis, se generaron un total de 48 hidrolizados proteicos, evaluándose su actividad antimicrobiana mediante el método de difusión en agar, para posteriormente determinar su concentración mínima inhibitoria y actividad antioxidante. Por último, estas determinaciones también se realizaron en las fracciones de peso molecular <10KDa y <3KDa obtenidas de dos hidrolizados seleccionados. El 100% de los hidrolizados proteicos obtenidos mostraron actividad antimicrobiana frente al menos uno de tres de los patógenos ensayados. Los hidrolizados ARF01 y ARF35 destacaron por mostrar una buena capacidad de inhibición del crecimiento de los patógenos analizados, así como una buena capacidad antioxidante. Los péptidos con menor peso molecular mostraron una relación negativa con la actividad antimicrobiana, mientras que esa correlación fue positiva en cuanto a la actividad antioxidante. Sin embargo, más estudios son necesarios para evaluar el potencial antimicrobiano y antioxidante de estos hidrolizados al ser incluidos en matrices alimentarias.

Agradecimientos: BIOPEPTIDS. Aprovechamiento de subproductos cárnicos para la obtención de hidrolizados bioactivos con propiedades antimicrobianas. Proyecto financiado a través de la Operación 16.01.01 (cooperación para la innovación) del PDR de Catalunya 2014-2022 y gestionado por INNOVACC.

P-04

Evaluación del potencial antiinflamatorio de ácidos grasos omega-3 y celastrol en un sistema ex vivo de PBMCs humanas

Carmen García-Ruano^{1,2,3}, Catalina Picó^{1,2,3}, Andreu Palou^{1,2,3}, Paula Oliver^{1,2,3}

¹Universidad de las Islas Baleares (UIB), Laboratorio de Biología Molecular, Nutrición y Biotecnología, Grupo de Nutrigenómica, Biomarcadores y Evaluación de riesgos, Cra. Valldemossa km 7,5, 07122, Palma, Mallorca, España

²Instituto de Investigación Sanitaria de las Islas Baleares (IdISBa)

³CIBER de Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Madrid, España

*Responsable del póster: Carmen García-Ruano (carmen.garcia@uib.eu)

La inflamación juega un papel relevante en la aparición/progresión de múltiples patologías como enfermedad cardiovascular, cáncer o incluso demencia. Por ello, hay gran interés en identificar compuestos bioactivos antiinflamatorios. Nuestro objetivo ha sido utilizar un sistema ex vivo de células mononucleares de sangre periférica (PBMCs) humanas para evaluar el conocido efecto antiinflamatorio de los ácidos grasos omega-3 y comparar su eficacia con la de otro compuesto menos estudiado, el celastrol (triterpeno pentacíclico derivado de la planta *Tripterygium wilfordii*). También se ha analizado una posible influencia de la edad en la respuesta antiinflamatoria a ambos compuestos. Para ello se han incubado PBMCs de jóvenes-adultos y de adultos (26 ± 1 y 70 ± 2 años, respectivamente, $n=10$ /grupo) con dosis fisiológicas ($10 \mu\text{M}$) de omega-3 (DHA, EPA, DHA+EPA) y con celastrol ($0,05 \mu\text{M}$). Se analizó por RT-qPCR la expresión génica de 2 citoquinas proinflamatorias (IL-6 y TNF- α). El tratamiento con los omega-3 produjo un descenso en la expresión de IL-6 en ambos grupos (con un valor promedio de 22%); este efecto fue menor a mayor adiposidad corporal. La reducción de la expresión de IL6 en respuesta al celastrol fue más potente (72%) y no dependiente de la adiposidad. No se obtuvieron efectos relevantes sobre la expresión de TNF. Estos resultados muestran la utilidad de los sistemas ex vivo de PBMCs para evaluar el efecto antiinflamatorio de compuestos bioactivos de forma rápida y segura, sin necesidad de administrarlos. Además, se destaca el mayor potencial antiinflamatorio del celastrol en comparación con el de los ácidos grasos omega-3.

P-05

Flavonoides y prevención de tautopatías: mecanismos moleculares y permeabilidad a través de la barrera hematoencefálica

Lidia Garzón-García^{1*}, Catarina Rodrigues², Begoña Ayuda-Durán¹, Susana González-Manzano¹, Celestino Santos-Buelga¹, Ana Faria² y Ana M. González-Paramás¹

¹Grupo de Investigación en Polifenoles (GIP-USAL), Unidad de Nutrición y Bromatología, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca - 37007 Salamanca – España.

²Nutrition & Metabolism, NOVA Medical School, Faculdade de Ciências Médicas (NMS, FCM), Universidade Nova de Lisboa, 1169-056 Lisboa – Portugal.

*Responsable del póster: Lidia Garzón-García
(lidiagarzon@usal.es)

La ingesta de alimentos ricos en flavonoides podría ayudar a reducir el riesgo de sufrir enfermedades neurodegenerativas como la enfermedad de Alzheimer (EA). El consumo de quercetina (Q) y epicatequina (EC), dos de los flavonoides mayoritarios en alimentos, se ha relacionado con una reducción en los niveles de proteína tau hiperfosforilada (p-tau) en ratones transgénicos modelo de EA. Sin embargo, se necesita comprender los mecanismos moleculares implicados en este efecto. Con este objetivo, la cepa BR5270 de *Caenorhabditis elegans*, que expresa el fragmento pro-agregante F3DK280 de la proteína tau humana, fue tratada con EC y Q 150 μ M y se cuantificaron los niveles de expresión de genes asociados a la inhibición de la toxicidad de esta proteína. La expresión de genes relacionados con la autofagia aumentó significativamente, mientras que la de genes relacionados con la respuesta a proteínas mal plegadas disminuyó. La sub-expresión de este último tipo de genes podría deberse a la estimulación de la autofagia con la subsecuente posible reducción de agregados p-tau. Además, se evaluó la capacidad de Q, EC y metabolitos de microbiota intestinal para atravesar la barrera hematoencefálica utilizando la línea celular hCMEC3. El mejor conocimiento de la biodisponibilidad de los flavonoides y sus metabolitos y de su capacidad para llegar al cerebro y modular rutas implicadas en la inhibición de p-tau podrían ser claves en el desarrollo de estrategias para prevenir o paliar las enfermedades relacionadas con p-tau.

Agradecimientos: se agradece la financiación recibida por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 a través del proyecto PID2019-106167RB-I00, Consejería de Educación (Proyecto SA093P20), y Programas Estratégicos de Investigación para Unidades de Excelencia de la Junta de Castilla y León (ref. CLU-2018- 04). Lidia Garzón-García ha sido subvencionada por la beca PRE2020-095876 asociada al proyecto MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 y por "FSE Invierte en tu futuro".

P-06

**Estudio nutrimetabolómico para identificar biomarcadores de antocianinas:
Dirigiendo la actividad de la microbiota intestinal mediante un ensayo cruzado
aleatorizado y controlado en individuos saludables**

Mostafa H.^{1,2}, Meroño T.^{1,2}, Gonzalez-Dominguez R.^{1,2}, Rudloff S.³, Kuntz S.³, Andres-Lacueva, C.^{1,2}

¹*Biomarkers and Nutrimentalomics Laboratory, Department of Nutrition, Food Sciences and Gastronomy, Food Innovation Network (XIA), Nutrition and Food Safety Research Institute (INSA), Faculty of Pharmacy and Food Sciences, University of Barcelona, 08028, Barcelona, Spain.*

²*Centro de Investigación Biomédica en Red de Fragilidad y Envejecimiento Saludable (CIBERFES), Instituto de Salud Carlos III, Spain.*

