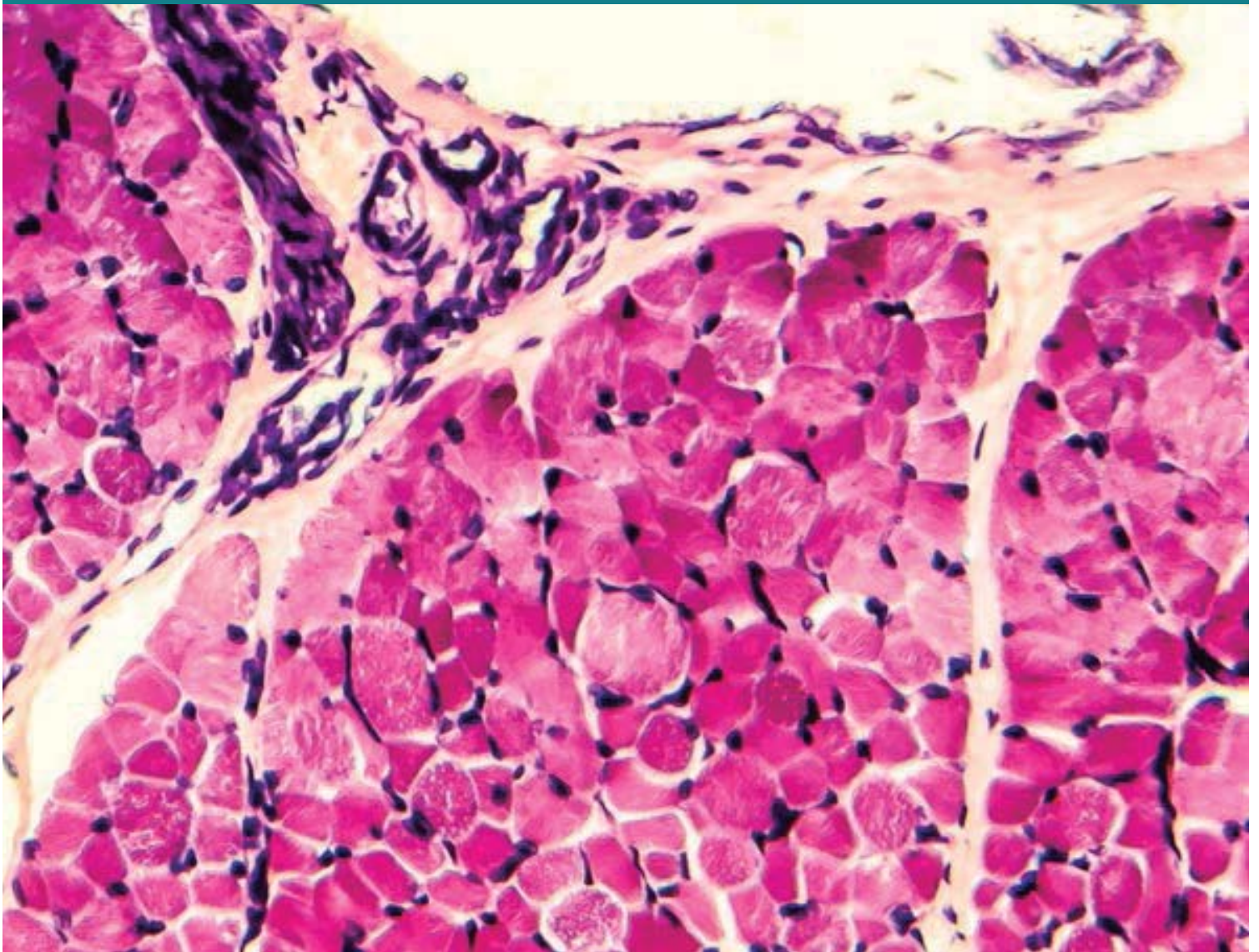


Physiological Mini Reviews

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

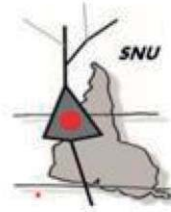
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

