

Convocatoria AEET-SIBECOL de ayudas a proyectos de investigación ERC en ecología (10ª ed., 2020)

1. Datos de identificación.

Título de la propuesta	El potencial epidémico del virus del Nilo Occidental: identificando el papel de las aves silvestres en un <i>hotspot</i> de España.
Categoría	Ganando independencia
Nombre y apellidos del Beneficiario	Martina Ferraguti
Datos de contacto: e-mail y teléfono	martina.ferraguti@gmail.com
Departamento/Instituto/Grupo de Investigación/Otros	Departamento de Ecología de Humedales/Estación Biológica de Doñana (CSIC)
Dirección, código postal, provincia	C/ Américo Vespucio, 26, 41092, Isla de la Cartuja, Sevilla

2. Memoria Técnica. Actividades y resultados de investigación

2.1. Introducción (planteamiento, objetivos y justificación)

Las enfermedades transmitidas por vectores son aquellas que normalmente involucran a los artrópodos. Estas enfermedades, según datos de la Organización Mundial de la Salud, representan más del 17% de todas las enfermedades infecciosas y provocan cada año más de 700.000 defunciones. Hoy en día, tanto su número, como su incidencia, está aumentando drásticamente, representando una gran amenaza para la Biodiversidad y una importante cuestión en Salud Pública¹. La alteración del hábitat, el crecimiento de la población mundial, el cambio climático y la introducción de especies exóticas son algunas de las causas de este incremento, afectando a la ecología de transmisión de muchas de estas enfermedades. Entre ellas, destacan patógenos tales como el virus de la gripe aviar, el virus Chikungunya, el virus dengue, los parásitos de la malaria o, el recientemente famoso por los brotes en el sur de España, virus del Nilo Occidental (VNO) o (*West Nile virus* en su sigla inglés). El VNO es un virus zoonótico que encuentra en las aves su reservorio natural aunque puede llegar a infectar mamíferos, entre ellos los seres humanos, representando una de la arbovirosis más extendida del planeta y una enfermedad vírica reemergente en España.

En este estudio, se modelizaron los datos recogidos para la investigación de distintos patógenos en el marco de otro proyecto; estos modelos me permite responder a nuevas y novedosas preguntas sobre la transmisión del VNO en el suroeste de España, cumpliendo el **objetivo general de identificar los reservorios naturales del VNO en especies de aves migratorias, exóticas, y nativas residentes**, investigando el papel epidemiológico que

¹ Vorou et al. Emerging zoonoses and vector-borne infections affecting humans in Europe. In: Epidemiology and Infection. Cambridge University Press, 2007, pp. 1231-1247.

juegan estas especies en Extremadura, un área con circulación activa del virus y afectada por brotes en humanos y explotaciones equinas.

Objetivos específicos:

Objetivo 1) Investigar la importancia de las relaciones filogenéticas entre las distintas especies de aves exóticas, nativas y migradoras de larga distancia, determinando su papel epidemiológico como reservorios naturales del VNO.

Objetivo 2) Evaluar la relación entre las características biológicas de los individuos (p.ej., sexo, edad, condición corporal) y el estado de infección por el VNO.

Objetivo 3) Identificar el efecto de variables ligadas a la composición de la comunidad de mosquitos vectores sobre la transmisión del VNO en el suroeste de España.

Actualmente, para minimizar los brotes de origen zoonótico de este virus, resulta esencial conocer los reservorios naturales que intervienen en el desarrollo, amplificación o dilución de este virus. Es por ello que los resultados del presente proyecto contribuyen de forma notable a mejorar el conocimiento de la transmisión del VNO en España y en Europa, con especial énfasis en las poblaciones de aves silvestres de Extremadura.

2.2. Descripción de la ejecución – Metodología

2.2.1 Análisis filogenéticos

Para calcular las relaciones filogenéticas entre las diferentes comunidades de aves presentes en Extremadura, suroeste de España (Fig. 1), primero se realizó un árbol filogenético en *BirdTree* (<http://birdtree.org>) incluyendo todas las especies de aves muestreadas. A continuación, se generó un árbol de consenso (Fig. 2) a partir de 1000 árboles siguiendo la metodología descrita por Rubolini et al. (2015)². Este árbol de consenso se ha empleado sucesivamente en la construcción de los modelos filogenéticos generalizados de mínimos cuadrados (PGLS). Este tipo de modelado permite calcular la distancia filogenética entre las diferentes especies de aves y utilizarla como matriz de covarianza en un modelo lineal para controlar estadísticamente por estas relaciones filogenéticas.