³*Department of Nutritional Sciences, Justus-Liebig-University Giessen, Germany*

**Responsable del póster: Hamza Mostafa (hamza.mostafa@iispv.cat)*

Las antocianinas (ACN) son polifenoles presentes en frutas coloreadas. La mayoría de las ACN ingeridas pueden llegar al colon, donde son metabolizadas por la microbiota intestinal. El objetivo fue identificar biomarcadores de la ingesta de ACN mediante un enfoque de nutrimetabolómica en plasma, orina y heces utilizando UHPLC-MS/MS. Un ensayo aleatorizado, doble ciego, controlado con placebo, cruzado, de 28 días, comparando los efectos de un zumo rico en ACN vs. placebo (n=35). Se recogieron muestras de sangre, orina de 24h y heces en día 0 y día 28 de cada fase de intervención. Se utilizó UHPLC-MS/MS dirigido para identificar biomarcadores de la ingesta de ACN. El logaritmo en base 2 del cambio fue utilizado para calcular la variación entre la medición "fin de la intervención-baseline", y se utilizaron modelos mixtos lineales para comparar los efectos del zumo vs. placebo. Los participantes eran jóvenes (24,5±2,5 años), mayoritariamente mujeres (77%) con un índice de masa corporal promedio de 21,7±2,3 Kg/m². En comparación con el placebo, 22 biomarcadores estuvieron significativamente asociados con la ingesta de ACN, tres en plasma; 2,4,6-trihidroxibenzaldehído, 4'-hidroxi-3'-metoxifenil-γ-valerolactona glucuronida y 3',4'-dihidroxifenil-γ-valerolactona, doce en orina incluido; ácido o-cumárico, 4-hidroxibenzofenona, 3'-metilepicatequina sulfato, ácido 2-hidroxibenzoico sulfato, 3',4'-dihidroxifenil-γ-valerolactona 3'-glucuronida y 3',4'-dihidroxifenil-γ-valerolactona 4'-glucuronida, y siete en heces incluido; ácido glutárico, ácido vanílico, alcohol homovanílico. La mayoría de los biomarcadores identificados fueron metabolitos fenólicos de la microbiota intestinal, que también podrían ser responsables de algunos de los beneficios para la salud asociados con el consumo de ACN, como la disminución de riesgos cardiovasculares y actividades anticancerígenas.

P-07

Diferencias del microbioma intestinal en niños con TDAH y TEA y efectos de suplementación probiótica

Nil Novau-Ferré^{1,2,3}, Meritxell Rojo-Marticella⁴, Christopher Papandreou^{2,3}, Mònica Bulló^{1,2,3,5}, Josefa Canals⁴

¹*Universidad Rovira y Virgili, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Grupo de Investigación en Nutrición y Salud Metabólica - NuMeH, Calle Sant Llorenç 21, 43201, Reus, España.*

²*Instituto de Salud Pere Virgili-IISPV, Grupo de Investigación en Nutrición y Salud Metabólica - NuMeH, Calle Sant Llorenç 21, 43201, Reus, España.*

³*Universidad Rovira y Virgili, Centro de Tecnología Ambiental, Alimentaria y Toxicológica – TecnATox, Calle Sant Llorenç 21, 43021, Reus, España.*

⁴*Grupo de investigación Nutrición y Salud Mental- NutriSam, Departamento de Psicología, Universitat Rovira i Virgili, 43007 Tarragona, España*

⁵*Instituto de Salud Carlos III, Centro de Investigación Biomédica en Red Fisiología de la Obesidad y la Nutrición – CIBEROBN, Av. Monforte de Lemos 3-5, 28029, Madrid, España.*

*Responsable del póster: Nil Novau Ferré (nil.novau@urv.cat)

Cada vez hay más pruebas de que la microbiota intestinal desempeña un papel importante en los trastornos del neurodesarrollo, como el trastorno por déficit de atención con hiperactividad (TDAH) y el trastorno del espectro autista (TEA). El objetivo de nuestro estudio fue comparar la composición de la microbiota intestinal entre estos trastornos y evaluar el efecto de la suplementación con probióticos. Investigamos la composición del microbioma intestinal en 80 niños (39 diagnosticados con TDAH y 41 con TEA) que recibieron una suplementación probiótica de 12 semanas. Identificamos 22 taxones con representación diferencial capaces de diferenciar los dos trastornos (AUC=0,939), con una mayor presencia de *Lachnospiraceae*, *Ruminococcaceae* y *Clostridia* en el TDAH, y de *Actinobacteria*, *Bacilli* y *Bacteroides* en el TEA. Los niños con TEA que recibieron probióticos presentaron aumentos significativos en los índices Chao 1, alfa de Fisher y Shannon, mientras que no se encontraron diferencias significativas en la diversidad en el TDAH. En el TDAH, las bacterias con posibles efectos adversos estaban infrarrepresentadas, y en el TEA, la abundancia de *Eggerthellaceae*, asociada a síntomas depresivos, y otros taxones asociados a problemas gastrointestinales y ansiedad estaba disminuida. La suplementación con probióticos alteró favorablemente la composición de su microbiota intestinal. Estas variaciones dinámicas de la microbiota intestinal pueden desempeñar un papel fundamental en las respuestas de los niños diagnosticados de TDAH y TEA. Nuestros hallazgos aportan información valiosa al conocimiento en evolución del eje intestino-cerebro y refuerzan las perspectivas de futuras estrategias terapéuticas dirigidas al microbioma en los trastornos del neurodesarrollo.

P-08

**Análisis Integral en Ratas Hembra con Suplementación Crónica de Insectos:
Importancia de la Expresión Intestinal de los Receptores del Gusto y sus
Implicaciones para la Salud**

Mònica Lores^{1,*}, Helena Segú¹, Harry Park², Oria Soler¹, Raúl Beltrán-Debón¹, Ximena Terra¹, Montserrat Pinent¹, Anna Ardévol¹, M Teresa Blay¹, Esther Rodríguez-Gallego¹.

¹*MoBioFood Research Group, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Universitat Rovira i Virgili, España.*

²*Programa de Trastornos Cardiovasculares y Metabólicos, Facultad de Medicina Duke-NUS, Centre for Computational Biology, Singapur.*

**Responsable del póster: Mònica Lores (monica.lores@urv.cat)*

Los receptores del gusto, ubicados en el tracto gastrointestinal, son susceptibles a la modulación dietética y desempeñan un papel crucial en la respuesta a los componentes de nuestra alimentación. Los insectos representan una fuente sostenible y altamente nutritiva de proteínas. En este estudio, se investigó el efecto del consumo de insectos en la salud general y, específicamente, en la salud intestinal. Durante 21 días, se suministraron suplementos de *Tenebrio molitor* o *Alphitobius diaperinus* a ratas Wistar hembra, tanto en condiciones normales como inflamatorias. Se evaluaron diversos parámetros morfológicos, bioquímicos, inflamatorios y la expresión génica de receptores del gusto en el intestino. Las variables se analizaron posteriormente en un enfoque multivariante mediante nuestro proceso de selección de variables, que toma el consenso de tres algoritmos de *Machine Learning*. Paralelamente, se realizó un análisis de correlación de variables. Los resultados resaltaron la relevancia de los receptores del gusto en la diferenciación entre los grupos estudiados, siendo la expresión de *Tas1r1* en colon una de las variables más distintivas entre los grupos que consumían insectos y aquellos que no. Además, el análisis de correlación indicó la posible participación de estos receptores en respuestas metabólicas e inflamatorias. En conclusión, este estudio demuestra que el consumo de insectos afecta la modulación de los receptores del gusto en el tracto gastrointestinal, lo que repercute en la función intestinal y genera efectos fisiológicos más extensos.

Agradecimientos: Investigación financiada por TED2021-131783B-I00 y “Unión Europea NextGenerationEU/PRTR”, y PID2021-122636OB-I00 del FEDER “Una manera de hacer Europa” ambas del MCIN. ML es parte de la ayuda PRE2022-103004, financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por el FSE+. HS y OS reciben financiación de PMF-URV. MP y XT de PHS.

