



1^{ra} Conferencia Nacional de Biotecnología

PerúBiotec
Asociación Peruana para el
Desarrollo de la Biotecnología

Avances en las Aplicaciones de la Genómica en el Perú

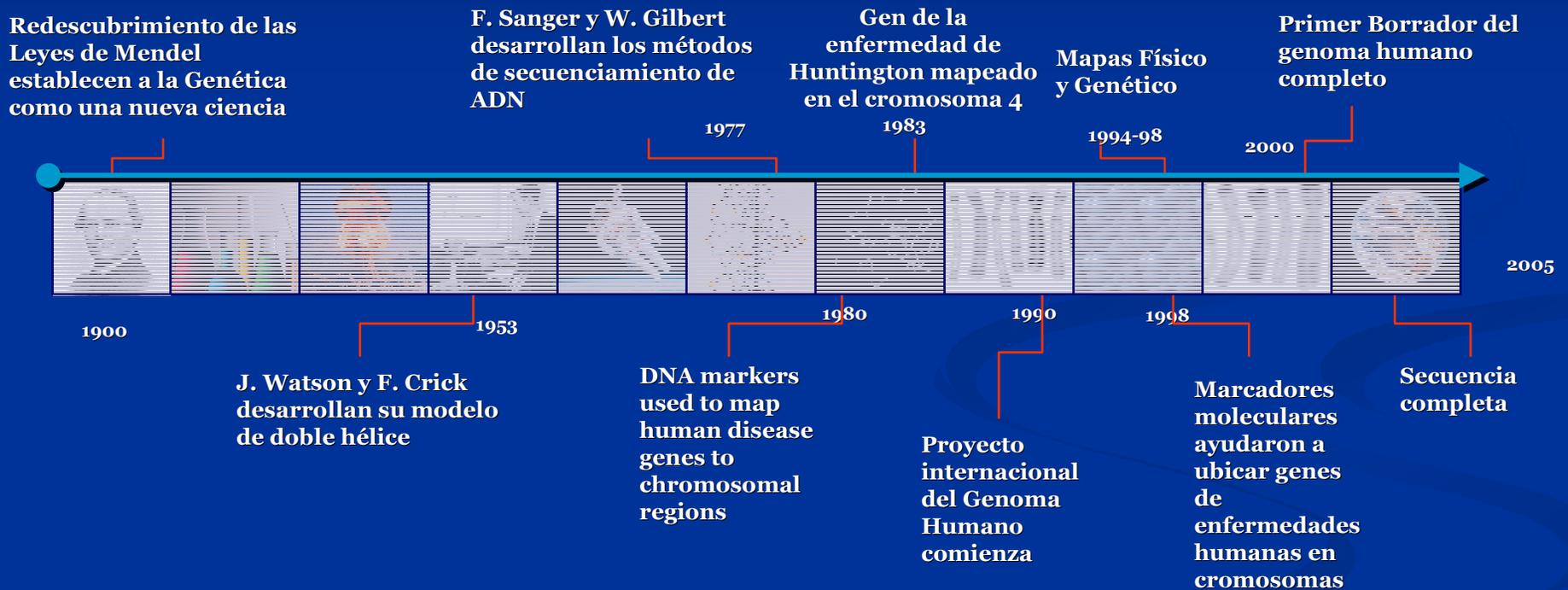
Luis J.C. Destefano Beltrán, Ph.D.

