

Volumen 4, Número 2, Suplemento 1, Noviembre, 2013

Hechos Microbiológicos

Memorias

**V Simposio Nacional de Virología y
I Congreso Latinoamericano de Virología**



-Trabajos libres- Presentaciones en póster

Characterization of core...

Introduction

The study of species that includes the cultivated tomato, *Solanum lycopersicon*, represents a good model for study of the evolution of domestication diversity. There has been an emergence of multiple full colors within a set of tomato species that diverged c. 10 mya. Color evolution since and has diverged to create the various colors. The full colors vary widely from the ancestral green that is still present in several species to many shades of yellow and orange. The local red of cultivated tomatoes and some even pink with darkened orange flesh. These colors are coded with different genes in the carotenoid pathway (Fig 2). The species and their colors are shown in Fig 1. *S. chilense* and *S. pimpinellifolium* are only orange varieties, are restricted to the Galapagos Islands. *S. pimpinellifolium*, the red fruit is found along the west coast of South America.

The tomato clade is an evolutionarily young group, which appeared roughly 7 million years ago and comprises ~13 species within the genus *Solanum*, which also contains *Phenacolan* (weaver vine etc). The economic, agricultural, and research value of the tomato clade is significant and numerous genetic resources have been created recently for cultivated tomato (*S. lycopersicon*).

Carotenoids are believed to have evolved specifically to attract animals that disperse seeds embedded in the fruits. Full coloration has not been achieved thoroughly in a genetic sense to understand full color evolution as well as the evolutionary forces acting on full color. Tomatoes is a good model system for full color because several colors are maintained, the carotenoid pathway and associated genes are known and there has been a lot of genetic work in tomatoes. There are also good for looking into whether the color is determined through selection, since species endemic to the Galapagos Islands have the genetic variation but maintain color variation. I will look at how full color evolved and the mechanism of color regulation.

Phylogenetic relationships of various tomato species showing origin of full color within the clade.

<i>S. galapagensis</i>	●●●
<i>S. chilense</i>	●●●
<i>S. pimpinellifolium</i>	●●●
<i>S. lycopersicon</i>	●●●
<i>S. chmielewskii</i>	●●●
<i>S. arcanum</i>	●●●
<i>S. pennellianum</i>	●●●
<i>S. aviculare</i>	●●●
<i>S. comelanicum</i>	●●●
<i>S. habrochroides</i>	●●●
<i>S. pennellii</i>	●●●
<i>S. juglandifolium</i>	●●●

Objectives and Key Questions

How can the tomato full color be accurately described (what color relative to other coloration forms or more orange)?

What genes in the carotenoid pathway have changes in their expression to give the observed variation in full color?

What transcription factors regulate these genes in the carotenoid pathway?

Carotenoid Pathway

IPP → DMAPP → GGPP → GGPP → PSY2 → PSY → Phytoene → PDS → Z-Phytoene → CRTISO → Z-Carotene → Z-Carotene → Lycopene → Lycopene → LCY-E → Other Carotenes → LCY-E → LCY-E → LCY-E

RT-PCR

Gene	Fig 1.1	Fig 1.2	Fig 1.3	Fig 1.4	Fig 1.5	Fig 1.6	Fig 1.7	Fig 1.8	Fig 1.9	Fig 1.10
PSY2	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
PDS	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Crt-8	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Crt-9.2	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
LCY-E	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

Case comparison of yellow and blue

Yellow → Blue

Blue → Yellow

TLP41. Evaluación de los Inmunoblots disponibles en Colombia para el diagnóstico de la infección por VIH-1: Western blot e inmunoensayos en línea

Esther Cristina Barros*, Mauricio Beltrán†

Introducción. Los Inmunoblots son el grupo de pruebas más utilizadas para el diagnóstico de la infección por VIH. Los inmunoblots incluyen los ensayos de Western blot, los cuales utilizan como antígenos las proteínas nativas del virus. En contraste, los inmunoensayos en línea son pruebas que tienen como antígenos péptidos sintéticos y proteínas recombinantes. En Colombia el Western blot es la prueba aprobada por la normatividad vigente, sin embargo los inmunoensayos en línea cada vez son más utilizados como alternativa diagnóstica.