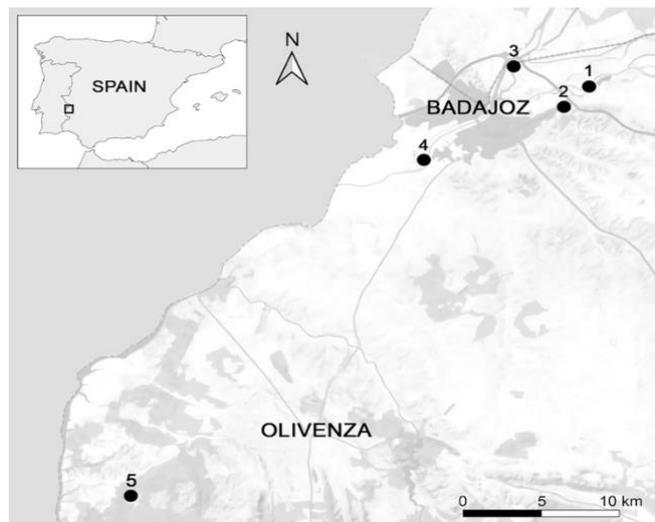


Figura 1. Distribución geográfica de los puntos de muestreo (A: Asesera, B: Rincón de Caya, C: Botoa, D: Gévora y E: Sagrajas) en Extremadura).

² Rubolini, Diego, et al. 2015. Using the BirdTree. org website to obtain robust phylogenies for avian comparative studies: a primer. *Current Zoology* 61.6: 959-965.

Además, el mismo árbol de consenso se empleó para calcular una variable de diversidad filogenética (*Evenness*) posteriormente usada en los modelos generalizados lineales mixtos (GLMM) siguiendo el método descrito en Pearse et al.³. La *Evenness* es una métrica que examina la estructura filogenética de las especies presentes en cada ensamblaje, teniendo en cuenta la diversidad intra- e inter-comunitaria e incorporando información sobre la abundancia relativa de cada especie.