ldestefano@upch.edu.pe

Unidad de Genómica

Universidad Peruana Cayetano Heredia

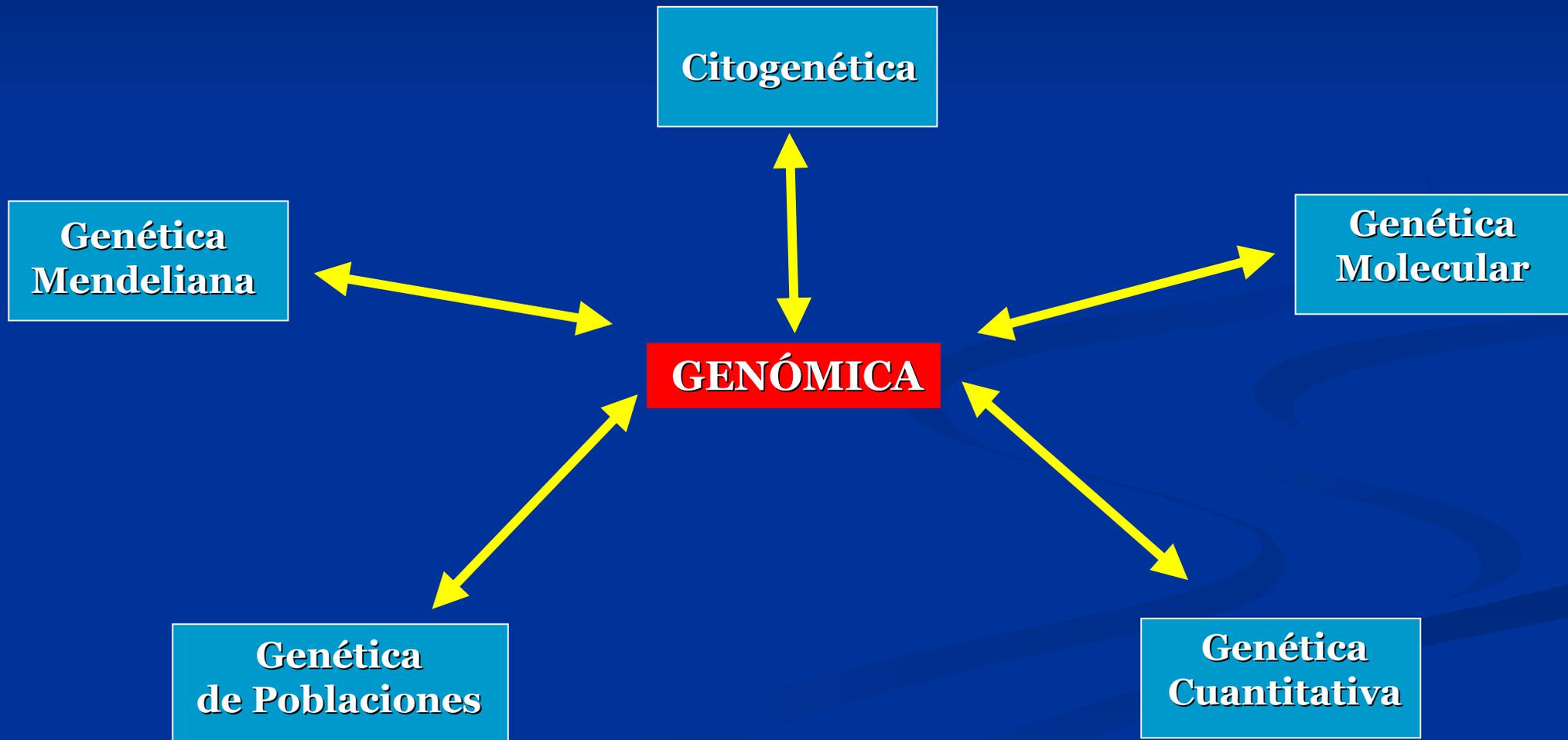
Genómica representa el inicio de una nueva era en Biología y Medicina



¿Qué es Genómica?

Disciplina que intenta descifrar y entender la función de cada uno de los genes de un organismo: en decir su información genética completa.

La Genómica integra cinco áreas tradicionales de la Genética



La Genómica tiene tres grandes áreas

GENÓMICA

```
graph TD; A[GENÓMICA] --> B[GENÓMICA ESTRUCTURAL]; A --> C[GENÓMICA COMPARATIVA]; A --> D[GENÓMICA FUNCIONAL];
```

**GENÓMICA
ESTRUCTURAL**

**GENÓMICA
COMPARATIVA**

**GENÓMICA
FUNCIONAL**

Genómica Estructural

- La Genómica Estructural caracteriza la naturaleza física de los genomas.
- Incluye el mapa físico, el mapa genético y la secuencia del genoma entero.

22 December 2000

Science

Vol. 290 No. 5200
Pages 2703-2870 58

WELL, HAVE YOU HAD
YOUR GENOME SEQUENCED YET?

**SEQUENCED
GENOMES**

Breakthrough
of the Year

AMERICAN ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF SCIENCE

Y a ti, ... ¿ya te
secuenciaron
el genoma?

Chromosome: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 [10] 11 12 13 14 15 16 17 18 19 XY MT

Master Map: Genes On Sequence

Summary of Maps

Maps & Options

Region Displayed: 0-130M bp

Download/View Sequence Evidence

Asbly	Contig	Mm UNIG	Genes_seq	Symbol	O	Links	Description
	NT_039491..			LOC432438	↓	sv dl ev mm sts SNP	best RefSeq aconitase 2, mitochondrial, pseudogene
				1110021L09Rik	↓	MGI sv pr dl ev mm hm sts SNP	mRNA RIKEN cDNA 1110021L09 gene
				Hev2	↑	MGI sv pr dl ev mm hm CCDS SNP GENSAT	best RefSeq hairy enhancer-of-split related with YR1
				Sulf3a1	↓	MGI sv pr dl ev mm hm CCDS SNP	best RefSeq sulfotransferase family 3A, member 1
				Nt5dc1	↑	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP	best RefSeq 5'-nucleotidase domain containing 1
				Bxdc1	↑	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP	best RefSeq brix domain containing 1
				LOC100041529	↓	sv pr dl ev mm	protein similar to Ubtg protein
				Hace1	↓	MGI sv pr dl ev mm hm CCDS SNP GENSAT	best RefSeq HECT domain and ankyrin repeat cont
				Smarch1	↑	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP GENSAT	best RefSeq SWI-SNF related, matrix associated, a
				D10Jhu81e	↑	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP	best RefSeq DNA segment, Chr 10, Johns Hopkins
				Itvb1	↓	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP	best RefSeq itvB (bacterial acetolactate synthase)-lik
				Jsrp1	↑	MGI sv pr dl ev mm hm CCDS	best RefSeq junctional sarcoplasmic reticulum protei
				BC072620	↑	MGI sv pr dl ev mm hm CCDS SNP	best RefSeq cDNA sequence BC072620
				Nfic	↑	MGI sv pr dl ev mm hm CCDS SNP	best RefSeq nuclear factor I C
				C630002B14Rik	↓	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP	best RefSeq RIKEN cDNA C630002B14 gene
				Surp1	↑	MGI sv pr dl ev mm hm SNP	mRNA small nuclear ribonucleoprotein polypep
				Cradd	↑	MGI sv pr dl ev mm hm sts CCDS SNP	best RefSeq CASP2 and RIPK1 domain containing
				LOC668187	↓	sv pr dl ev mm hm SNP	mRNA hypothetical protein LOC668187
				LOC544749	↓	sv pr dl ev mm hm SNP	mRNA hypothetical LOC544749