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



⁴INIA Las Brujas

⁵INIA Salto Grande

Una de las principales enfermedades que afecta al cultivo de la papa es la marchitez bacteriana, causada por *Ralstonia solanacearum*. Las variedades comerciales no cuentan con niveles considerables de resistencia a este patógeno. Una potencial fuente de resistencia son los parientes silvestres de la papa distribuidos en Uruguay. La especie *Solanum commersonii* se ha incorporado al Programa nacional de mejoramiento, generando germoplasma avanzado por hibridación y retrocruzas. Con este trabajo se busca caracterizar la resistencia a marchitez bacteriana en germoplasma seleccionado del Programa nacional de papa y otros materiales promisorios de diverso origen. Se utilizaron dos métodos de evaluación de resistencia; inoculación de las plantas crecidas en cámara de crecimiento y en macrotúnel. Para ambos ensayos se utilizó un diseño en bloques completos al azar. Se realizó un seguimiento periódico de síntomas mediante apreciación visual en planta y evaluación de tubérculos asintomáticos mediante BIO-multiplex PCR, para detectar latencia. Se observó que los clones evaluados presentaron diferentes niveles de resistencia a la infección y todos presentaron latencia. Se realizó un análisis de varianza de los valores de AUDPC de cada ensayo y se estudió la correlación de los dos métodos utilizando el coeficiente de Spearman. Dadas las dificultades de control del patógeno, los materiales resistentes identificados tienen gran potencial dentro de una estrategia de control integrado o para utilizar en cruzamientos que complementen además con resistencia a otras enfermedades importantes como tizón tardío o sarna común.

Palabras clave: *Ralstonia solanacearum*; parientes silvestres de la papa; introgresión; retrocruza; murchera

157

Análisis de variantes de número de copias en cáncer de mama esporádico en el Uruguay

Brignoni, Lucía^{1,2}; Cappetta, Mónica¹; Artagaveytia, Nora²; Bertoni, Bernardo¹

¹Departamento de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República

²Departamento Básico de Medicina, Hospital de Clínicas, Facultad de Medicina, Universidad de la República

El cáncer de mama es un grave problema de salud mundial. En Uruguay 1.800 mujeres son diagnosticadas y 600 fallecen por esta enfermedad anualmente. El cáncer de mama esporádico representa entre 90-95% del total y las mutaciones puntuales no explican su desarrollo. Las variantes de número de copias (CNVs) presentan gran diversidad entre individuos y poblaciones; y su asociación con enfermedades complejas es cada vez más relevante. Aún no se han descrito CNVs asociados a cáncer de mama en Uruguay. El riesgo de padecer esta enfermedad varía entre poblaciones. La población uruguaya es única en términos de mestizaje imposibilitando extrapolar resultados obtenidos en poblaciones europeas o latinoamericanas, haciendo necesario determinar biomarcadores de riesgo propios de nuestra población. Con este objetivo, realizamos un análisis bioinformático de CNVs a partir de datos de metilación sitio-específica obtenidos por microarray en muestras de ADN de sangre periférica de 24 mujeres con cáncer de mama esporádico y 13 controles sanas. Detectamos 3 CNVs diferenciales entre pacientes y controles (FDR < 0.05) ubicados en las regiones 6p21.31, 10p12.31 y 10q26.13. Estos CNVs los estamos validando mediante qPCR en un muestreo mayor. Habiendo analizado hasta el momento 45 pacientes y 45 controles de las 200 muestras objetivo, no observamos diferencias estadísticamente significativas entre ambos grupos para ningún CNV. Si bien estos resultados son preliminares nos abren nuevas posibilidades de aportar al estado del conocimiento sobre la relevancia de este tipo de variantes en el desarrollo del cáncer de mama esporádico en el Uruguay.

Palabras clave: cáncer de mama esporádico, variantes de número de copia, biomarcadores

160

Genome-wide association mapping in a nested population representative of elite breeding in Uruguay

Verocai, Maximiliano¹; Baraibar, Silvina²; Cammarota, Lorena³; Cardozo, Fernanda⁴; Germán, Silvia²; Gutiérrez, Lucía⁵; Locatelli, Andrés⁶; Pardo, Fernanda⁷; Castro, Ariel¹

¹Departamento de Producción Vegetal, Estación Experimental. "Dr. Mario A. Cassinoni", Facultad de Agronomía, Universidad de La República, Ruta 3 Km.363, Paysandú, Uruguay

²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Estación Experimental La Estanzuela, Ruta 50, Km11, Colonia, Uruguay

³Latitud, LATU Foundation, Av Italia 6201, Montevideo 11500, Uruguay

⁴Maltería Uruguay S.A. Ruta 55, Km26, Ombúes de Lavalle, Uruguay

⁵Department of Agronomy, University of Wisconsin, 1575 Linden Dr., Madison, WI, USA

