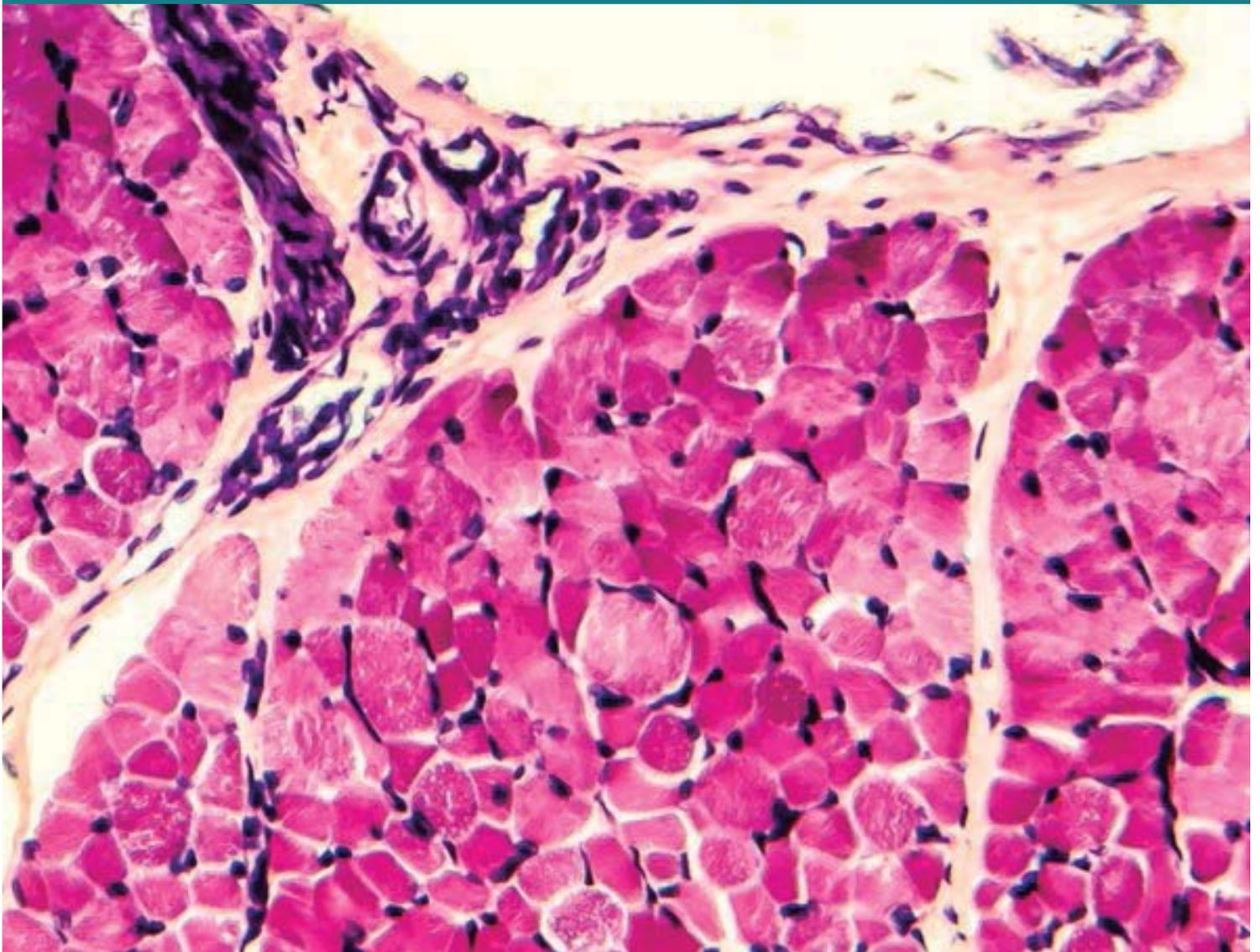


Physiological Mini Reviews

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

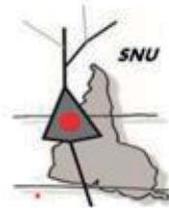
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

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



263

Búsqueda y caracterización de Amps en transcriptoma de hoja y flor de *Acca sellowiana*