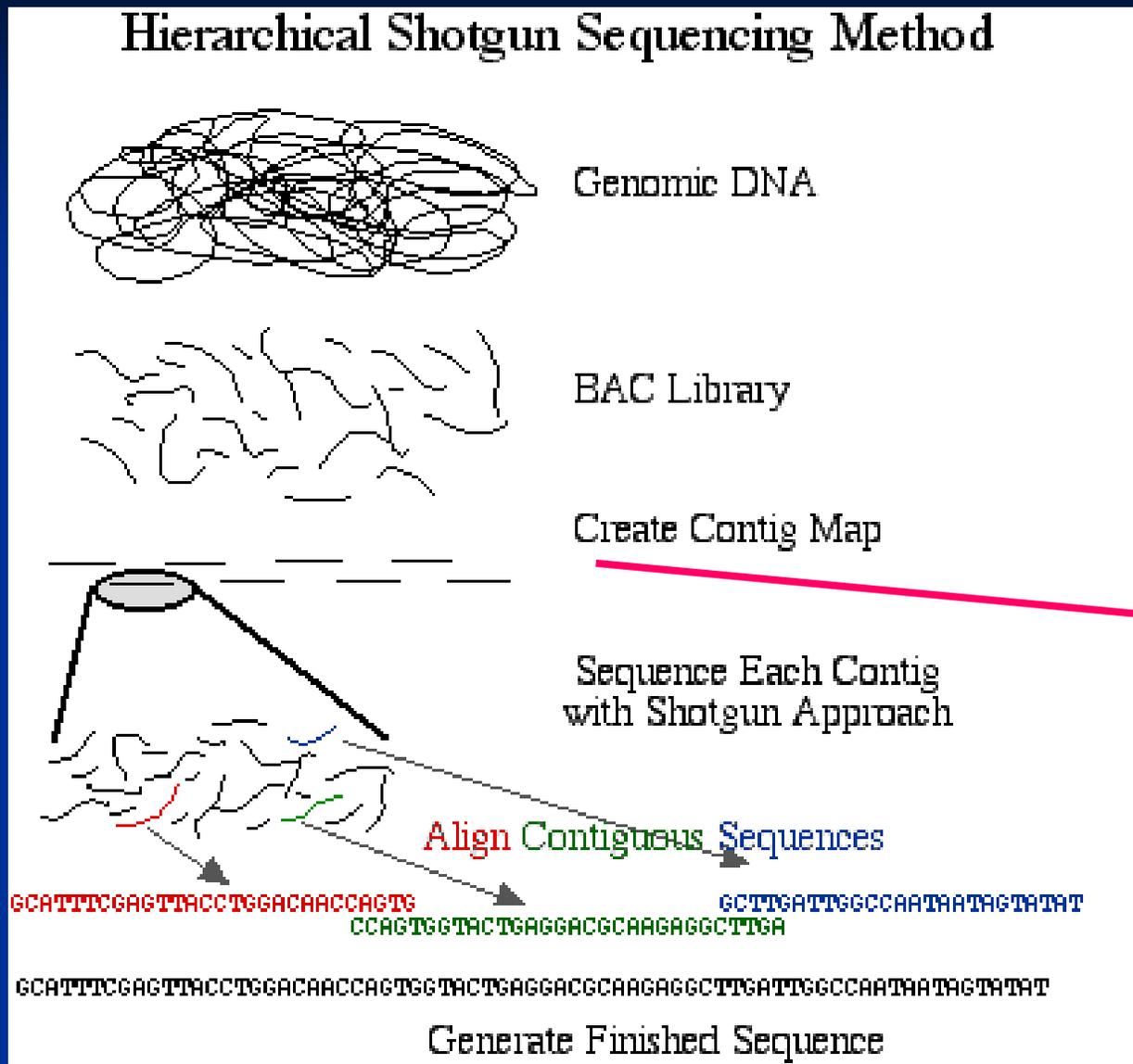
Mouse genome overview page (Build 37.1)
 Mouse genome overview page (Build 38.1)

Map Viewer Home
 Map Viewer Help
 Mouse Maps HMM
 FTP
 Data as Table View
 Maps & Options
 Compress Map
 Region Show

out
 zoom
 in

You are here
 Ideogram

Estrategias de Secuenciamiento de Genomas



Gold Tilling Path

**critero final 8X,
4X cada cadena.**

Cont . . .