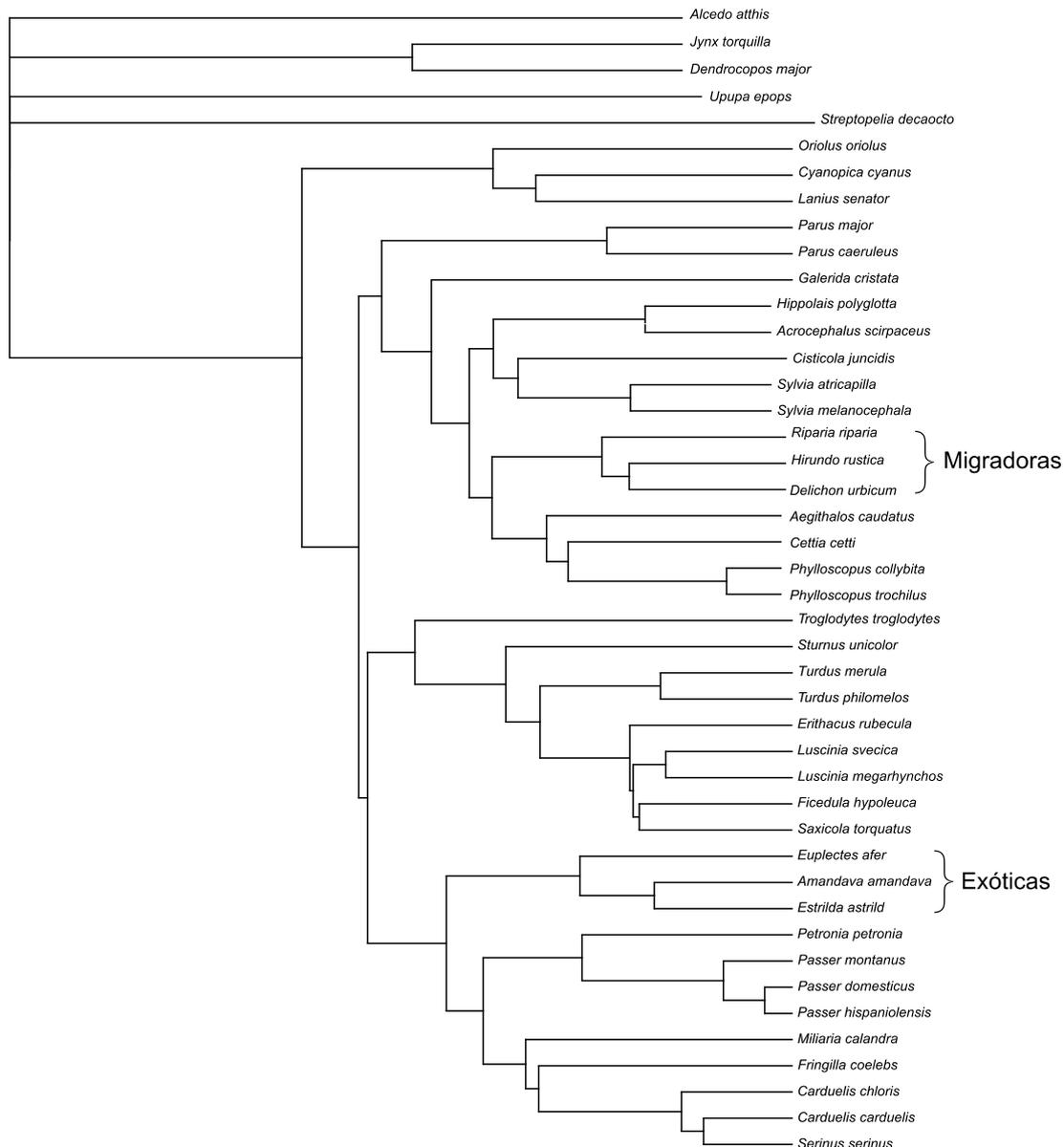


Figura 1. Árbol filogenético de consenso generado con *BirdTree* (<http://birdtree.org>) incluyendo todas las especies de aves muestreadas. Se señalan entre corchetes las categorías de aves migradoras de larga distancia y exóticas, siendo por exclusión todas las restantes especies aves nativas en la región de estudio.

³ Pearse W.D., Purvis A., Cavender-Bares J. & Helmus M.R. (2014). Metrics and Models of Community Phylogenetics. In: Modern Phylogenetic Comparative Methods and Their Application in Evolutionary Biology. Springer Berlin Heidelberg, pp. 451-464.

2.2.2 Análisis estadísticos

En primer lugar, debido a que las especies de aves filogenéticamente emparentadas comparten ciertos rasgos fenotípicos que no se tuvieron en cuenta en este estudio (por ejemplo, rasgos de comportamiento / respuestas inmunológicas / exposición a vectores), se utilizaron modelos PGLS a nivel de población de aves. Además, se utilizaron modelos lineales generalizados de efectos mixtos (GLMM) con distribución binomial para investigar qué factores ligados a los individuos, tales como la edad (variable categórica: adultos vs. juveniles), sexo (categórica: macho vs. hembras), y la condición corporal del ave (variable continua), controlando también por la *Evenness* (continua, *i.e.*, diversidad filogenética de la comunidad de aves) estuvieron asociados a la seroprevalencia del VNO en las aves. Para el cálculo de la condición corporal de las aves se utilizó el tarso y el peso de cada individuo para calcular la masa corporal escalada, teniendo en cuenta el sexo para obtener una estimación más exacta de esta variable⁴. Las aves juveniles hacen referencia a volantones nacidos en el mismo año del muestreo. Estos análisis se complementaron incluyendo las variables de abundancia, riqueza y diversidad de la comunidad de los vectores.

Para los análisis estadísticos se consideraron solo aquellas poblaciones de aves con más de 15 individuos de la misma especie para garantizar la robustez de los resultados. Se examinó la normalidad de las variables dependientes y explicativas, y todas las variables sesgadas en gráficos de cuantiles normales se transformaron logarítmicamente. La normalidad de las variables continuas se comprobó mediante gráficos *qq-plots* de normalidad, y ninguna variable tuvo que ser transformada. La colinealidad entre todas las variables independientes se comprobó mediante el Factor de Inflación de la Varianza (VIF)⁵. Este análisis mostró que la riqueza de mosquitos estaba muy correlacionada con otras variables (VIF > 8), por lo que no se incluyó en los análisis estadísticos sucesivos.