P-09

Crononutrición: nuevas estrategias para el estudio de la interacción entre los relojes biológicos y la nutrición

David Roselló-Martínez*, Begoña Mugerza y Jorge R. Soliz-Rueda

Grupo de investigación NUTRIGENÓMICA^{1,2,3}

¹ *Universitat Rovira i Virgili, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Tarragona, España*

² *Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili (IISPV), Tarragona, España*

³ *Centro de Tecnología Ambiental Alimentaria y Toxicológica (TecnATox), Tarragona, España.*

**Responsable del póster: David Roselló-Martínez
(david.rosello@estudiants.urv.cat)*

Los ritmos circadianos son oscilaciones autónomas que gobiernan la adaptación fisiológica y metabólica del organismo. No solo el qué y cuánto, sino también el cuándo comemos tiene un impacto significativo y directo en la oscilación funcional del metabolismo. De hecho, cambios en el horario de las comidas puede provocar una ruptura de la sincronización metabólica. Este estudio evaluó el impacto del consumo de una cantidad pequeña de azúcar a diferentes horas del día. Para ello, se llevó a cabo un estudio en 36 ratas Wistar a las que se implantó un chip en la aorta para monitorizar actividad y otros parámetros fisiológicos como temperatura y presión arterial y fueron divididas en 3 grupos. Dos grupos recibieron diariamente una dosis baja de azúcar (160 mg/kg, equivalente a 2,5 g en humanos) a las 8:00 am o 8:00 pm (ZT1 y ZT13, respectivamente) durante 7 semanas. El tercer grupo no recibió la dosis de azúcar y se consideró el grupo control. Se observó un aumento de peso corporal y una menor tolerancia a la glucosa cuando se administró el azúcar al inicio del período de descanso y un desplazamiento de la ritmicidad diurna de la actividad, presión arterial, y temperatura. Aunque no hay diferencias en la ingesta, se observó una tendencia a cambiar el patrón de alimentación en el grupo que recibió la dosis a ZT1. Estos resultados resaltan la importancia de la crononutrición en el estudio del metabolismo.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades MCIN/ AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa (número de proyecto: PID2021-128813OB-I00).

P-10

El impacto del tabaco provoca cambios epigenéticos en el tejido adiposo subcutáneo: Implicaciones en la Progresión de la Enfermedad de Crohn

Irene Vañó-Segarra¹, Diandra Monfort-Ferré¹, Albert Boronat-Toscano¹, Margarita Menacho, Gemma Valldosera², Aleidis Caro², Laura Clua-Ferré⁴, Josep Manyé⁵, Carolina Serena¹

¹Hospital Universitari Joan XXIII de Tarragona. Institut de Investigació Sanitària Pere i Virgi

²Sequentia Biotech, Carrer Comte d'Urgell 240, 08036 Barcelona, Spain,

³Institut d'Investigació Germans Trias i Pujol,

⁴Institut d'Investigació Germans Trias i Pujol, CIBERehd

*Responsable del póster: Irene Vañó Segarra (irenevanyosegarra@gmail.com)

Fumar tiene un fuerte impacto negativo en la enfermedad de Crohn (EC), aumentando el riesgo de inicio temprano y recurrencia postoperatoria. En este estudio, se investigó el impacto del tabaquismo en la EC a través de la epigenética, centrándose en la metilación del ADN en el tejido adiposo subcutáneo (SAT) de pacientes fumadores y no fumadores con EC. Se planteó la hipótesis de que el tabaco podría alterar la metilación de genes relacionados con la EC, contribuyendo así a un peor pronóstico en los pacientes fumadores. Se empleó un análisis de amplia cobertura del epigenoma utilizando un array de metilación, identificando posiciones (DMPs) y regiones (DMRs) con metilación diferencial. Además, se realizó un análisis de expresión génica para establecer correlaciones entre la metilación y la expresión génica posterior, y se llevaron a cabo estudios funcionales de las vías afectadas. Los resultados revelaron un patrón distintivo de metilación del ADN en el SAT de fumadores con EC, con miles de posiciones y regiones con metilación diferencial implicadas en procesos biológicos relevantes para la EC. Se encontraron correlaciones entre la metilación y la expresión génica posterior en genes clave como PPARG, FOXP1, NOD2 y TNF. El estudio funcional indicó que fumar provoca cambios epigenéticos en vías clave como apoptosis, respuesta inmune, daño del ADN y autofagia. En conclusión, el tabaco induce cambios epigenéticos en pacientes con EC que podrían afectar negativamente su pronóstico, y las correlaciones observadas entre la metilación y la expresión génica proporcionan una mayor comprensión de la enfermedad.

P-11

Desarrollo de hidrolizados proteicos antihipertensivos a partir de un coproducto agroalimentario vegetal

Alejandro Serrano-López^{1,*}, Almudena García-Ruiz^{1,2,3}, B. Muguerza^{1,2,3}, Gerard Aragonès^{1,2,3}, Francisca Isabel Bravo^{1,2,3}

¹Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Nutrigenomics Research Group, Marcel·lí Domingo 1, 43007, Tarragona, España.

²Nutrigenomics Research Group, Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili. C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007, Tarragona, Spain

³Center of Environmental, Food and Toxicological Technology (TecnATox), University Rovira i Virgili, C/ Marcel·lí Domingo s/n, 43007 Tarragona, Spain

*Responsable del póster: Alejandro Serrano López (alejandro.serranol@estudiants.urv.cat)

La hipertensión es un factor de riesgo de enfermedades cardiovasculares y su prevalencia mundial está en auge. Es por ello que se buscan estrategias para prevenirla. Los coproductos agroalimentarios emergen como una gran fuente de compuestos bioactivos de origen natural. Entre ellos, los péptidos bioactivos, que presentan una amplia variedad de funcionalidades, incluidas las antihipertensivas. El objetivo de este estudio fue obtener hidrolizados proteicos antihipertensivos a partir de un coproducto agroalimentario de origen vegetal. Se elaboraron 60 hidrolizados a partir del coproducto variando las condiciones de hidrólisis (enzima, tiempo, y concentración enzima/sustrato). Se evaluó la actividad inhibitoria de la enzima convertidora de angiotensina (iECA), enzima involucrada en el desarrollo de hipertensión, y se estudió el tipo de inhibición que presentaban los 3 hidrolizados más activos. Se seleccionaron 2 hidrolizados para evaluar su actividad antihipertensiva en ratas espontáneamente hipertensas tras su administración oral y aguda (55 mg/kg). Los hidrolizados mostraron un amplio rango de actividad iECA (26-93 %). H10, H18 y H60 se seleccionaron por su actividad y por ser obtenidos con las condiciones más económicas. Mostraron un IC₅₀ entre 341.5 -480.9 µg/mL e inhibieron a la enzima de forma competitiva. Además, H60 redujo la presión arterial tanto sistólica como diastólica de las ratas tras su administración oral. H10 no mostró efecto antihipertensivo. H60 podría ser buen candidato para su uso como ingrediente funcional para la prevención de la hipertensión. No obstante, se necesitan más estudios para explorar sus efectos antihipertensivos tras su administración a largo plazo y en humanos.

Agradecimientos: Proyecto CPP2021-008511 financiado por MCIN/AEI /10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/ PRTR. F.I.B y G.A son Lectores Serra Húnter.

P-12

Efecto de *Opuntia stricta* var. *dillenii* y *Opuntia ficus-indica* en la prevención de estrés oxidativo en un modelo murino de esteatosis hepática inducida por dieta

Irene Besné-Eseverri^{1,2*}, Jenifer Trepiana^{1,2,3}, María Pilar Cano⁴ and María Puy Portillo^{1,2,3}

¹Grupo Nutrición y Obesidad, Departamento de Nutrición y Ciencias de los Alimentos, Facultades de Farmacia, Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU) e Instituto de Investigación Lucio Lascaray, Vitoria-Gasteiz, España.

²CIBERobn Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición, Instituto de Salud Carlos III, Vitoria-Gasteiz, España.

³BIOARABA Instituto de Investigación de Salud, Vitoria-Gasteiz, España.