Whole Genome Shotgun Sequencing Method



Genomic DNA



Sequence Each Fragment
with Shotgun Approach

GCATTTTCGAGTTACCTGGACAACCCAGTC

CCAGTGGTACTGAGGACGCCAAGAGGCTTGA

GCTTGATTGGCCAATAATAGTATAT

Align Contiguous Sequences

GCATTTTCGAGTTACCTGGACAACCCAGTGGTACTGAGGACGCCAAGAGGCTTGGATTGGCCAATAATAGTATAT

Generate Finished Sequence

Genoma del Melón:

2 semanas (sistema
454)

2-3 meses (*in silico*)

Proyectos Genoma completos o en curso a Mayo, 2009

	<u>Febrero, 2007</u>	<u>Mayo, 2009 (DOE JGI)</u>
Archaea	35	
Bacteria	421	813
Organelas	1089	
Cloroplasto		46
Mitocondria		43
Fagos	346	
Cianofagos		12
Plásmidos	480	91
Virus	1260	29
Viroides	39	
Eucariotos	47	503
Grandes		383
Pequeños		98

Algunos animales cuyos genomas ha sido ya secuenciados



Platypus
Ornithorhynchus anatinus



Dog
Canis familiaris
Photo: Courtesy of The Broad Institute of MIT and Harvard



African elephant
Loxodonta africana



Fruitfly
Drosophila melanogaster



Silkworm
Bombyx mori Daza
Photo: Alden M. Johnson, California Academy of Sciences



Cow
Bos taurus
Photo: Courtesy of Terri Hobbs (www.crazyforcows.com)



European rabbit
Oryctolagus cuniculus



Honey Bee
Apis mellifera
Photo: Courtesy of Scott Bauer, USDA/ARSLaboratories



Armadillo
Dasypus novemcinctus
Photo: Courtesy of B. Bagatto, Department of Biology, University of Akron



Guinea pig
Cavia porcellus



Roundworm
Caenorhabditis elegans
Photo: Courtesy of Erik Jorgensen, University of Utah



Zebrafish
Danio rerio



Mouse
Mus musculus
Photo: Courtesy of Jackson Laboratories



Chicken
Gallus gallus



Opossum
Monodelphis domestica
Photo: Courtesy of Don Sakaguchi



Cat
Felis domesticus
Photo: Courtesy of Dr. Kristina Narfstrom, University of Missouri-Columbia



National Human Genome Research Institute

Proyectos de secuenciamiento de genomas de plantas en curso

- *Aquilegia formosa* (*)
- *Allium cepa*
- *Asparagus officinalis*
- *Avena sativa*
- *Beta vulgaris*
- *Brassica juncea*
- *Brassica napus*
- *Brassica nigra*
- *Brassica oleracea* (*)
- *Brassica rapa* (*)
- *Capsella rubella* (*)
- *Carica papaya* (*)
- *Chara vulgaris* (*)
- *Chlamydomonas reinhardtii* (*)
- *Chlorella vulgaris* (*)
- *Citrus sinensis* (*)
- *Coffea arabica*
- *Dunaliella salina* (*)
- *Eucalyptus globulus* (*)
- *Glycine max* (*)
- *Hordeum vulgare*
- *Lactuca sativa*
- *Lotus japonicus* (*)
- *Manihot esculenta* (*)
- *Medicago truncatula* (*)

- *Micromonas pusilla* (*)
- *Mimulus guttatus* (*)
- *Musa acuminata* (*)
- *Nephroselmis olivacea* (*)
- *Ostreococcus tauri* (*)
- *Panicum virgatum* (*)
- *Phaseolus vulgaris*
- *Physcomitrella patens* (*)
- *Poncirus trifoliata* (*)
- *Ricinus communis* (*)
- *Saccharum officinarum*
- *Selaginella moellendorffii* (*)
- *Solanum bulbocastanum* (*)
- *Solanum demissum* (*)
- *Solanum lycopersicum* (*)
- *Solanum melongena*
- *Solanum tuberosum* (*)
- *Sorghum bicolor* (*)
- *Thellungiella halophila*
- *Theobroma cacao*
- *Triphysaria versicolor* (*)
- *Triticum aestivum* (*)
- *Volvox carteri* (*)
- *Zea mays* (*)