Todos los análisis se llevaron a cabo utilizando los paquetes *ade4*, *ape*, *caret*, *caper*, *geiger*, *lme4*, *maps*, *pez*, *phytools*, *phylocomr*, *picante*, en el programa R v4.2.2⁶.

2.3. Resultados obtenidos (cumplimiento de objetivos)

Se analizaron datos de seroprevalencia provenientes de 1.200 aves capturadas en un total de 5 localidades en el suroeste de España, Extremadura (Fig. 2), incluyendo un total de 44 especies (Tabla 1).

En detalle, se analizaron muestras de 371 individuos de las 3 especies migratorias Paleo-Africanas presentes en Extremadura: avión común (*Delichon urbicum*, n = 225), golondrina común (*Hirundo rustica*, n = 47) y avión zapador (*Riparia riparia*, n = 99). Además, se analizaron 316 individuos de 3 especies de aves exóticas establecidas: bengalí rojo (*Amandava amandava*, n = 101), pico de coral (*Estrilda astrild*, n = 102) y tejedor (*Euplectes afer*, n = 113), y n = 513 de 38 especies nativas capturadas en las mismas áreas de muestreo de las exóticas y migratorias (Tabla 1).

⁴ Peig, J., Green, A.J. 2009. New perspectives for estimating body condition from mass/length data: The scaled mass index as an alternative method. *Oikos* 118: 1883-1891.

⁵ Zuur AF, Ieno EN, Elphick CS. A protocol for data exploration to avoid common statistical problems. *Methods Ecol Evol.* 2010; 1: 3-14.

⁶ R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.

Tabla 1. Resultados obtenidos para muestras con anticuerpos específicos del VNO en aves silvestres de Extremadura, España.

Nombre científico	Nº total	Nº infectados	Categoría de ave
<i>Amandava amandava</i>	101	0	Exótica
<i>Estrilda astrild</i>	102	0	Exótica
<i>Euplectes afer</i>	113	2	Exótica
<i>Delichon urbicum</i>	225	21	Migradora
<i>Hirundo rustica</i>	47	0	Migradora
<i>Riparia riparia</i>	99	0	Migradora
<i>Acrocephalus scirpaceus</i>	16	0	Nativa
<i>Aegithalos caudatus</i>	33	0	Nativa
<i>Alcedo atthis</i>	6	0	Nativa
<i>Carduelis carduelis</i>	1	0	Nativa
<i>Carduelis chloris</i>	10	0	Nativa
<i>Cettia cetti</i>	49	1	Nativa
<i>Cisticola juncidis</i>	1	0	Nativa
<i>Cyanopica cyanus</i>	15	0	Nativa
<i>Dendrocopos major</i>	1	1	Nativa
<i>Erithacus rubecula</i>	1	0	Nativa
<i>Ficedula hypoleuca</i>	7	0	Nativa
<i>Fringilla coelebs</i>	5	0	Nativa
<i>Galerida cristata</i>	1	0	Nativa
<i>Hippolais polyglotta</i>	1	0	Nativa
<i>Jynx torquilla</i>	1	0	Nativa
<i>Lanius senator</i>	5	0	Nativa
<i>Luscinia megarhynchos</i>	12	1	Nativa
<i>Luscinia svecica</i>	1	0	Nativa
<i>Miliaria calandra</i>	9	1	Nativa
<i>Oriolus oriolus</i>	3	0	Nativa
<i>Parus caeruleus</i>	50	1	Nativa
<i>Parus major</i>	15	0	Nativa
<i>Passer domesticus</i>	83	0	Nativa
<i>Passer hispaniolensis</i>	53	1	Nativa
<i>Passer montanus</i>	11	1	Nativa
<i>Petronia petronia</i>	10	1	Nativa
<i>Phylloscopus collybita</i>	5	0	Nativa
<i>Phylloscopus trochilus</i>	14	0	Nativa
<i>Saxicola torquatus</i>	3	0	Nativa
<i>Serinus serinus</i>	4	0	Nativa
<i>Streptopelia decaocto</i>	1	0	Nativa
<i>Sturnus unicolor</i>	3	0	Nativa
<i>Sylvia atricapilla</i>	28	0	Nativa
<i>Sylvia melanocephala</i>	16	0	Nativa
<i>Troglodytes troglodytes</i>	6	0	Nativa

