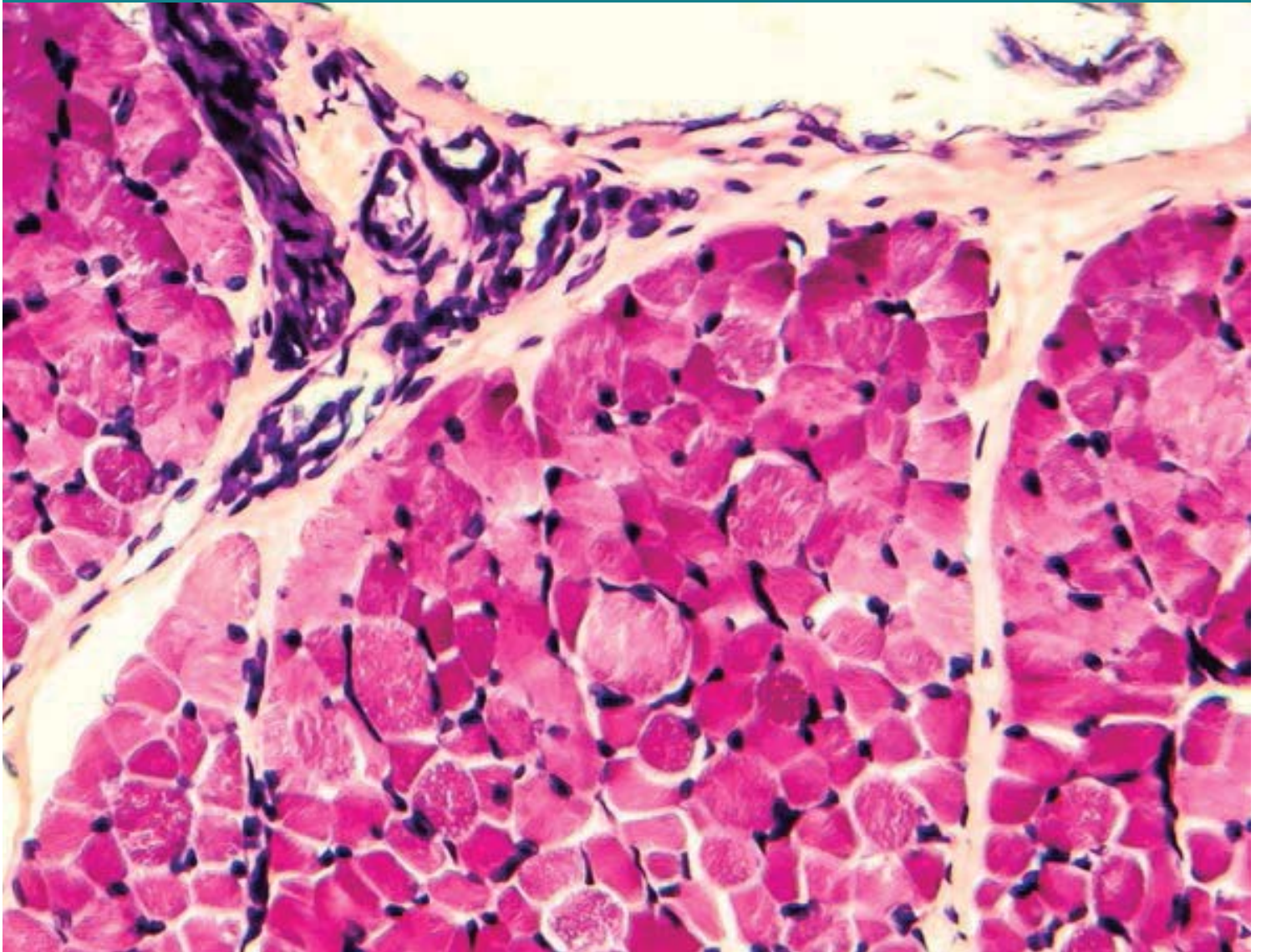


Physiological Mini Reviews

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

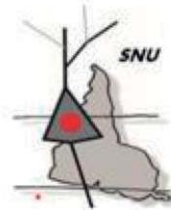
VII Congreso de la Sociedad Uruguaya de Genética