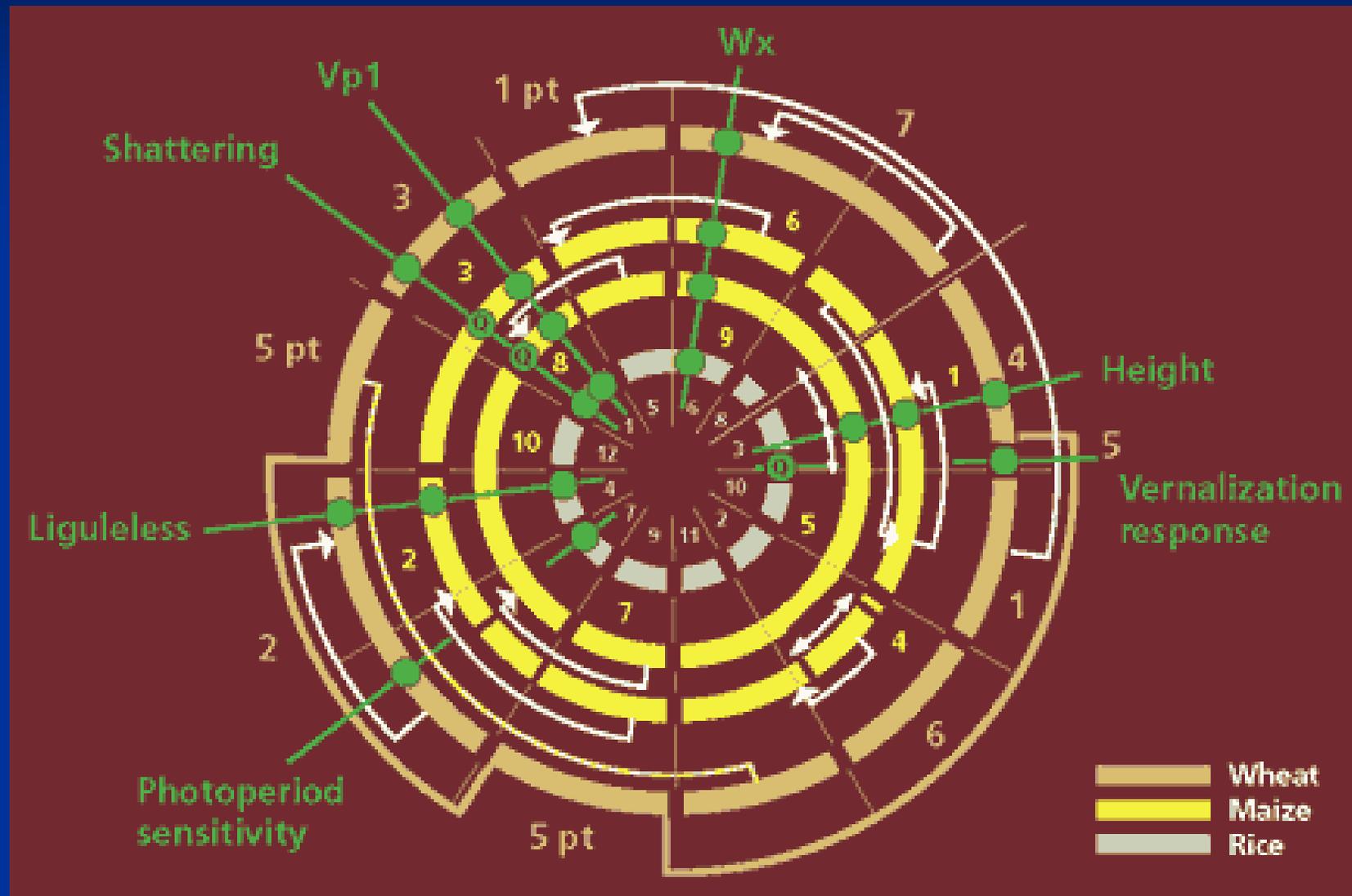
Genómica Comparativa

La información obtenida de un organismo puede tener aplicaciones aun en otros organismos apenas relacionados

Genomas comparados de algunas especies secuenciadas

<u>Organismo</u>	<u>Tamaño (estimado en Mb)</u>	<u>Número de genes (estimado)</u>	<u>Densidad promedio de genes (Kb)</u>	<u>Fracción codificada % del genoma</u>	<u>No. Promedio de Exones por gen</u>	<u>Tamaño promedio de genes (Kb)</u>
<i>H. sapiens</i>	3,300	~30,000	1/100	1.4	8.8	28
<i>Drosophila</i>	180	13,600	1/9	13	4.2	3
<i>A. thaliana</i>	125	25,500	1/4.	29	5.2	2.1
<i>C. elegans</i>	97	19,100	1/5	27	5.5	2.7
<i>S. cerevisiae</i>	13	6,300	1/ 2	68	1.04	1.4

Genómica Comparativa: Sintenia a pesar de 60 millones de años



1000 Genomes: Most Detailed Map Of Human Genetic Variation To Support Disease Studies

ScienceDaily (Jan. 23, 2008) — An international research consortium today announced the 1000 Genomes Project, an ambitious effort that will involve sequencing the genomes of at least a thousand people from around the world to create the most detailed and medically useful picture to date of human genetic variation. The project will receive major support from the Wellcome Trust Sanger Institute in Hinxton, England, the Beijing Genomics Institute, Shenzhen (BGI Shenzhen) in China and the National Human Genome Research Institute (NHGRI), part of the National Institutes of Health (NIH).