<i>Turdus merula</i>	31	1	Nativa
<i>Turdus philomelos</i>	1	0	Nativa
<i>Upupa epops</i>	1	0	Nativa

Asimismo, se ha incluido información sobre la abundancia, riqueza y diversidad de la comunidad de los mosquitos presentes en las áreas de captura de las aves, incluyendo datos de 5.859 hembras de mosquitos pertenecientes a 12 especies diferentes: 4,508 *Culex pipiens*, 531 *Cx. theileri*, 298 *Univittatus* subgroup, 273 *Aedes caspius*, 90 *Ae. vexans*, 83 *Anopheles atroparvus*, 32 *Culiseta longiareolata*, 14 *Cs. annulata*, 13 *Ae. pulcritarsis*, 10 *Ae. berlandi*, 4 *Ae. echinus* and 3 *Cs. subochrea*.

Las especies migradoras presentaron una relación significativa y positiva con el estado de infección (seroprevalencia) por el VNO (*estimate* = 3,34; S.E. = $\pm 1,54$; *t* = 2,17; *p* = 0,04; Fig. 3), estando probablemente más expuestas respecto a las nativas al pasar el invierno en África donde el VNO es endémico.

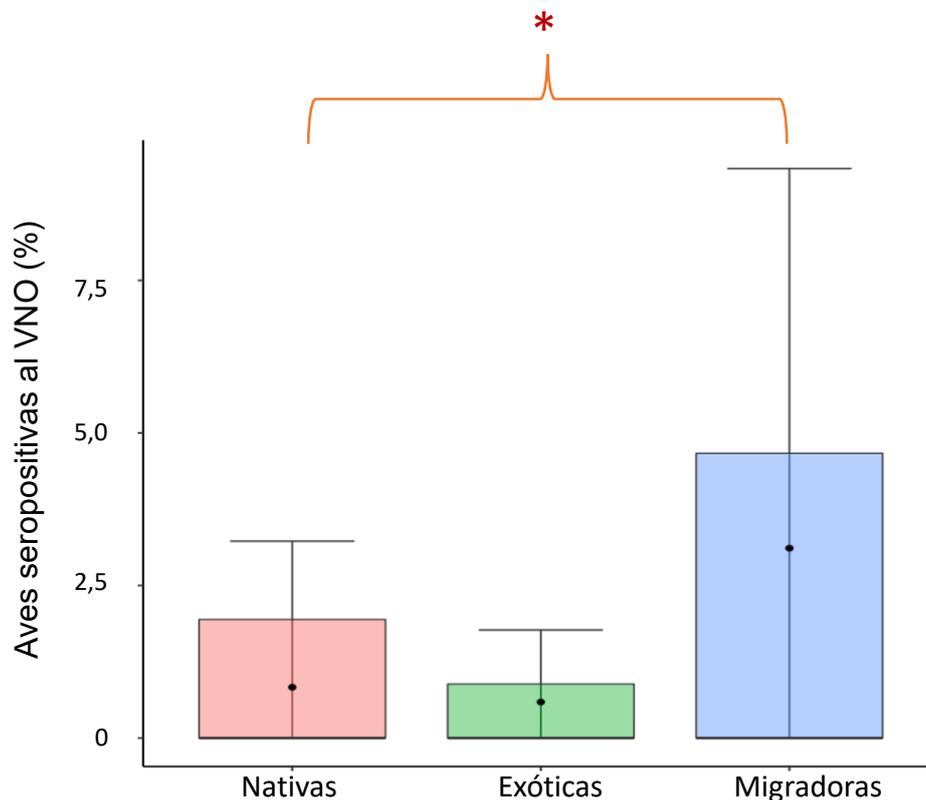


Figura 3. Box-plot de las aves seropositivas frente al virus VNO entre las diferentes categorías. Las cajas señaladas con un asterisco son estadísticamente diferentes $p \leq 0,05$).

