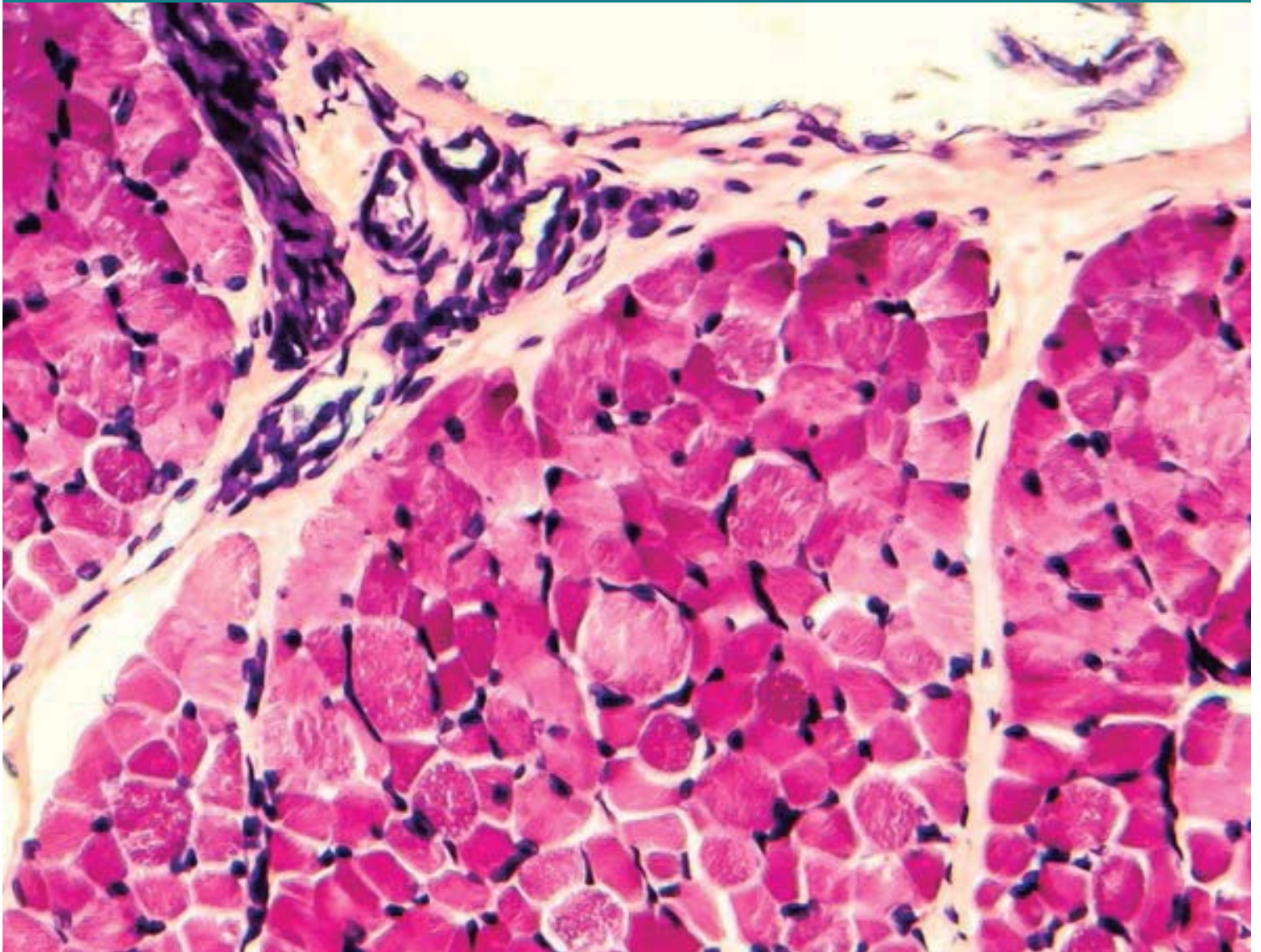


Physiological Mini Reviews

Special Issue
Congreso Nacional de Biociencias
Octubre 2022, Montevideo, Uruguay

15
Volume



Vol. 15, October, 2022
ISSN 1669-5410 (Online)
pmr.safisiol.org.ar





BIOCIENCIAS

II Jornadas Binacionales Argentina Uruguay
III Congreso Nacional 2022
"Ciencia para el desarrollo sustentable"

19 al 21 de Octubre 2022

Radisson Victoria Plaza Montevideo Uruguay

XVIII Jornadas de la SUB

XVIII Jornadas de la Sociedad de Neurociencias del Uruguay

XII Jornadas de la Sociedad de bioquímica y Biología Molecular

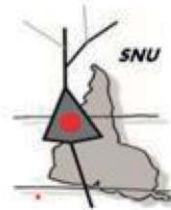
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