Rossi F, Oberti H, Pritsch C, Rodríguez-Decuadro S

Laboratorio de Biotecnología, Facultad de Agronomía, UDELAR

Los péptidos antimicrobianos (AMP) son pequeños péptidos ricos en cisteína que forman parte del sistema inmune innato de plantas y animales. Su bioprospección en la flora nativa de Uruguay es aún incipiente pese a su valioso potencial para el desarrollo de alternativas de control de infecciones (humanos, animales, plantas), y para la agroindustria, en la preservación de alimentos. Este trabajo se propuso identificar y caracterizar genes que codifican AMPs de tipo defensinas, esnaquinas, tioninas, heveínas, ciclótidos y proteínas de transferencia de lípidos (LTP) en el frutal nativo *Acca sellowiana* (Myrtaceae), conocido como guayabo del país. La búsqueda de secuencias candidatas basada en homología se realizó en un transcriptoma *de novo* de flor y hoja ensamblado por nuestro grupo. Se utilizaron como *query* secuencias AMP reportadas, preferentemente de especies filogenéticamente cercanas a *A. sellowiana*. Se retuvieron hits con E-value menor a 10^{-2} y con evidencia de coincidencia con al menos tres de las cisteínas de los motivos típicos de cada AMPs.

En total, se seleccionaron 178 secuencias candidatas que corresponden a 23 defensinas, 49 esnaquinas, 7 tioninas, 12 heveínas, y 87 LPT. No se detectaron secuencias con similitud a ciclótidos. Mediante alineamientos múltiples con AMP de referencia, las secuencias candidatas de defensinas y esnaquinas se agruparon en sub-familias o grupos, evidenciando una alta riqueza de variantes AMP en *A. sellowiana*. Se seleccionaron secuencias de esnaquinas, defensinas y heveínas para su validación mediante amplificación de ADN genómico, para caracterizar las secuencia exón-intrón de cada gen y confirmar algunas isoformas observadas.

273

Evaluación de la resistencia a tizón tardío (*Phytophthora infestans*) en genotipos de una colección núcleo de parientes silvestres de papa en condiciones controladas

Hernández-Lista, Natalí¹; Moreira, Victoria²; González-Barrios, Pablo³;

Rodríguez, Gustavo⁴; González-Arcos, Matías⁵; Galván, Guillermo⁶; Vilaró, Francisco⁶; Gaiero, Paola¹

¹Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República.

²Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República

³Departamento de Biometría y Estadística, Facultad de Agronomía, Universidad de la República

⁴INIA Las Brujas

⁵INIA Salto Grande

⁶Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República

El tizón tardío de la papa, causado por *Phytophthora infestans*, es la enfermedad más importante del cultivo a nivel mundial. Una de las medidas de manejo para su control es la resistencia genética, introgresando genes de resistencia de parientes silvestres de la papa originarios de Centroamérica. Se ha reportado resistencia en algunas accesiones de especies silvestres que se distribuyen en Uruguay. En este trabajo se evaluó la resistencia a *P. infestans* en una colección núcleo de 43 clones de parientes silvestres. Se hicieron inoculaciones en condiciones controladas con un aislado de *P. infestans* en hoja desprendida y en planta entera a partir de plantas de la colección núcleo multiplicadas por esquejes. En el ensayo de hoja desprendida, se observaron tres grupos de genotipos, uno más susceptible agrupando el 11,6% de los genotipos en un rango de valores del área bajo la curva del progreso de la enfermedad (AUDPC) entre 45,2-58,7, otro intermedio con 65,1% de los genotipos en un rango de AUDPC entre 28,3-44,2 y por último uno más resistente con 23,3% de los genotipos en un rango de AUDPC entre 8,7-25,6. En el ensayo de planta entera también se obtuvieron distintos niveles de resistencia y se pudo correlacionar los rankings de los dos ensayos con datos preliminares obtenidos a campo. Se encontró gran diversidad de resistencia en la colección núcleo, esto permite continuar en la exploración de las fuentes de resistencia y valorización de recursos genéticos de papa en Uruguay.

Palabras clave: *Solanum commersonii*, *S. malmeanum*, *S. chacoense*, resistencia parcial, recursos genéticos

276

Desarrollo de un método efectivo para la obtención y análisis de genomas completos de parvovirus canino mediante PCR-multiplex-NGS