Por lo tanto, esta categoría de aves podría estar involucrada en eventos de introducción del virus en España. En cuanto a los análisis GLMM revelaron que las aves juveniles presentaron una menor tasa de anticuerpos frente al VNO (Tabla 1) probablemente al haber tenido menos tiempo de exposición frente al virus. Además, comunidades filogenéticamente más diversas de aves (mayor *Evenness*) albergaron mayores tasas de infección (Tabla 1) posiblemente debido a la presencia de un número mayor de especies reservorios. Finalmente, la abundancia total de mosquitos se relacionó negativamente con la

seroprevalencia en las aves. Esto nos indica, eventualmente, que las áreas con más aves seropositivas presentaron una mayor abundancia de especies de mosquitos menos competentes para la transmisión del VNO. (Tabla 1). Además, este resultado se ve respaldado, en la relación positiva encontrada con el índice el Shannon de la comunidad de vectores, lo cual sugiere que, a mayor diversidad de especies de mosquitos, mayor probabilidad de encontrar aquellos vectores competentes del virus (Tabla 1).

Tabla 1. Resultados de los GLMM testando las relaciones entre la prevalencia de anticuerpos el estado de frente al VNO en las aves (N = 1076) y las características individuales de las aves silvestres (edad, sexo y condición corporal), la diversidad filogenética (*Evenness*) de las especies de aves, y la abundancia y diversidad (calculada como índice de Shannon) de la comunidad de mosquitos. Las relaciones significativas ($p \leq 0,05$) se destacan en negrita.

GLMM: Variables	Estimate (\pm S.E.)	χ^2	d.f.	z	p
Intercepto	-11,318 (2,069)	0	1	-5,47	< 0,001
Diversidad filogenética	6,554 (1,98)	1,1	1	3,317	< 0,001
Edad: adultos	0,000 ^a	7,17	1	0,000 ^a	0,000 ^a
Edad: juveniles	-2,750 (1,027)			-2,68	0,007
Sexo: hembras	0,000 ^a	0,02	1	0,000 ^a	0,000 ^a
Sexo: machos	0,056 (0,414)			0,137	0,891
Condición corporal	0,588 (0,774)	0,58	1	0,76	0,447
Abundancia mosquitos	-0,025 (0,012)	4,38	1	-2,09	0,036
Diversidad mosquitos	5,996 (1,943)	9,52	1	3,085	0,002

^aCategoría de referencia

2.4. Conclusiones y valoración de la ejecución

Los resultados obtenidos muestran la enorme importancia que tiene estudiar las aves silvestres como centinela en la vigilancia del VNO. En primer lugar, las aves migradoras, supuestamente más expuestas al VNO al pasar el invierno en África donde el virus es endémico, presentaron una relación positiva con la seroprevalencia del virus. Este resultado no llevaría a pensar en que las especies de aves migradora estén jugando un papel de amplificación del VNO en las áreas donde nidifican. Sin embargo, la literatura nos indica que los linajes del WNV que están circulando en España no son los Africanos, si no linajes que llevan en España más de 1 década⁷. Es por eso por lo que se considera que las aves migradora analizadas en este estudio, al ser especies que han convivido durante más tiempo con el VNO, han podido haber desarrollar mejores defensas que las hacen más resistentes a este virus. Es por eso por lo que se encuentra un mayor número de individuos con anticuerpos frente a la enfermedad en esta categoría de aves, que por lo tanto

⁷ Vazquez, A., Sánchez-Seco, M. P., Ruiz, S., Molero, F., Hernandez, L., Moreno, J., ... & Tenorio, A. (2010). Putative new lineage of West Nile virus, Spain. *Emerging Infectious Diseases*, 16(3), 549.

representan unos muy buenos indicadores de zonas con alta circulación del VNO en los mosquitos y en el medio ambiente, y en este caso, en Extremadura, una región con demostrada circulación activa del virus⁸.

Por otro lado, era esperable encontrar una menor tasa de infección en las aves exóticas que en las nativas, apoyándonos en la *Enemy Release Hypothesis*⁹, la cual sostiene que las aves exóticas durante el proceso de colonización han dejado atrás parte de sus patógenos. Esta relación ha sido encontrada a pesar de no alcanzar valores significativos (*estimate* = -0,16; S.E. = ±1,39; *t* = -0,11; *p* = 0,91). Al no tener que derivar recursos y energía para hacer frente a estos enemigos en las áreas que invaden, estas especies pueden emplear ese excedente en otras funciones, obteniendo una ventaja en su eficacia biológica sobre las especies nativas a las que consiguen desplazar en las áreas invadidas.