See also:

Health & Medicine

- Human Biology
- Personalized Medicine
- Genes
- Diseases and Conditions
- Gene Therapy
- STD

Reference

- Human Genome Project

Drawing on the expertise of multidisciplinary research teams the 1000 Genomes Project will develop a new map of the human genome that will provide a view of biomedically relevant DNA variations at a resolution unmatched by current resources. As with other major human genome reference projects data from the 1000 Genomes Project will be made swiftly available to the worldwide scientific community through freely accessible public databases.

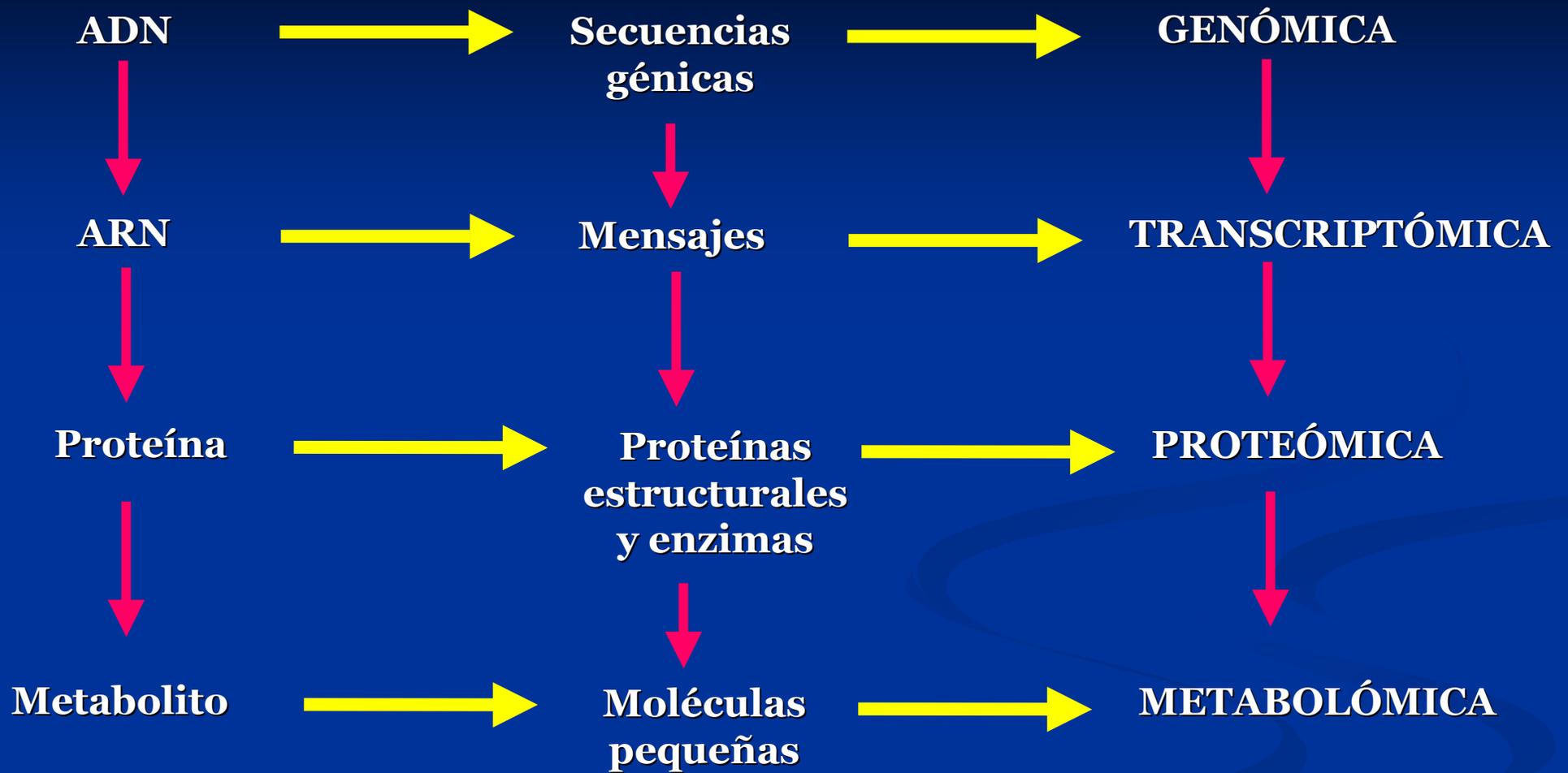


Any two humans are more than 99 percent the same at the genetic level. However, the small fraction of genetic material that varies among people can help explain individual differences in

Genómica Funcional

Intenta comprender la amplia gama de funciones de un genoma en diferentes estadios del desarrollo y bajo diferentes condiciones usando una variedad de técnicas