⁴Departamento de Biotecnología y Microbiología de los Alimentos, Instituto de Investigación de Ciencias de los Alimentos (CIAL, CSIC-UAM), Madrid, España

*Responsable del póster: Irene Besné Eseverri (irene.besne@ehu.eus)

El estrés oxidativo está implicado en el desarrollo de la enfermedad de hígado graso. El objetivo de este estudio es analizar el efecto de un extracto de cáscara de *Opuntia stricta* var. *dillenii* (OD) y otro de pulpa de *Opuntia ficus-indica* (OFI) en el estrés oxidativo hepático en un modelo de rata con esteatosis. 60 ratas Wistar macho fueron distribuidas en 6 grupos (n = 10) y alimentadas con dieta estándar (C) o dieta rica en grasa y fructosa (HFHF), suplementadas o no con dosis baja (25 mg/kg): L-OD y L-OFI; o alta (100 mg/kg): H-OD y H-OFI, durante 8 semanas. Se determinaron espectrofotométricamente los triglicéridos y el malondialdehído (MDA) hepático y las actividades enzimáticas de superóxido dismutasa (SOD), catalasa (CAT) y glutatión peroxidasa (GPx). La dieta HFHF aumentó los triglicéridos hepáticos y L-OFI los redujo significativamente (-11.3%). La dieta HFHF inhibió la actividad de SOD y CAT, provocando un aumento del estrés oxidativo; mientras que no modificó la actividad de GPx. H-OD y H-OFI previnieron parcialmente la disminución de SOD (86.6% y 63.9% vs. HFHF, respectivamente). El H₂O₂ acumulado no se descompuso con L-OFI y H-OFI, ya que disminuyó la actividad de GPx (-48 % y -69%, respectivamente). Además, L-OD disminuyó la actividad de CAT (-7.4%) en comparación al grupo HFHF. La lipoperoxidación aumentó en HFHF y disminuyó con H-OD y H-OFI (-28.7% y -32.1%, respectivamente). En conclusión, L-OFI mejoró la esteatosis inducida por la dieta, pero H-OD parece la suplementación más efectiva en la prevención del estrés oxidativo.

P-13

Efectos de una Dieta Alta en Grasas sobre miARNs relacionados con la Resistencia a la Insulina en Suero y Tejido Cerebral de Ratones APPswe/PS1dE9 y Wild-Type

Melina Rojas-Criollo^{1,2,3}, Nil Novau-Ferré^{1,2,3}, Laia Guiterrez-Tordera^{1,2,3}, Miren Ettcheto^{4,5,6}, Jaume Folch^{1,2,3,6}, Christopher Papandreou^{1,2,3}, Laura Panisello^{1,2,3*}, Antonio Camins^{4,5,6}, Mònica Bulló^{1,2,3,7}.

¹*Nutrition and Metabolic Health Research Group, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Universidad Rovira i Virgili, Reus, España.*

²*Center of Environmental, Food and Toxicological Technology (TecnATox), Universidad Rovira i Virgili, Reus, España.*

³*Instituto de Investigación Sanitaria Pere Virgili, Reus, España.*

⁴*Facultad de Farmacia y Ciencias de los Alimentos, Universidad de Barcelona, España.*

⁵*Instituto de Neurociencia, Universidad de Barcelona, España.*

⁶*CIBER Enfermedades Neurodegenerativas (CIBERNED), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.*

⁷*CIBER Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBN), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.*

**Responsable del póster: Laura Panisello Melo (laura.panisello@urv.cat)*

Introducción: Los miARN relacionados con la resistencia a la insulina (RI) se han asociado con el desarrollo y la progresión de la enfermedad de Alzheimer (EA). La modulación dietética de estos miARN podría convertirse en una estrategia potencial para tratar la EA. **Objetivo:** evaluar el efecto de una dieta alta en grasas (HFD), que agrava los procesos patogénicos relacionados con la EA, en la expresión de miRNAs relacionados con la IR en suero, córtex e hipocampo. **Métodos:** ratones C57BL/6J WT y APPSwe/PS1dE9 fueron alimentados con una HFD o con una dieta convencional hasta los 6 meses de edad. **Resultados:** Los ratones alimentados con HFD mostraron un aumento significativo del peso corporal y un empeoramiento del metabolismo de la glucosa y la insulina. miR-19a-3p se encontró regulado al alza en la corteza, el hipocampo y el suero de los ratones APP/PS1 y en el suero y el hipocampo de los ratones WT alimentados con una HFD. miR-34a-5p y miR-146a-5p se regularon al alza en el suero de ambos genotipos de ratones después de consumir una HFD. El miR-29c-3p sérico se sobreexpresó tras consumir una HFD junto con el miR-338-3p hipocampal y el miR-125b-5p sólo en ratones WT. **Conclusiones:** La HFD modula la expresión de miRNAs periféricos y cerebrales relacionados con el metabolismo de la glucosa y la insulina, sugiriendo su papel potencial no sólo como dianas terapéuticas para la EA sino también como biomarcadores periféricos para monitorizar la EA.

P-14

Las procianidinas de pepita de uva previenen los efectos del envejecimiento en ratas hembra mediante su acción sobre los receptores de gusto amargo (Tas2r) intestinales.

Maria Descamps-Solà^{1*}, Adrià Vilalta^{1*}, Montserrat Pinent¹, Esther Rodríguez¹, Raül Beltrán, Ximena Terra¹, Anna Ardévol¹

¹ *Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Grup de Recerca MoBioFood, Tarragona, Espanya.*

* *Responsables del póster:* Maria Descamps Solà (maria.descamps@urv.cat) y Adrià Vilalta Videgain (adria.vilalta@urv.cat).

En la actualidad, dado el incremento de la esperanza de vida, el reto a resolver es conseguir un envejecimiento saludable. Se ha observado que el consumo de proantocianidinas de la pepita de uva (GSPE) es protector frente a los cambios producidos por el envejecimiento. Se ha demostrado que diversas moléculas presentes en el GSPE son ligandos de receptores del gusto amargo (Tas2r) presentes en el intestino. Dada la baja biodisponibilidad que presentan diversas proantocianidinas, se postula que la activación de estos receptores intestinales explicaría algunos de los efectos positivos sobre la salud. El objetivo de este estudio es definir la modificación del perfil de expresión de dichos receptores a lo largo del intestino por el envejecimiento y evaluar si un tratamiento preventivo con GSPE resulta protector. Se utilizaron ratas hembra de 3 y 21 meses, a las que se les administró una dosis preventiva de GSPE (500 mg/kg) durante 10 días y se sacrificaron 75 días después del inicio del estudio. En los distintos tramos intestinales se cuantificaron por PCR Real Time, la expresión de 10 Tas2r. La mayoría de los Tas2r analizados ven reducida su expresión con el envejecimiento. El tratamiento con GSPE previene estas alteraciones de algunos Tas2r, especialmente en el duodeno y yeyuno. En conclusión, un tratamiento preventivo con GSPE ejerce efectos protectores sobre los cambios provocados por el envejecimiento en receptores de gusto amargo, localizados a nivel intestinal, reforzando su posible interacción como mecanismo para explicar sus efectos saludables.

Agradecimientos: El proyecto PID2021-122636OB-I00 ha sido financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033, “FEDER Una manera de hacer Europa”, la “Unión Europea NextGenerationEU/PRTR” y el Plan Serra Húnter de la Generalitat de Catalunya.