Objetivo general. Evaluar el desempeño analítico de los resultados de diagnóstico de VIH obtenidos por Western blot y por Inmunoensayos en línea.

Metodología. Se utilizaron 255 muestras de suero caracterizadas: 58 muestras con anticuerpos detectables contra VIH y 197 muestras sin estos. Las muestras fueron procesadas con dos estuches comerciales de Western blot y uno de Inmunoensayo en línea de acuerdo con las recomendaciones de los fabricantes.

Resultados. De las 58 muestras con anticuerpos detectables contra VIH, 54 (93%) fueron detectadas como positivas por los tres estuches. De las 197 muestras sin anticuerpos detectables contra VIH 195 (99%) fueron negativas y 2 (1%) indeterminadas por inmunoensayo en línea, 129 (65%) fueron negativas y 68 (35%) indeterminadas por Western Blot estuche 1, y 54 (27%) fueron negativas y 143 (63%) indeterminadas por Western Blot estuche 2.

Conclusiones. Los inmunoensayos en línea demostraron una mayor resolución diagnóstica al producir un menor número de resultados indeterminados en comparación con el Western blot, especialmente cuando se practican sobre muestras positivas para VIH en las que no hay anticuerpos contra el virus. Los resultados de este estudio indican que los inmunoensayos en línea constituyen una alternativa diagnóstica para la infección por VIH en Colombia.

*Grupo de Virología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá D.C. - Colombia. †Grupo de Banco de Sangre, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá D.C. - Colombia.

TLP42. Diagnóstico y caracterización molecular de un fragmento del gen de la envoltura del virus de leucosis bovina mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en vacas lecheras de Pasto, Nariño

Bibiana Benavides*§, Carolina Ceriani†||, Sebastian Muñoz‡

Introducción. Debido a la amplia diseminación del Virus de Leucosis Bovina (VLB) en ganado de leche, se han desarrollado programas de control y erradicación basados en la detección de anticuerpos mediante la realización de pruebas serológicas indirectas. Los métodos virológicos directos basados en la detección del ADN del virus, permiten un diagnóstico directo de la infección, confiable en fases iniciales y en animales menores de 6 meses.

Objetivo general. Confirmar mediante la técnica de PCR los animales positivos de las fincas lecheras en el municipio de Pasto e identificar genotipos circulantes mediante secuenciación del fragmento *env*.

Metodología. Las muestras de los animales positivos se conservaron en tarjetas FTA para la posterior extracción del ADN. Para la técnica de PCR anidada se usaron forward primer *env*₅₀₉₉ y reverse primer *env*_{5521r} primers. Se realizó secuenciación directa del fragmento del gen *env* 444pb en un quipo ABI377 Genetic Analyzer. Se calcularon los porcentajes de similitud de secuencia de nucleótidos de los fragmentos alineados del fragmento del gen *env* con el programa CLUSTAL OMEGA.

Resultados. De los 31 animales positivos a la prueba de ELISA se confirmaron 27 positivos con la prueba de PCR. Los fragmentos amplificados se compraron en todos los casos con las secuencias publicadas en el GenBank, encontrándose en todos los casos una homología mayor al 96%.

Conclusiones. Como esta descrito en la literatura se confirma que la prueba de ELISA puede dar falsos positivos, siendo la determinación por *n*-PCR altamente específica. Los fragmentos secuenciados no difieren mayormente de los ya descritos, aunque permitiría agruparlos en diferentes *clusters* de acuerdo a su procedencia.

*Profesor Departamento de Salud Animal. Grupo de Investigación de Buiatría. Universidad de Nariño, Pasto, Colombia. †Profesor Departamento de Ciencias Biológicas. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional del Centro. Tandil, Argentina. ‡Estudiante X semestre Medicina Veterinaria. Grupo de Investigación de Buiatría. Universidad de Nariño, Pasto, Colombia. §MSc. ||Biol. PhD.