Swetgasintentan shsytepfkcomprender aaaa
laccgtagtwijsampliaxlqrdssghtgamaxcxcxcy
yyxxwde bnbnacctgtgfuncionesnmnmnmnde
ywywywunijkuyhiugenoma kkylalalalalalen
ababababdiferentes xcxcvcestadios cdeeffijh
delzxxzxxdesarrollo chchchcy pipijihuuybajo
wbwb diferentesmxwyzscondicionesyzxsasre
Bbabccdcusandowwwzazavyyunasmpoerisdf
variedad gygytrfdsoigshde xsxsxsxsxtécnicas



Genómica en el Perú

UPCH y UNALM



The Potato Genome Sequencing Consortium, PGSC

- Organizaciones académicas que se han comprometido en secuenciar el genoma completo de la papa para contribuir a resolver las necesidades alimentarias del mundo.
- El PGSC está coordinado por el Laboratory of Plant Breeding, Dept. of Plant Sciences, Wageningen University and Research Center (2006)
- Director: Prof. Richard Visser.
Contacto: Dr. Christian Bachem

www.potatogenome.net

Potato Genome Sequencing Consortium - Windows Internet Explorer

http://www.potatogenome.net/

File Edit View Favorites Tools Help

Links GeneticaGral add form Add To Connotea Customize Links Free Hotmail Google Windows

Google Go Bookmarks 13 blocked Check AutoLink AutoFill Send to Settings

Potato Genome Sequencing Consortium Skype Home Print



The **Potato Genome Sequencing Consortium (PGSC)** is an international group of academic and industrial organisations that are committed to **sequence the complete potato genome** to meet the world's food needs in the future.

The PGSC is being coordinated by the **Laboratory of Plant Breeding, Dept. of Plant Sciences, Wageningen University and Research Centre**

Director: Prof. Richard Visser.
Contact: Dr. Christian Bachem.



THE POTATO GENOME SEQUENCING Consortium

[Home](#) | [Partners](#) | [News](#) | [Events](#) | [Status](#) | [Documents](#) | [Links](#) | [Contacts](#)

Primary objective
The primary objective of the Potato Genome Sequencing Consortium (PGSC) is to elucidate the complete DNA sequence of the potato genome (850 Mbp) by the end of 2010. This task will be performed by a consortium of international parties, which are experienced in large scale sequencing efforts and have an excellent track record in potato research.

Genomics for sustainable crops and plant products
For centuries man has developed crop plants that have many advantages compared to natural (wild) plants. Further improvement of crops requires knowledge of the biosystems of plants in their environment and in the product chain. The focus of our programme is on sustainable traits influenced by multiple genetic and environmental factors. New crops will be more resistant to diseases to reduce pesticides in agriculture. Natural traits related to health and food safety are the target of breeding programmes for consumer products. Genomics provides the chance to unravel these so-called multifactorial traits.

Done

Start Microsoft PowerPoint - [...] Presentaciones Potato Genome Sequ... Internet 100% 20:44

Países participantes

Overview of the sequencing pipeline status

Chr.	Target ^(a)		Placed BACs ^(b)		Unplaced BACs ^(c)		Total ^(d)		
	# (e)	% (f)	# (e)	% (f)	# (e)	% (f)	# (e)	% (f)	
<u>1</u>	834	100	306	36.7	32.8	3.9	338.8	40.6	
<u>2</u>	661	100	5	0.8	26.0	3.9	31.0	4.7	
<u>3</u>	661	100	50	7.6	26.0	3.9	76	11.5	
<u>4</u>	867	100	67	7.7	34.1	3.9	101.1	11.7	
<u>5</u>	644	100	406	63.0	25.3	3.9	431.3	67.0	
<u>6</u>	611	100	79	12.9	24.0	3.9	103.0	16.9	
<u>7</u>	636	100	3	0.5	25.0	3.9	28.0	4.4	
<u>8</u>	818	100	5	0.6	32.1	3.9	37.1	4.5	
<u>9</u>	694	100	78	11.2	27.3	3.9	105.3	15.2	
<u>10</u>	842	100	9	1.1	33.1	3.9	42.1	5.0	
<u>11</u>	710	100	72	10.1	27.9	3.9	99.9	14.1	
<u>12</u>	421	100	40	9.5	16.5	3.9	56.5	13.4	
TOTAL	8400	100	1070	12.7	330	3.9	1400.0	16.7	

Pipeline bioinformático

- **PROCESADORES QUAD CORE INTEL XEON 2.0 GHZ CACHE 12MB BUS 1333 MHZ**
- **2 DISCOS DUROS 500 GBS**
- **48 GBS DE MEMORIA RAM DDR2 5300**
- **CINTAS BACKUP DE 400/800GB**

Mapa Físico y Secuenciamiento

- Tienen 50 BACs posicionados de los 200 que asignados.
- 20 BACs han sido secuenciados a una profundidad de 8X. 6 BACs más están siendo secuenciados.
- Los 20 BACs secuenciados corresponden 2 millones y medio de bases del genoma de la papa secuenciados por el Perú que se convierte en líder del equipo latinoamericano.