P-15

Las proantocianidinas de pepita de uva restablecen el ritmo circadiano de los genes reloj del tejido adiposo blanco en ratas obesas expuestas a diferentes ciclos de luz y oscuridad

María García-Martínez*, Jorge R. Soliz-Rueda, Marina Colom-Pellicer, Eliska Podolakova, Begoña Muguerza y Gerard Aragonès

Grupo de investigación NUTRIGENÓMICA^{1,2,3}

¹Universitat Rovira i Virgili, Departamento de Bioquímica y Biotecnología, Tarragona, España

²Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili (IISPV), Tarragona, España

³Centro de Tecnología Ambiental Alimentaria y Toxicológica (TecnATox), Tarragona, España

*Responsable del póster: María García-Martínez (maria.garciam@estudiants.urv.cat)

El tejido adiposo blanco (TAB) muestra una oscilación diurna regulada por los genes reloj que se expresan de forma autónoma y gobiernan la funcionalidad del tejido. El reloj central y factores externos como la dieta modulan esta ritmicidad. Las proantocianidinas (PACs), compuestos fenólicos con efectos metabólicos beneficiosos, mostraron recientemente efectos moduladores sobre la expresión de estos genes. Este estudio evaluó la capacidad moduladora de las PACs de pepita de uva sobre la expresión de los genes reloj en explantes de TAB de ratas obesas expuestas a diferentes ciclos de luz/oscuridad. Se obtuvieron explantes de TAB de 24 ratas Fischer alimentadas durante 7 semanas con dieta estándar (STD) o cafetería (CAF). En la séptima semana, los animales se cambiaron a fotoperiodo corto (6h luz, L6) o largo (18h luz, L18). Durante esta semana, los animales CAF recibieron GSPE (25 mg/kg animal) o vehículo (VH), mientras que los animales STD recibieron VH. Tras el sacrificio, los explantes se mantuvieron en DMEM suplementado con 10% de suero bovino fetal a 37°C y se recogieron muestras cada 6 horas desde las 8a.m. del siguiente día (CT0, CT6, CT12, CT18 y CT24). Los resultados mostraron oscilación significativa dependiente de fotoperiodo en la expresión de *Bmal1*, *Cry1*, *Per2*, y *Rev-erba* en los animales STD, mientras que CAF mostró disrupción. PACs mantuvo la oscilación de la expresión de los genes reloj estudiados. En conclusión, PACs mantuvo la ritmicidad de la expresión génica del TAB de los animales alimentados con CAF. Sin embargo, se requieren más estudios para comprender completamente su efecto modulador.

Agradecimientos: Proyecto PID2021-128813OB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/ y por FEDER Una manera de hacer Europa. M.G-M. recibió la Beca de Colaboración en Departamentos universitarios del Ministerio de Educación y Formación Profesional.

P-16

Metabolitos plasmáticos asociados al consumo de legumbres: Implicaciones para el riesgo de diabetes de tipo 2.

Hernando J Margara-Escudero^{1,2}, Indira Paz-Graniel^{1,2,3}, Jesús García-Gavilán^{1,2,3}, Miguel Ruiz-Canela^{3,4}, Qi Sun^{5,6,7}, Clary B. Clish⁸, Estefania Toledo^{3,4,9}, Dolores Corella^{3,10}, Ramón Estruch^{3,11}, Emilio Ros^{3,12}, Olga Castañer^{3,13,14}, Fernando Arós^{3,15}, Miquel Fiol^{3,16}, Marta Guasch-Ferré^{5,17,18}, José Lapetra^{3,19}, Cristina Razquin^{3,4}, Courtney Dennis⁸, Amy Deik⁸, Jun Li^{5,6}, Enrique Gómez-Gracia^{20,21}, Nancy Babio^{1,2,3}, Miguel A. Martínez-González^{3,4,5}, Frank B. Hu^{5,6,7} and Jordi Salas-Salvado^{1,2,3}.

¹Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Alimentació, Nutrició, Desenvolupament i Salut Mental (ANUT-DSM), Unitat de Nutrició Humana, Reus, España; ²Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili (IISPV), Alimentació, Nutrició, Desenvolupament i Salut Mental, Reus, España; ³Centro de Investigación Biomédica en Red Fisiopatología de la Obesidad y la Nutrición (CIBEROBN), Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España; ⁴Universidad de Navarra, Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra (IdISNA), Pamplona, España; ⁵Department of Nutrition, Harvard T.H. Chan School of Public Health, Boston, MA, USA; ⁶Department of Epidemiology, Harvard T.H. Chan School of Public Health, Boston, MA, USA; ⁷Channing Division of Network Medicine, Brigham and Women's Hospital and Harvard Medical School, Boston, MA, USA; ⁸The Broad Institute of Harvard and MIT Boston, MA 02142, USA; ⁹Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra, IdISNA, Pamplona, Navarra, España; ¹⁰Departamento de Medicina Preventiva, Universidad de Valencia, Valencia, España; ¹¹Departamento de Medicina Interna, Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi Sunyer (IDIBAPS), Hospital Clínic, Universidad de Barcelona, Barcelona, España; ¹²Clínica de Lípidos, Departamento de Endocrinología y Nutrición, Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi Sunyer (IDIBAPS), Hospital Clínic, Barcelona, España; ¹³Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBERESP) de Epidemiología y Salud Pública, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España; ¹⁴Grupo de Investigación en Riesgo Cardiovascular y Nutrición, Instituto de Investigación Hospital del Mar, Barcelona; ¹⁵Departamento de Cardiología, Hospital Universitario de Álava, Vitoria, España; ¹⁶Instituto de Investigación Sanitaria Illes Balears (IdISBa), Hospital Son Espases, Palma de Mallorca, España; ¹⁷Department of Public Health, Section of Epidemiology, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark; ¹⁸Novo Nordisk Foundation Center for Basic Metabolic Research, University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark; ¹⁹Departamento de Medicina de Familia, Unidad de Investigación, Distrito Sanitario Atención Primaria Sevilla, Sevilla, España; ²⁰Departamento de Medicina Preventiva y Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad de Málaga, 29010 Málaga, España; ²¹Instituto de Investigación Biomédica de Málaga-IBIMA Plataforma BIONAND, 29010 Málaga, España.

*Responsable del póster: Hernando Joaquin Margara Escudero (hernandojoaquin.margara@urv.cat)

Introducción y objetivo: Son escasos los estudios epidemiológicos que exploran la relación entre metabolitos plasmáticos provenientes del consumo de legumbres y el riesgo de diabetes tipo 2 (DT2). El objetivo de este estudio fue identificar los metabolitos plasmáticos que resultan del consumo de legumbres y evaluar su posible asociación con la incidencia de DT2. **Material y métodos:** En este estudio longitudinal se incluyeron 1833 participantes del proyecto PREDIMED, con una edad media de 67 años (57.6% mujeres), que presentaban datos metabólicos al inicio del estudio. Los metabolitos plasmáticos se cuantificaron mediante cromatografía líquida y espectrometría de masas en tándem. La relación entre el consumo de legumbres y 382 metabolitos fue evaluada a través de métodos de penalización Elastic Net. La asociación entre estos metabolitos y el riesgo de T2D se realizó mediante modelos de Cox. **Resultados:** Se identificó una huella metabólica asociada al consumo de legumbres, compuesta por cortisol, aminoácidos y diferentes lípidos (incluyendo diacilgliceroles y triacilgliceroles, entre otros). De los metabolitos identificados, 22 presentaron una correlación negativa con el consumo de legumbres, mientras que 18 mostraron una correlación positiva. La huella metabólica identificada del consumo de legumbres se asoció de forma inversa con la incidencia de DT2 (hazard ratio [HR] por 1 SD: 0,75; 95% CI: 0,61-0,94; p = 0,017). **Conclusiones:** En una población mediterránea con alto riesgo de enfermedad cardiovascular, se identificaron diferentes metabolitos asociados al consumo de legumbres. Estos metabolitos se relacionaron con una reducción del 25% en el riesgo de desarrollar DT2.

P-17

El consumo de hidroxitirosol modula miRNAs circulantes transportados en exosomas

María-Carmen López de las Hazas ¹, Andrea del Saz-Lara ¹, Joao Tomé-Carneiro ², Carmen Crespo ², Luis Chapado ¹, Carmen Mazario ¹, Francesco Visioli ^{2,3}, Alberto Dávalos ^{1,4}

¹Laboratory of Epigenetics of Lipid Metabolism, Madrid Institute for Advanced Studies (IMDEA)-Food, 28049 Madrid, España

²Laboratory of Functional Foods, Madrid Institute for Advanced Studies (IMDEA)-Food, 28049 Madrid, España

³Department of Molecular Medicine, University of Padova, 35121 Padova, Italia

⁴Consortio CIBER de la Fisiopatología de la Obesidad y Nutrición (CIBEROBn), Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), 28029 Madrid, España.