Además, se ha evidenciado que las comunidades de aves filogenéticamente más diversas albergaron tasas de seroprevalencia más elevadas, probablemente debido a la presencia de un mayor número de especies reservorios. De hecho, es sabido que el VNO puede replicarse de manera eficiente en más de 300 especies de aves (<https://www.cdc.gov/westnile/dead-birds/index.html>) alcanzando viremias lo suficientemente altas como para infectar diferentes especies de mosquitos a través de las cuales se mantendría el ciclo enzootico de este virus. Es por ello por lo que es fundamental muestrear un amplio espectro de especies de aves, para obtener un cuadro epidemiológico lo más completo posible de cara a plantear actuaciones eficaces para poder predecir y prevenir los brotes en animales de interés ganadero y humanos.

Asimismo, los individuos juveniles de aves tanto nativas, como exóticas y migradoras presentaron una menor seroprevalencia frente al VNO al haber tenido menos tiempo de exposición al virus, ya que lo que se detecta es la presencia de anticuerpos en sangre. Cabe señalar en este sentido que la presencia de anticuerpos contra el VNO en individuos jóvenes, especialmente en las especies nativas, indica una circulación activa del flavivirus durante el verano, y otoño, en nuestras latitudes. Información muy relevante para conocer las tasas de transmisión estacionales de este virus.

Finalmente, la relación negativa encontrada entre la abundancia de los mosquitos y la seroprevalencia del VNO en las aves, nos sugiere que entre los vectores más abundantes capturados en las áreas de captura de las aves seropositivas, se podrían encontrar muchas especies poco competentes (por ejemplo *Cx. theileri* o *Ae. caspius*). Este resultado se vio además respaldado en la relación positiva descrita con la diversidad de mosquitos, donde a mayor diversidad de especies, aumentaba la probabilidad de encontrar aquellos vectores competentes para el virus (p.e., *Cx. pipiens* o los mosquitos del subgrupo *Univittatus*).

En conclusión, los resultados de este proyecto resaltan la importancia de priorizar la búsqueda del VNO en determinadas especies de aves, centrandó así los esfuerzos de gestión de las administraciones locales y determinando las zonas de riesgos caracterizadas con un mayor número de las especies de mosquito competentes para llevar a cabo protocolos eficaces de control y vigilancia vectorial.

⁸ Marzal, A., Ferraguti, M., Muriel, J., Magallanes, S., Ortiz, J. A., García-Longoria, L., ... & Frontera, E. (2022). Circulation of zoonotic flaviviruses in wild passerine birds in Western Spain. *Veterinary microbiology*, 268, 109399.

⁹ Antonini, et al. 2019. Patterns of avian malaria in tropical and temperate environments: testing the "The Enemy Release Hypothesis". *Biota Neotropica* 19.4.

A nivel personal, la ejecución de este proyecto ha fortalecido enormemente mi capacidad en la gestión de proyectos. Además, me ha generado nuevas preguntas sobre los factores evolutivos claves que caracterizan las aves migratorias y exóticas y sus respuestas frente al VNO y cuáles son estas especies de mosquitos competentes que están amplificando realmente la transmisión del VNO en el suroeste de la Península Ibérica. Estas son algunas de las preguntas que seguiré investigando y espero poder responder en mi futura carrera investigadora.