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



Mb) tal cual se espera para un microorganismo de origen ambiental y, con gran similitud con otras *Pseudomonas* antárticas. Basada en varios índices (OGRO, ANI, dDDH Y TYGS) pertenecería al grupo de las *Pseudomonas* fluorescentes, validado según la construcción de su árbol filogenético. Presenta resistencia a betalactámicos y aminoglicósidos, así como a metales pesados, comprobado por métodos estándares en mesada. La reconstrucción de sus vías metabólicas por KEGG sugiere que AU10 utiliza la vía de Entner-Doudoroff, presenta una cadena respiratoria ramificada, así como transportador para azúcares, polioles, aminoácidos, dipéptidos y ácidos dicarboxílicos; produce moléculas de reserva como glucógeno, polihidroxialcanoatos y polifosfatos, sideróforos y receptores de hemina para la captura de hierro, así como varias exo-enzimas hidrolíticas; la producción de sideróforos y exo-enzimas se demostró también en mesada. Finalmente, AU10 presenta un gran plásmido+5 con genes involucrados en la competencia natural, integrasas y profagos. Durante la presentación del poster, se realizará una descripción de los elementos encontrados y de los experimentos que llevaron a verificar algunas de las propiedades de AU10. También se presentará una discusión sobre cuáles son las ventajas adaptativas, que los elementos encontrados, le confieren a AU10 en el gélido ambiente antártico.

Palabras clave: *Pseudomonas*, genoma, Antártida

305

Identificación y caracterización genómica de especies de *Pantoea* asociadas a pudriciones de bulbos y lesiones foliares en cultivos de cebolla en Uruguay

De Armas, Stefanie¹; Denis, Nicol¹; Shin, Gi Yoon²; Kvitko, Brian²; Vicente, Esteban³; Galván, Guillermo A⁴; Siri, María I¹

¹Laboratorio de Microbiología Molecular, Área Microbiología, DEPBIO, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

²Departamento de Fitopatología, Universidad de Georgia, Athens, Georgia, EE. UU

³Estación Experimental Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA). Salto, Uruguay

⁴Departamento de Producción Vegetal, Centro Regional Sur (CRS), Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Canelones, Uruguay

La oferta nacional de cebolla (*Allium cepa* L.) tiene variaciones interanuales significativas, asociadas principalmente a las pérdidas durante la conservación poscosecha por podredumbres bacterianas. A partir del relevamiento realizado en Uruguay durante el período 2015-2020, se generó una colección de 59 aislados que fueron asignados a cinco especies mediante la técnica *Multilocus Sequence Analysis* (MLSA): *P. ananatis*, *P. agglomerans*, *P. allii*, *P. eucalypti* y *P. vagans*. Se destaca la especie *P. eucalypti* por su mayor prevalencia y porque no ha sido anteriormente reportada como patógena de cebolla. Además, mediante PCR convencional se determinó la presencia de dos clusters genéticos (HiVir y *alt*) asociados a la patogenicidad de *P. ananatis* en cebolla. El objetivo de este trabajo es confirmar esta identificación a nivel genómico y caracterizar determinantes genéticos asociados a la virulencia en especies de *Pantoea* patógenas de cebolla mediante análisis genómico comparativo. Para la identificación de los aislamientos se calcularon índices de similitud global (ANI, dDDH), confirmándose la identificación obtenida previamente por MLSA. Por último, para el análisis genómico comparativo, se realizó blast de nucleótidos utilizando genomas de cepas de *Pantoea* con clusters genéticos asociados con enfermedades de la cebolla, encontrándose una amplia distribución del cluster *alt* en diferentes especies de *Pantoea*, mientras que el cluster HiVir se encontró en los aislamientos de *P. ananatis*. Cabe destacar que también se encontró un cluster denominado Halophos reportado recientemente en la mayoría de los aislamientos de *P. allii*. Esta información podrá ser utilizada posteriormente para el desarrollo de métodos moleculares de diagnóstico.

Palabras clave: *Allium cepa* L., *Pantoea*, análisis genómico

308

Empleo de microARN para redireccionar y potenciar la actividad oncolítica de enterovirus humanos.

Aldunate, Fabián^{1,2}; Arce, Rodrigo^{1,2}; Simón, Diego^{1,2}; Joaquín, Hurtado^{1,2}; Moreno, Pilar^{1,2}; Moratorio Gonzalo^{1,2}

¹Laboratorio de Virología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay

²Laboratorio de Evolución Experimental de Virus, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay

El cáncer constituye uno de los mayores desafíos para la salud pública, con más de 19 millones de casos y una proyección del 47% de casos para 2040. A pesar de los avances en los tratamientos clásicos, como la cirugía o