*Responsable del póster: María del Carmen López de las Hazas (mcarmen.lopez@imdea.org)

Introducción: El hidroxitirosol (HT), un alcohol fenólico procedente del aceite de oliva virgen extra, se asocia con diferentes efectos beneficiosos. En particular, se ha descrito su capacidad para modular la expresión de microARN (miARN), una clase de pequeños ARNs no codificantes producidos por las células eucariotas para regular la expresión génica. Una gran proporción de miARNs circulante está asociado a vesículas extracelulares (VEs), una población de vesículas heterogénea rodeadas por una membrana de bicapa lipídica. Las VEs se secretan por todo tipo de células para establecer la comunicación celular. Los miARN vehiculizados en VEs se han estudiado en los últimos años como posibles biomarcadores de diferentes enfermedades. **Objetivos:** Determinar si la suplementación con HT en humanos influye en la secreción de VEs sanguíneas y si modulan la expresión de miARN transportados por ellas. **Métodos:** Se llevó a cabo un estudio doble ciego, aleatorizado y controlado con placebo para analizar los efectos de diferentes dosis de HT en las VEs y sus miARNs a partir de plasma de participantes sanos. Tras una semana de suplementación con 25mg de HT, aislamos y caracterizamos VEs de muestras de plasma y realizamos un perfil de miARNs mediante RNA-seq. **Resultados:** Los resultados mostraron que el consumo de HT no parece modificar el número de VEs circulantes, pero sí modula la expresión de ciertos miRNAs transportados en ellos. La predicción de las dianas génicas de dichos miARNs indican su posible implicación en diferentes funciones biológicas. **Conclusiones:** La suplementación con HT no afecta la liberación de EVs a la circulación sanguínea, pero modula su contenido de miRNA.

Agradecimientos: Esta investigación ha sido financiada en parte por el MCIN/ AEI /10.13039/501100011033 y la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR (TED2021-130962B-C21) y la ERDF “Una manera de hacer Europa” (PID2022-143100OB-I00). MCLH está financiada a través del programa Juan de la Cierva IJC2020-044353-/MCIN/AEI/10.13039/501100011033/EU/PRTR. AS-L está financiada por una beca predoctoral (Nº 2021-01- PhD GRANT) del International Olive Council. CIBEROBN (CB22/03/00068) es una iniciativa del Instituto de Salud Carlos III, España

P-18

Desregulación de las Células Madre Adiposas en la Enfermedad de Crohn: Un Enfoque Genómico del Metiloma y Transcriptoma

Diandra Monfort-Ferré¹, Albert Boronat-Toscano¹, José Francisco Sánchez-Herrero², Aleidis Caro³, Margarita Menacho⁴, Irene Vañó-Segarra¹, Marc Martí⁵, Bea Espina³, Raquel Pluvinet², Lidia Cabrinety⁴, Carme Abadia⁴, Miriam Ejarque¹, Cati Nuñez-Roa¹, Elsa Maymo-Masip¹, Lauro Sumoy², Joan Vendrell¹, Sonia Fernández-Veledo¹, Carolina Serena¹.

¹*Institut d'investigació sanitària Pere Virgili (IISPV), Hospital Joan XXIII de Tarragona, Universitat Rovira i Virgili, Tarragona.*

²*High Content Genomics and Bioinformatics, IGTP, Badalona.*

³*Hospital Joan XXIII de Tarragona, Surgery Service, Tarragona.*

⁴*Hospital Joan XXIII de Tarragona, Gastroenterology Service, Tarragona.*

⁵*Hospital Vall d'Hebrón, Surgery Service, Barcelona.*

**Responsable del póster:* Diandra Monfort Ferré (diandra.monfort@iispv.cat)

Introducción: La enfermedad de Crohn (EC) se caracteriza por la expansión del tejido adiposo mesentérico (MAT), denominado creeping fat (CrF), directamente relacionado con la actividad de la enfermedad. Las células madre adiposas (ASCs) del CrF de pacientes con EC son extremadamente proinflamatorias, y esta inflamación persiste durante la remisión de la enfermedad. Hipotetizamos que las ASCs disfuncionales en la EC acumulan modificaciones epigenéticas desencadenadas por el entorno inflamatorio que podrían servir como marcadores moleculares. **Métodos:** Se realizó un estudio del metiloma y del transcriptoma de todo el genoma en ASCs aisladas de biopsias de tejido adiposo MAT de pacientes con enfermedad activa e inactiva y de pacientes sin enfermedad de Crohn (no-EC). **Resultados:** Encontramos diferencias en la metilación del ADN y la expresión génica entre las ASCs aisladas de pacientes con EC y de sujetos no-EC, pero no encontramos diferencias relacionadas con la actividad de la enfermedad. El análisis de enriquecimiento de vías reveló que el estrés oxidativo y la respuesta inmune estaban significativamente enriquecidos en la EC activa. La integración identificó a MAB21L2 como el gen más afectado en la EC. También encontramos una fuerte asociación entre la expresión del gen CACNA1H y la remisión de la enfermedad. **Conclusión:** Identificamos una posible firma génica de la EC en ASCs obtenidas de MAT. Destacamos dos genes novedosos que demostraban una correlación negativa entre la metilación del ADN promotor y la transcripción: uno vinculado a ASCs en CD (MAB21L2) y el otro (CACNA1H) relacionado con la remisión de la enfermedad.

P-19

Actividad antiinflamatoria de la fracción <10 kDa de un hidrolizado de colágeno, seleccionado por su actividad inhibitoria selectiva para COX-2

Néstor Ibarz-Blanch^{1,2} Xavier Escoté³, Enrique Calvo^{1,2,4}, Antonio J. Cortés-Espinar^{1,2}, Josep M. del Bas³, Miquel Mulero^{1,2,4}, Begoña Muguerra^{1,2,4}, Francisca Isabel Bravo^{1,2,4}

¹Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Nutrigenomics Research Group, C/ Marcel·lí Domingo s/n, 43007, Tarragona, Spain.

²Nutrigenomics Research Group, Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili. C/ Marcel·lí Domingo s/n 43007 Tarragona, Spain

³EURECAT-Technology Centre of Catalonia, Technological Unit of Nutrition and Health, Avda. Universitat, 1, 43204, Reus, Spain.

⁴Center of Environmental, Food and Toxicological Technology (TecnATox), University Rovira i Virgili, C/ Marcel·lí Domingo s/n, 43007 Tarragona, Spain

*Responsable del póster: Néstor Ibarz Blanch (nestor.ibarz@urv.cat)

La inflamación persistente puede derivar en el desarrollo de diferentes enfermedades por lo que se buscan tratamientos preventivos principalmente de origen natural. Entre ellos, destacan los péptidos bioactivos que pueden presentar actividad antiinflamatoria. El objetivo de este estudio fue obtener un hidrolizado de colágeno con efecto inhibitor selectivo para la ciclooxigenasa 2 (COX-2) y efecto antiinflamatorio local tras administración tópica. Se elaboraron 12 hidrolizados utilizando 3 proteasas, 2 tiempos de hidrólisis y 2 relaciones enzima/sustrato y se les evaluó su capacidad de inhibir a la COX-2. Esta enzima está involucrada en la producción de prostaglandinas. Los tres factores de hidrólisis afectaron a la producción de hidrolizados bioactivos, siendo necesarias hidrólisis largas y las enzimas 1 y 3. El hidrolizado H8, seleccionado por su actividad, no inhibió a la COX-1, cuya inhibición se asocia a efectos adversos a nivel intestinal. El efecto antiinflamatorio del H8 y la fracción <10 kDa se probó con el método del edema de pata inducido por carragenato tras administración tópica (5% en crema, 30 min antes del carragenato). La fracción <10 kDa redujo significativamente el edema inducido por carragenato desde la primera hora de inducción del edema. En macrófagos RAW 264.7 estimulados con lipopolisacárido, la fracción <10 kDa redujo la actividad COX-2 (62 % a 0,25 mg/mL), el porcentaje de nitritos producidos (hasta 15 % a 5 mg/mL) y la expresión proteica de COX-2 (hasta 48 % a 5 mg/mL). Los resultados obtenidos sugieren el potencial del hidrolizado H8 como ingrediente funcional para prevenir la inflamación.