VI Jornadas +Biofísica

III Jornadas de la Asociación de Terapia Génica y Celular del Uruguay

III Jornadas de la Sociedad Uruguaya de Microscopía e Imagenología XIV

Encuentro Nacional de Microbiólogos



de mediadores lipídicos por HPLC-MS/MS, la expresión de LOXs por Western Blot y su localización subcelular por microscopía confocal. Se evidenció que 5 y 12-LOX se expresan en ambos fenotipos macrofágicos, mientras que 15-LOX1 solo en M2. Experimentos en curso con macrófagos suplementados con PUFAs y estimulados con Zymosan, muestran mayores cantidades de mediadores proinflamatorios derivados del AA como prostaglandina E2 y leucotrieno B4 en M1 y de intermediarios de las vías LOXs derivadas de DHA en M2. Como perspectivas, planteamos profundizar en el estudio de la localización subcelular de las LOXs para comprender el mecanismo celular que dirige el cambio en el perfil de la respuesta a nivel del sitio inflamatorio.

Palabras clave: resolución de la inflamación, lipoxigenasas, macrófagos, mediadores lipídicos

303

Activación de la vía de señalización BMP9/10-ALK1-ENG-SMAD como estrategia de reutilización de drogas para la terapia de la telangiectasia hemorrágica hereditaria

Chiesa, Camila; Pérez, Valentina; Santos, Leonardo; Escande, Carlos; Ruiz, Santiago

Laboratorio de Patologías del Metabolismo y el envejecimiento, Institut Pasteur Montevideo, Montevideo, Uruguay

Introducción: La telangiectasia hemorrágica hereditaria (HHT) es un trastorno vascular genético autosómico dominante con una prevalencia de 1 cada 5000 individuos, que hasta el momento no tiene cura. Las manifestaciones más comunes incluyen hemorragias nasales recurrentes, la presencia de vasos sanguíneos dilatados en piel y mucosas, y más grave aún, el desarrollo de malformaciones arteriovenosas (MAV) en distintos órganos. Estas MAVs, pueden causar hemorragia interna, accidentes cerebrovasculares o insuficiencia hepática y cardíaca. Las personas con HHT portan mutaciones con pérdida de función en los genes que codifican para proteínas involucradas en la vía BMP9/10-ALK1-ENGSMAD, bloqueando su señalización. En este trabajo, adoptando una estrategia de reutilización de fármacos aprobados para su uso en el tratamiento de ciertas patologías, testeamos fármacos recientemente identificados como posibles activadores de la vía mencionada, con el fin de evaluar su uso en el tratamiento de HHT. **Hipótesis:** Los fármacos activadores de la vía de señalización BMP9/10-ALK1-ENG-SMAD son capaces de baipasear las pérdidas de función en esta vía y así presentar potencial terapéutico para la HHT.

Materiales y Métodos: Mediante estudios *in vitro* en células HUVEC y el análisis por western blot de marcadores de activación de la vía (fosforilación de SMAD1/5/8 y expresión de ID1), evaluamos la capacidad de activación que tienen los fármacos nitazoxanida, nabumetona e ipriflavona.

Resultados y Discusión: La nitazoxanida, nabumetona e ipriflavona activan la vía BMP9/10-ALK1-ENG-SMAD. Esto confirma resultados previos y evidencia la necesidad de profundizar su estudio para definir su potencial en la terapia de HHT.

Palabras clave: Reutilización de fármacos, nitazoxanida, nabumetona, ipriflavona, Telangiectasia hemorrágica hereditaria

306

Análisis del transcriptoma de dos cultivares de soja en respuesta a la infección con *Diaporthe caulivora*

Mena, Eilyn¹; Reboledo, Guillermo¹; Stewart, Silvina²; Montesano, Marcos^{1,3}; Ponce de León, Inés^{1}*

¹*Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay*

²*Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Programa Nacional de Cultivos de Secano, La Estanzuela, Colonia, Uruguay*

³*Laboratorio de Fisiología Vegetal, Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay*

En Uruguay la soja constituye el principal producto de exportación. Una de las enfermedades que afecta este cultivo es el cancro del tallo, causado por *Diaporthe caulivora*. En este estudio se compararon dos cultivares de soja contrastantes, Williams (susceptible) y Génesis 5601 (resistente), en respuesta a la infección con *D. caulivora*. La enfermedad se desarrolla en ambos cultivares, observándose mayor largo de las lesiones y biomasa del patógeno en el cultivar Williams. Mediante análisis transcriptómicos, se observaron diferentes patrones de expresión de genes entre plantas inoculadas respecto a sus controles y también entre cultivares. En condiciones basales Génesis 5601 presenta mayor expresión de genes que codifican receptores involucrados en detectar a los patógenos y genes relacionados con la defensa vegetal. Además, se observó una activación de la respuesta de defensa más rápida en el cultivar resistente, detectándose a tiempos tempranos 1028 genes sobreexpresados en Génesis 5601 y solo 434