⁶Polo Agroalimentario e Industrial, Centro Universitario de Paysandú, Universidad de la República, Ruta 3, km 363, Paysandú, Uruguay

⁷Maltería Oriental S.A., Camino Abrevadero 5525, Montevideo 12400, Uruguay

Uruguayan Barley production has a strong dependence on modern European germplasm which combines high grain yield potential and excellent malting quality, even though it has limited adaptation to non-optimum environments due to its late flowering and reduced photoperiod sensitivity. Previous genomic studies in Uruguay have focused in relevant traits, but none have worked with germplasm representative of the national breeding programs. Thus, our goal was to identify chromosome regions associated with yield and phenological traits in germplasm representative of the crosses used in local breeding programs. We used a population of double haploid lines obtained from crosses between modern European cultivars and local well-adapted germplasm. The phenotypic data base was obtained by measuring ten phenological and eight agronomic traits during four consecutive years at four locations in Uruguay in normal (optimum) and late (nonoptimum) sowing dates. The population was genotyped with 6340 SNPs covering all chromosomes. We found 6 QTL hotspots localized on chromosomes 1H, 2H, 3H, 6H and 7H. We propose *PPD-H1*, *HvFT2* and *Vrn-H3* genes as candidates for the hotspots located on 2H, 3H and 7H, respectively. The *PPD-H1* region is likely to be the most important in our conditions since it reduces the cycle length in late plantings, with the potential of reducing yield and quality losses in more limiting environments. The population used may allow a more direct utilization of the results in breeding.

Keywords: Barley; Plant breeding; Phenology; Adaptation

165

Predicción de secuencias de inserción en genomas bacterianos utilizando algoritmos de machine learning

Barros, Miguel Angel^{1,2}; Iriarte, Andrés²; Traglia, Germán Matías²

¹Maestría en Data Mining, Universidad De Buenos Aires

²Departamento de Desarrollo Biotecnológico, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República

Las secuencias de inserción (IS) son elementos genéticos móviles que tienen la capacidad de desplazarse desde una determinada región del genoma hacia otra. La IS es una fuente de variabilidad genética que podrían brindar rasgos adaptivos a distintas especies bacterianas, por ejemplo resistencia antibiótica. Sin embargo, la identificación de las IS presenta dificultades debida a los rasgos genéticos variables entre los distintos tipos existentes.

Objetivo: diseñar un programa basado en algoritmo de aprendizaje automatizado que permita identificar IS sobre diferentes especies de genomas bacterianos.

Materiales y métodos: Se trabajó con un dataset inicial de 8.223 de secuencias aminoacídicas de IS (base de datos: ISFinder) y 8.223 secuencias aminoacídicas de nonIS (base de datos: PDB) que se utilizaron para entrenar el modelo. Se evaluaron 6 clasificadores: Regresión Logística, Support Vector Machines (SVM), Stochastic Gradient Descent (SGD), Xtreme Gradient Boosting (XGBoost), Random Forest y Light Gradient Boosting Machine (LGBM). Para validar el rendimiento del modelo se incluyeron cinco genomas de referencia: *Escherichia coli* K-12, *Salmonella enterica* serovar Typhi CT18, *Acinetobacter baumannii* AYE, *Staphylococcus aureus* Newman y *Pseudomonas aeruginosa*.

Resultados: El clasificador que obtuvo los mejor fue XGBoost, mediante el cual se obtuvieron valores de 93.98% en Sensitividad, 94.1% en Especificidad y 94% en Accuracy en la etapa de entrenamiento y testing. El análisis mediante BLAST sobre los falsos positivos demostró que XGBoost fue capaz de identificar nuevas IS.

Conclusión: El programa desarrollado nos permitió identificar y clasificar las IS con una alta especificidad e sensibilidad sobre genomas bacterianos.

Palabra clave: Genómica, Machine Learning, Bacteria, Secuencias de Inserción

167

Análisis de genes de resistencia a acaricidas de *Rhipicephalus microplus* colectadas en establecimientos del norte del Río Negro.

Bicco Giuliana¹; Saporiti Tatiana¹; Correa Yemina¹; Álvarez Guzmán¹; Randall Lia¹; Corvo Ileana¹

¹Laboratorio de Moléculas Bioactivas, Dpto. de Ciencias Biológicas, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República

La garrapata común del ganado (*Rhipicephalus microplus*) es la ectoparasitosis más importante de la ganadería a nivel mundial y en particular en nuestro país, debido a los problemas sanitarios y pérdidas económicas que produce.