Agradecimientos: El trabajo se llevó a cabo con los proyectos PID2020-114608RA-I00 financiado por MCIN/AEI /10.13039/501100011033 y el contrato T19189S financiado por Fundació Eurecat. N.I-B tiene un contrato PEJ2018-003154-A del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, así como del Fondo Social Europeo. A.J.C-E es poseedor de una beca predoctoral de la Universitat Rovira i Virgili/Martí i Franquès (2020PMF-PIPF-54). F.I.B y M.M son profesores Serra Húnter.

P-20

Explorando ARN pequeños no codificantes como biomarcadores sanguíneos para predecir la enfermedad de Alzheimer

Javier Mateu-Fabregat^{1,2*}, Laia Gutierrez^{1,2}, Christopher Papandreou^{1,2}, Nil Novau-Ferré^{1,2}, Pablo García-González^{3,4}, Melina Rojas^{1,2}, Marta Marquí^{3,4}, Luis A Chapado⁵, Christos Papagiannopoulos⁶, Noèlia Fernández-Castillo⁷, Sergi Valero^{3,4}, Jaume Folch^{1,2,4}, Miren Ettcheto^{4,8,9}, Antoni Camins^{4,8,9}, Mercè Boada^{3,4}, Agustín Ruiz^{3,4}, Mònica Bulló^{1,2,10}

¹*Nutrition and Metabolic Health Research Group, URV-IISPV, Spain*

²*TecnATox, URV, Spain*

³*ACE Alzheimer Center Barcelona, UIC, Spain*

⁴*CIBERNED, Carlos III Health Institute, Spain*

⁵*Laboratory of Epigenetics of Lipid Metabolism, IMDEA-Alimentación, Spain*

⁶*Department of Hygiene and Epidemiology, Ioannina Medical School, Greece*

⁷*Department de Genetics, UB, Spain*

⁸*Department of Pharmacology, Toxicology and Therapeutic Chemistry, UB, Spain;*

⁹*Institute of Neuroscience, UB, Spain*

¹⁰*CIBEROBN, Carlos III Health Institute, Spain.*

**Responsable del póster: Javier Mateu Fabregat (javier.mateu@urv.cat)*

Introducción: El diagnóstico de la enfermedad de Alzheimer (EA) se basa en síntomas clínicos complementados con biomarcadores biológicos, en el marco de la clasificación amiloide-tau-neurodegeneración (ATN). Los ARN pequeños no codificantes (sncARN) en la sangre han surgido como potenciales predictores de la EA. **Objetivos:** Identificar firmas de sncRNA específicas de ATN y de la EA y evaluar su contribución a la mejora de la predicción de la EA. **Métodos:** Este estudio anidado de casos y controles incluyó 192 pacientes con deterioro cognitivo leve (DCL), incluyendo 96 pacientes A+(T|N)+ y 96 pacientes A-T-N. Se les extrajo líquido cefalorraquídeo y plasma y se les realizó un seguimiento durante una mediana de 2,45 años. Se ajustaron modelos multivariados mediante análisis logísticos condicionales y de regresión de Cox con “elastic net penalty” para identificar firmas de sncRNA para A+(T|N)+ y EA. **Resultados:** Se identificó un modelo de clasificación basado en una firma de 6-miRNAs para ATN. El modelo pudo clasificar a los pacientes con DCL en los grupos A-T-N- y A+(T|N)+ con un área bajo la curva de 0,7335. La firma relacionada con la EA estuvo formada por 15-sncRNAs y mostró un mejor rendimiento predictivo que el modelo convencional más la clasificación ATN (estadístico C: 0,849). Cuando se incluyó la ATN en este modelo, la predicción mejoró hasta 0,875. **Conclusiones:** La firma de sncRNA relacionada con la EA es prometedora en la predicción de la conversión del DCL a EA, proporcionando información sobre posibles objetivos para la prevención.

P-21

Implicación de CD36 y acuagliceroporinas en el efecto anti-obesidad de extractos del cactus *Opuntia* en un modelo murino alimentado con una dieta alta en grasa y fructosa

Iker Gómez-García^{1*}, Alfredo Fernández-Quintela^{1,2,3}, María P. Portillo^{1,2,3},
Jenifer Trepiana^{1,2,3}

¹Universidad del País Vasco/Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU) e Instituto de Investigación Lucio Lascaray, Departamento de Farmacia y Ciencias de los Alimentos, Grupo Nutrición y Obesidad, Paseo de la Universidad 7, 01006, Vitoria-Gasteiz, España.

²Instituto de Investigación Sanitaria Bioaraba, Vitoria-Gasteiz, España.

³CIBERobn Fisiopatología de la Obesidad y la Nutrición, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

*Responsable del póster: Iker Gómez García (iker.gomez@ehu.eus)

Los extractos de *Opuntia* han destacado por presentar propiedades beneficiosas en la prevención de diversas enfermedades metabólicas. Se analizaron los efectos de dos extractos de *Opuntia* sobre la expresión de CD36 y de acuagliceroporinas en el tejido adiposo epididimal de ratas alimentadas con una dieta obesogénica. Las ratas fueron distribuidas en 6 grupos, alimentadas con dieta estándar o alta en grasa-fructosa (HFHF), suplementada o no, con cáscara de *Opuntia strica* var. *dillenii* (OD), o con fruto de *Opuntia ficus-indica* var. *colorada* (OF), a dosis de 25 (L-) o 100 (H-) mg/kg/día, durante 8 semanas. La expresión proteica de AQP7, AQP9 y CD36 se determinó mediante *immunoblotting*. No se redujo el aumento de peso corporal de las ratas, pero sí el del tejido epididimal en el grupo H-OD. En este tejido, en el grupo HFHF, aumentó la expresión proteica de AQP9 y CD36, encargadas de la captación de glicerol y ácidos grasos respectivamente, y disminuyó la de AQP7, encargado de liberar glicerol. H-OD previno los cambios en la expresión proteica de AQP7 y AQP9 inducidos por la dieta. Los extractos H-OD y H-OF aumentaron significativamente la expresión proteica de CD36 en comparación con el grupo HFHF, lo que en condiciones lipolíticas produce una liberación de ácidos grasos. Estos resultados sugieren que la dieta obesogénica induce la captación de ácidos grasos y glicerol en el tejido epididimal. Por el contrario, los cambios inducidos por H-OD en la expresión de CD36 y AQPs parecen estar involucrados en la reducción de acumulación de grasa.