2.5. Publicaciones resultantes

Actualmente, los resultados de estos estudios se encuentran en preparación de un manuscrito para enviarlo a una revista indexada en Web of Science (Wos). Resultados preliminares han sido presentados en el XXV Congreso Español de Ornitología organizado por la SEO/BirdLife, y como ponente invitada en el webinar internacional organizado por el Consorcio One Health Pact:

Autores: Ferraguti M

Tipo de Participación: Comunicación oral invitada

Título: Birds & Mosquitoes: Modelling the role of vector species in WNV and avian *Plasmodium* transmission

Congreso: One Health Pact modelling webinar

Lugar De Celebración: Online (<https://ncoh.nl/research/phd-research-programme/vector-borne-diseases/one-health-pact/>)

Fecha: 2021 (11 de Noviembre)

Autores: Ferraguti M, Marzal A, Magallanes S, Bravo-Barriga D, Guerrero-Carvajal F, Mora-Rubio C, Hernández-Caballero I, Aguilera-Sepúlveda P, Llorente F, Jiménez-Clavero MÁ, Frontera E, de Lope F

Título: El potencial epidémico del virus del Nilo Occidental: identificando el papel de las aves silvestres en un *hotspot* de España

Tipo De Participación: Comunicación en panel

Congreso: XXV Congreso Español de Ornitología (<https://seo.org/25ceo/>)

Lugar De Celebración: Menorca, España

Fecha: 2022 (9-13 Noviembre)

Paralelamente, divulgué los conocimientos generados a la sociedad con una intensa labor de transmisión de la ciencia mediante actividades en eventos de divulgación como, por ejemplo, charlas invitadas en el marco de la Iniciativa 11F, el día de la Mujer y la Niña en la Ciencia, o en entrevistas radiofónicas/podcast, eventos que conectan a los Investigadores y las Escuelas (*Science is Wonderful*) organizados por la Comisión Europea, así como la publicación de post en el blog de la AEET:

Autores: Ferraguti M

Título: UCCELLI & ZANZARE: Il ruolo dell'ambiente nelle malattie trasmesse da vettori.

Tipo de participación: Comunicación oral invitada

Congreso: “Le Donne nell’Ornitologia (Women in Ornithology)”, evento organizado por el CISO - Centro Italiano de Estudios Ornitológicos – en el marco del Día Internacional de la Mujer y la Niña en la Ciencia, 11 de Febrero.

Lugar de celebración: Online, <https://www.ciso-coi.it/attivita/le-donne-nellornitologia/sesto-incontro/>

Fecha: 2021 (2 de Marzo)

Autores: Ferraguti M

Título: Pican, pican los mosquitos

Actividad: Post en el Blog de la AEET

Organizado por: Asociación Española de Ecología Terrestre (AEET)

Enlace: <https://blogaeet.org/2021/03/02/pican-pican-los-mosquitos/>

Fecha: 2021 (2 de Marzo)

Autores: Ferraguti M

Título: Nel segno di Marie Curie

Actividad: Entrevista de radio, podcast

Organizado por: Radio3 Scienza, el programa científico de la tercera red italiana (<https://www.raipplayradio.it/radio3>)

Enlace: https://www.raipplayradio.it/audio/2021/02/Nel-segno-di-Marie-Curie-a4bd65a5-0053-4e36-b247-cc40815b2a98.html?wt_mc=2.www.wzp.raipplayradio_ContentItem-a4bd65a5-0053-4e36-b247-cc40815b2a98.&wt

Fecha: 19 de Febrero, 2021

Autores: Ferraguti M

Actividad: Encuentro virtual entre investigadores y escuelas en el marco de "Science is Wonderful". Entrevista oral en línea, por invitación.

Organizado por: Comisión Europea

Enlace: <https://www.scienceiswonderful.eu/>; resumen por la clase 3F del colegio I.C.

Puecher <https://www.youtube.com/watch?v=SI17oTNpB38>

Fecha: 23 de Noviembre, 2021

3. Informe de gastos del proyecto. Relación de partidas de gastos y sus importes. Se deberán aportar justificantes originales de los pagos realizados (tickets, recibos o facturas).

Categoría gasto	Gasto	Importo total (€)
Equipamiento	Disco duro	333
Material divulgación	Material para talleres	559,47
Material formativo	Licencia post-doc plan <i>BioRender</i>	207
Material formativo	Licencia standard <i>Doodly</i>	57,32
Material formativo	Libros	222,44
Viajes y Dietas	Congreso <i>Avian Malaria Parasites</i>	916,69
Viajes y Dietas	Congreso <i>Ornitología SEO/Birdlife</i>	212,49
	Total	2508,41

Justificación de gastos

Adjunto un PDF con todos los gastos desglosados en detalle, las facturas y/o tickets.

Fdo.: Martina Ferraguti

en Sevilla a 20 de Enero de 2023