genes en Williams. Los patrones de expresión de genes regulados positivamente y el análisis de enriquecimiento de ontología mostraron que en la activación de defensa vegetal juegan un rol importante la percepción del patógeno, la señalización, las vías hormonales, la ruta de los fenilpropanoides y las proteínas relacionadas con la patogenicidad. Los resultados obtenidos constituyen aportes originales sobre este patosistema y brindan información relevante sobre las bases moleculares y la activación de mecanismos de defensa en la interacción soja-*D. caulivora*, los cuales pueden ser utilizados en los programas de mejoramiento de la soja.

Palabras clave: cancro del tallo de la soja, expresión diferencial de genes, genes de defensa vegetal

309

Resultados de la detección molecular del Virus del Síndrome de la Mancha Blanca (WSSV) en camarón rosado *Farfantepenaeus paulensis* (crustacea:decapoda: penaeidae) de Laguna de Rocha, Uruguay

Carnales, Daniela¹; Pereira-Gómez, Mariana^{2,3,4}; Fabiano, Elena²; Fabiano, Graciela^{5,6}; Galli, Leonardo⁷

¹Unidad Académica Patología, Biología y Cultivo de Organismos Acuáticos. Facultad de Veterinaria. Universidad de La República

²Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana (BIOGEM), Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE-MEC)

³Laboratorio Evolución Experimental de Virus. Institut Pasteur de Montevideo

⁴Laboratorio de Virología Molecular. Facultad de Ciencias, Universidad de la República

⁵Dirección Nacional de Recursos Acuáticos (DINARA-MGAP). La Paloma, Rocha

⁶Unidad Académica Ciencia y Tecnología de los Productos Pesqueros. Facultad de Veterinaria. Universidad de La República

⁷Consultor Internacional en Patologías de Organismos Acuáticos y Acuicultura

Farfantepenaeus paulensis, es un importante recurso para la pesca artesanal de las lagunas costeras salobres. Estas lagunas pueden oficiar de sitios de transmisión de patógenos virales. El WSSV, es un virus causante de grandes mortandades en granjas camaroneras en el mundo. Es un virus ADN de doble cadena, envuelto, de forma baciliforme, perteneciente a la familia Nimaviridae, género Whispovirus y es de declaración obligatoria ante la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). El objetivo fue monitorear la presencia del WSSV en poblaciones naturales de *F. paulensis* del Uruguay. Se tomaron 165 muestras aleatorias de ejemplares juveniles provenientes de las capturas artesanales de la zafra del 2018 en laguna de Rocha. Los ejemplares se trasladaron en conservadoras refrigeradas al laboratorio de la Dirección Nacional de Recursos Acuáticos (DINARA), La Paloma, Uruguay. Se tomaron muestras de branquias para los análisis moleculares, las cuales fueron fijadas en alcohol etílico 95%. Las muestras fueron distribuidas en 33 pools, cada uno de ellos con tejido branquial de 5 individuos. Para identificar la presencia de WSSV en las muestras, se realizó una reacción en cadena de la polimerasa de tipo anidada (Nested-PCR) a tiempo final. No se detectó el WSSV en las muestras analizadas. En otros países de la región, se ha encontrado este virus en poblaciones de *P. paulensis* silvestres y de cultivo. La presente investigación podrá servir como antecedente para la implementación de futuros programas de monitoreo y vigilancia sanitaria.

313

Desarrollo de un sensor genéticamente codificado para el monitoreo de 3-mercaptopiruvato, un metabolito vinculado a la señalización por H₂S

Bonilla, Mariana¹; Oddone, Natalia¹; Gutiérrez, María Victoria¹; Comini, Marcelo¹

¹Laboratorio de Biología Redox de Tripanosomátidos, Institut Pasteur de Montevideo

El sulfuro de hidrógeno (H₂S) es producido endógenamente por muchos organismos, donde cumple varios roles fisiológicos y como molécula señalizadora. Uno de los metabolitos involucrados en su biogénesis es el 3-mercaptopiruvato (3-MP), que es convertido a piruvato y H₂S por 3-mercaptopiruvato azufretransferasas (MSTs).

En este trabajo diseñamos un biosensor redox genéticamente codificado para monitorear al 3-MP en tiempo real, fusionando las MSTs de *Leishmania major* (LmMST) y de *Arabidopsis thaliana* (AtSTR1) a la proteína redox fluorescente reportera roGFP2. La funcionalidad de estos biosensores en células fue evaluada en primer lugar en *Leishmania tarentolae*, tripanosomátido modelo, no patógeno de humanos, que expresa proteínas recombinantes a