P-22

Identificación de genes asociados a la alteración del ritmo circadiano en PBMCs de ratas Wistar

Fabiola García-Reyes^{1,2,3}, Rafael A. López-Villalba^{1,2,3}, Francisca Isabel Bravo^{1,2,3}, Cristina Torres-Fuentes^{1,2,3}, Manuel Suárez^{1,2,3}

¹ *Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Nutrigenomics Research Group, Spain*

² *Nutrigenomics Research Group, Institut d'Investigació Sanitària Pere Virgili. C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007 Tarragona, Spain*

³ *Center of Environmental Food and Toxicological Technology (TecnATox). C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007 Tarragona, Spain*

**Responsable del póster: Fabiola García-Reyes (fabiolaconsuelo.garcia@urv.cat)*

Los ritmos circadianos son fundamentales en la regulación de diversos procesos fisiológicos y su alteración se asocia con consecuencias adversas para la salud. Actualmente, la identificación de biomarcadores transcriptómicos que sirvan como indicadores de alteraciones metabólicas debido a la cronodisrupción sigue siendo un desafío. Las células mononucleares de sangre periférica (PBMCs), actúan como células "centinela", por lo que reflejan perfiles de expresión génica de tejidos internos, siendo ideales para estudiar cambios metabólicos. Este estudio tuvo como objetivo identificar biomarcadores transcriptómicos indicadores de alteraciones metabólicas asociadas a la cronodisrupción en PBMCs provenientes de un modelo animal de cronodisrupción. 16 ratas Wistar fueron divididas en dos grupos: grupo control con ciclo de 12h luz/ 12h oscuridad y grupo cronodisruptado siguiendo un ciclo de 11h luz/ 11h oscuridad durante 8 semanas. Se aislaron las PBMCs a partir de la sangre total de los animales + PBS 1:1 por medio de una centrifugación por gradiente de densidad con Ficoll-Hypaque. El RNA fue extraído y procesado por medio de RNA-sequencing. El análisis reveló 46 genes diferencialmente expresados (DEGs) entre grupos p-valor <0.05, donde los 10 genes con mayor cambio de expresión están mayormente vinculados a metabolismo, inflamación y función cognitiva. Estos resultados resaltan el impacto de la alteración del ritmo circadiano en la expresión génica de las PBMCs mientras que la identificación de DEGs proporciona perspectivas sobre los mecanismos moleculares detrás de la regulación circadiana en las PBMCs, abriendo nuevas vías de investigación sobre las interconexiones entre los ritmos circadianos, el metabolismo, la inflamación y la función cognitiva.

Agradecimientos: Proyecto PID2021-128813OB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033/

y por FEDER Una manera de hacer Europa. R.A. L-V. es recipiente de una beca predoctoral de la Universitat Rovira i Virgili-Martí Franquès (2020PMF-PIPF-54). This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie grant agreement No. 945413 and from the Universitat Rovira i Virgili (URV).

Disclaimer: This work reflects only the author's view, and the Agency is not responsible for any use that may be made of the information it contains.

P-23

Caracterización y potencial funcional de las semillas de algarrobo de la zona mediterránea oriental.

Israel Hernández-López¹, Maribel Abadías¹, Daria Wohlt², Oren Shelef³, Loai Basheer⁴,
and Ingrid Aguiló-Aguayo¹

¹IRTA, Programa de Postcosecha, Parc Agrobiotech Lleida. Parc de Gardeny, Edifici Fruitcentre,
25003 Lleida, España

²Instituto Fraunhofer de Ingeniería de Procesos y Envases IVV, Giggenhauser Straße 35,
85354 Freising, Alemania.

³Recursos Naturales, Instituto de Ciencias Vegetales, Organización de Investigación Agrícola. P.O.B. 151590, 68 Maccabim Road, Rishon Le Tzion, 7505101, Israel.

⁴Departamento de Ciencias de la Alimentación, Facultad de Ciencias y Tecnología, Tel Hai College, Upper Galilee 1220800, Israel.

*Responsable del póster: Israel Hernández López (israel.hernandez@irta.cat)

El uso de algarroba (*Ceratonia siliqua* L.), tanto en vaina, como sustituto del chocolate o la goma que constituye la mayor parte de la semilla, ha crecido en los últimos años. Sin embargo, el uso del endospermo, está infravalorado. Además, la información disponible sobre su potencial bioactivo y nutricional es muy limitada. Por este motivo, el presente estudio se centró en obtener una caracterización de esta semilla procedente de la zona mediterránea oriental. El germen de la semilla se extrajo manualmente tras hervirlo en agua a 95°C durante 3 horas. El germen obtenido fue caracterizado tecno funcional, nutricional y bioactivamente, destacando el alto contenido en proteínas, (70% en base seca). Posteriormente, se analizaron los aminoácidos esenciales, resaltando su contenido en leucina (733.1 mg/100g), isoleucina (498.7 mg/100g) y valina (409 mg/100g). Se observó también, una elevada capacidad de absorción tanto de agua como de aceite. Además, se registró un alto contenido en compuestos fenólicos (TPC: 100.9 ± 4.0 mg EAG p.f.) y actividad antioxidante (FRAP: 89.78 ± 0.5 / ABTS: 132.94 ± 3.0 mg EAA p.f.). En bioactividad destaca su capacidad antimicrobiana, aplicada sobre bacterias Gramnegativas, como *Listeria*, *Salmonella* o *E. coli*. Sin duda, estos resultados podrían ser útiles y proporcionar potencial para el uso y aprovechamiento de esta semilla, no sólo como fuente de goma sino también por su aporte nutricional y sus compuestos bioactivos. Su alto contenido en proteínas ofrece la oportunidad de ser aplicada como ingrediente funcional en alimentos formulados, dentro del creciente mercado de productos de origen vegetal.

P-24

Evaluación del perfil metabolómico de compuestos fenólicos en orina de ratones tras el consumo sostenido de cebada integral morada

María-Engracia Cortijo-Alfonso¹, Silvia Yuste¹, Carme Piñol-Felis^{2,3}, Laura Rubió-Piqué^{1*}, Alba Macià¹

¹ *Universitat de Lleida-Agrotecnio CERCA Center, Departamento de Tecnología, Ingeniería y Ciencia de los Alimentos, Grupo Antioxidantes. Av. Alcalde Rovira Roure 191, 25198 Lleida, España.*

² *Universitat de Lleida. Departamento de Medicina y Cirugía, Av. Alcalde Rovira Roure, 80, 25198 Lleida Lleida, España.*

³ *Institut de Recerca Biomèdica de Lleida. Fundació Dr. Pifarré IRBLleida. Grupo de Investigación en Enfermedades Digestivas. Lleida, España.*

**Responsable del póster: Laura Rubió Piqué (laura.rubio@udl.cat)*

Introducción: La creciente demanda de alimentos funcionales ha impulsado el interés en la cebada de grano coloreado enriquecida con antocianinas, debido a su mayor contenido de polifenoles y ofreciendo potenciales beneficios adicionales para la salud. **Objetivo:** Este estudio investiga por primera vez el metabolismo de los compuestos fenólicos proporcionados por una nueva variedad de cebada de color morado en un modelo de ratón. **Métodos:** Ratones Balb/c fueron alimentados con una dieta estándar purificada suplementada con cebada integral morada (WGB) durante seis semanas, y los metabolitos fenólicos fueron posteriormente determinados en muestras de orina mediante UPLC-MS/MS. **Resultados:** Los principales grupos fenólicos detectados en WGB incluyeron antocianinas, ácidos fenólicos, flavan-3-oles, aldehídos y flavonas, siendo el ácido 4'-hidroxi-3'-metoxicinámico (ácido ferúlico) el más abundante, constituyendo el 47.7% del total. Tras la ingesta sostenida de cebada que proporcionó una dosis de 1651 ± 67.6 µg/día, se identificaron 42 metabolitos fenólicos, predominantemente compuestos conjugados sulfatados, glucuronidados y/o metilados de fase II, junto con catabolitos microbianos resultantes de la degradación colónica. Además, se describieron las rutas metabólicas asociadas. Los metabolitos de antocianinas más abundantes detectados fueron peonidina-3-O-glucuronido, peonidina-3-O-6"-O-malonilglucósido y peonidina-3-O-glucósido. Entre los ácidos fenólicos, los más prevalentes fueron ácido (di-)hidroxifenilpropanoico sulfato, ácido hidroxibenzoico sulfato, ácido 3,4-dihidroxibenzoico sulfato, ácido 4'-hidroxi-3'-metoxicinámico sulfato y ácido 3-(4'-hidroxi-3'-metoxifenil)propanoico sulfato. El principal metabolito derivado de los flavan-3-oles detectado en orina fue dihidroxifenil-γ-valerolactona sulfato. **Conclusiones:** El presente estudio proporciona información valiosa sobre el metabolismo de los fenoles en la cebada morada y sienta las bases para futuras investigaciones que exploren los efectos saludables de este prometedor cereal.