

## GGM 37

**HERRAMIENTAS PARA LA EXPRESIÓN DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS**

Maidana M.<sup>1,2,4</sup>, S. Murchio<sup>2</sup>, C. Schwartzman<sup>2</sup>, C. Leoni<sup>3</sup>, M. Señorale<sup>4</sup>, M. Marín<sup>4</sup>, M. Reguera<sup>5</sup>, E. Blumwald<sup>5</sup>, M. Dalla Rizza<sup>2</sup>.  
<sup>1</sup>Maestría en Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay. <sup>2</sup>Laboratorio de Proteínas, Unidad Técnica de Biotecnología, INIA Las Brujas, Uruguay. <sup>3</sup>Sección Protección Vegetal, INIA Las Brujas, Uruguay. <sup>4</sup>Sección Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay. <sup>5</sup>Plant Science Department, University of California, Davis, USA.  
 Email: matiasmaidanda@gmail.com

La producción heteróloga de proteínas hoy día pasa a ser una técnica esencial en muchos laboratorios de investigación y desarrollo. Es un arte que seguirá en crecimiento conforme avance la comprensión de los intrincados procesos celulares que regulan la síntesis proteica en tiempo y forma necesaria. En particular, aquellos aspectos estructurales definitivos para la funcionalidad, esenciales al momento de definir la estrategia de producción, ya que de este dependen el rendimiento del proceso y el éxito del producto final. Aq-AMP2 es un péptido antimicrobiano de 3KDa que adopta una conformación estabilizada por tres puentes disulfuro. Se resumen los resultados de diferentes estrategias empleadas para la producción de péptidos antimicrobianos con un abordaje que explorará plataformas procariotas como *Escherichia coli*, hasta eucariotas como *Pichia pastoris* y *Brachypodium distachyon*. Cada plataforma ofrece diferentes recursos génicos fundamentales para la el correcto plegamiento del producto de interés. Para *E. coli* se buscó una acumulación del péptido en los cuerpos de inclusión evitando usar proteínas de fusión. En el caso de *P. pastoris* se buscó la secreción al medio extracelular mediante la fusión con la señal de secreción Factor  $\alpha$  de *Sacharomyces cerevisiae*. Por último se planteó la expresión tejido específica en plantas de *B. distachyon* mediante la utilización de distintos promotores, buscando la acumulación del producto en el endospermo de semilla. Se plantea exponer un análisis comparativo de los resultados obtenidos con las diferentes estrategias.

## GGM 38

**THE REPETITIVE FRACTION IN THE GENOMES OF WILD POTATO RELATIVES FROM *Solanum* SECTION PETOTA**

Vaio M.<sup>1</sup>, P. Gaiero<sup>1,3</sup>, F. Vilaró<sup>2</sup>, P. Speranza<sup>1</sup>, H. de Jong<sup>3</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. <sup>2</sup>Unidad de Horticultura, INIA Las Brujas, Uruguay. <sup>3</sup>Plant Sciences Group, Wageningen University and Research Centre, The Netherlands.  
 Email: pgaiero@fagro.edu.uy

There are diverse genetic resources in the potato (*Solanum tuberosum*) gene pool of tuber-bearing species in *Solanum* section Petota, of which *S. commersonii* and *S. chacoense* are important representatives that have been used in potato breeding. Here we aim to investigate genome differentiation in the repetitive fraction of these species and cultivated potato. Illumina low-pass sequencing of *S. commersonii* and *S. chacoense* was performed while for *Solanum tuberosum* Group Tuberosum (RH) and *S. tuberosum* Group Phureja (DM) sequences publicly available from PGSC were used. Major repeat families were quantified using graph-based clustering in the RepeatExplorer pipeline. All repeat families and lineages were common across species, with the exception of one species-specific satellite for *S. chacoense*. However, there were quantitative differences in abundance and in the genomic proportion of repetitive DNA. In total, between 37 and 47% of the genomes was represented by repetitive sequences. Most of the repeats were long terminal repeat (LTR) retrotransposons accounting for 25 to 31% of the genomes, mostly *Gypsy* elements. Differences in abundance between the cultivated and wild species were detected for some types of repetitive sequences, especially DNA transposons, satellites, some families of LTR elements and members of the *Caulimoviridae* pararetrovirus family. Our results suggest differences in the dynamics of amplification/elimination of repeats between these wild species and the cultivated species in section Petota.