Marcel Gutiérrez-Correa, *Ph.D.*



Gretty K. Villena Chávez, *Ph.D.*

1. Estudio de genómica funcional de biopelículas de *Aspergillus niger* para la identificación y caracterización de genes de enzimas lignocelulolíticas de interés industrial

- Se realizan estudios de expresión génica mediante transcriptómica y proteómica. Asimismo, se tiene previsto el empleo de microarreglos de ADN que permitan sondear la expresión de más del 90% de genes de *Aspergillus*.
- Se hará la identificación, secuenciación y el clonamiento de genes de interés industrial expresados en biopelículas.

2. Bioprospección de genes de celulasas y xilanasas para el aprovechamiento de residuos lignocelulolíticos en la producción de etanol

- Clonamiento de expresión y secuenciación de genes extremófilos
- Evolución dirigida para mejorar las propiedades catalíticas de las enzimas

3. Construcción de *Factorías Celulares* para la producción de celulasas y xilanasas para el aprovechamiento de residuos lignocelulolíticos en la producción de etanol

Nueva categoría fermentativa: Fermentación por adhesión a superficies (Biopelículas) desarrollada por el LMB. Sistema más eficiente para producción de enzimas y metabolitos

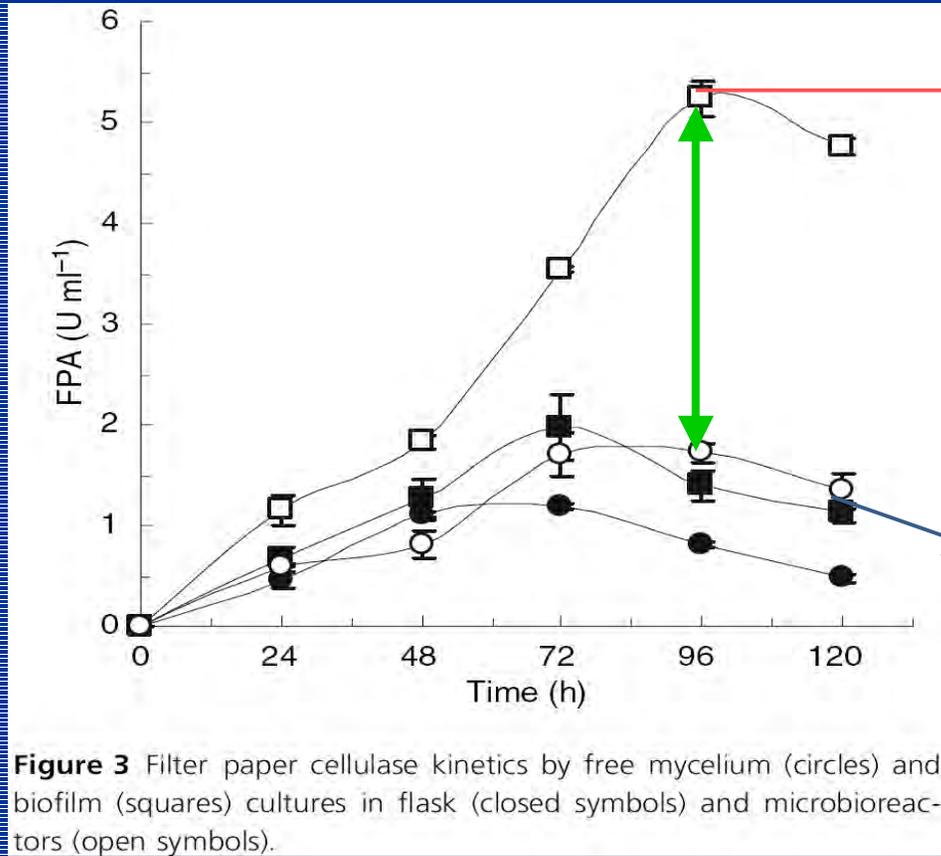
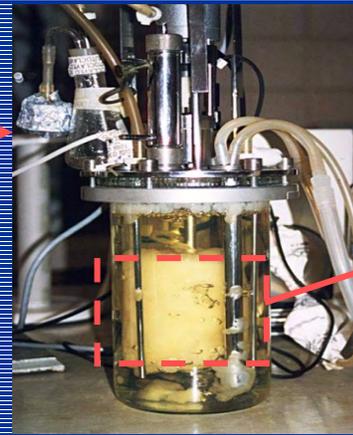
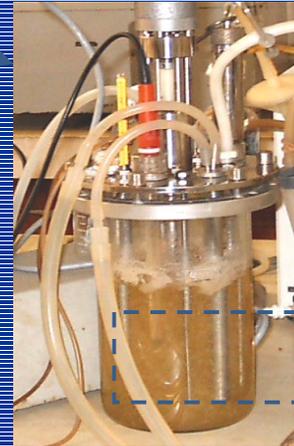


Figure 3 Filter paper cellulase kinetics by free mycelium (circles) and biofilm (squares) cultures in flask (closed symbols) and microreactors (open symbols).



Fermentación por adhesión a superficies: biopelículas



Sistema sumergido – forma estándar de producción

Biopelícula



Pellets



Mixado líquido

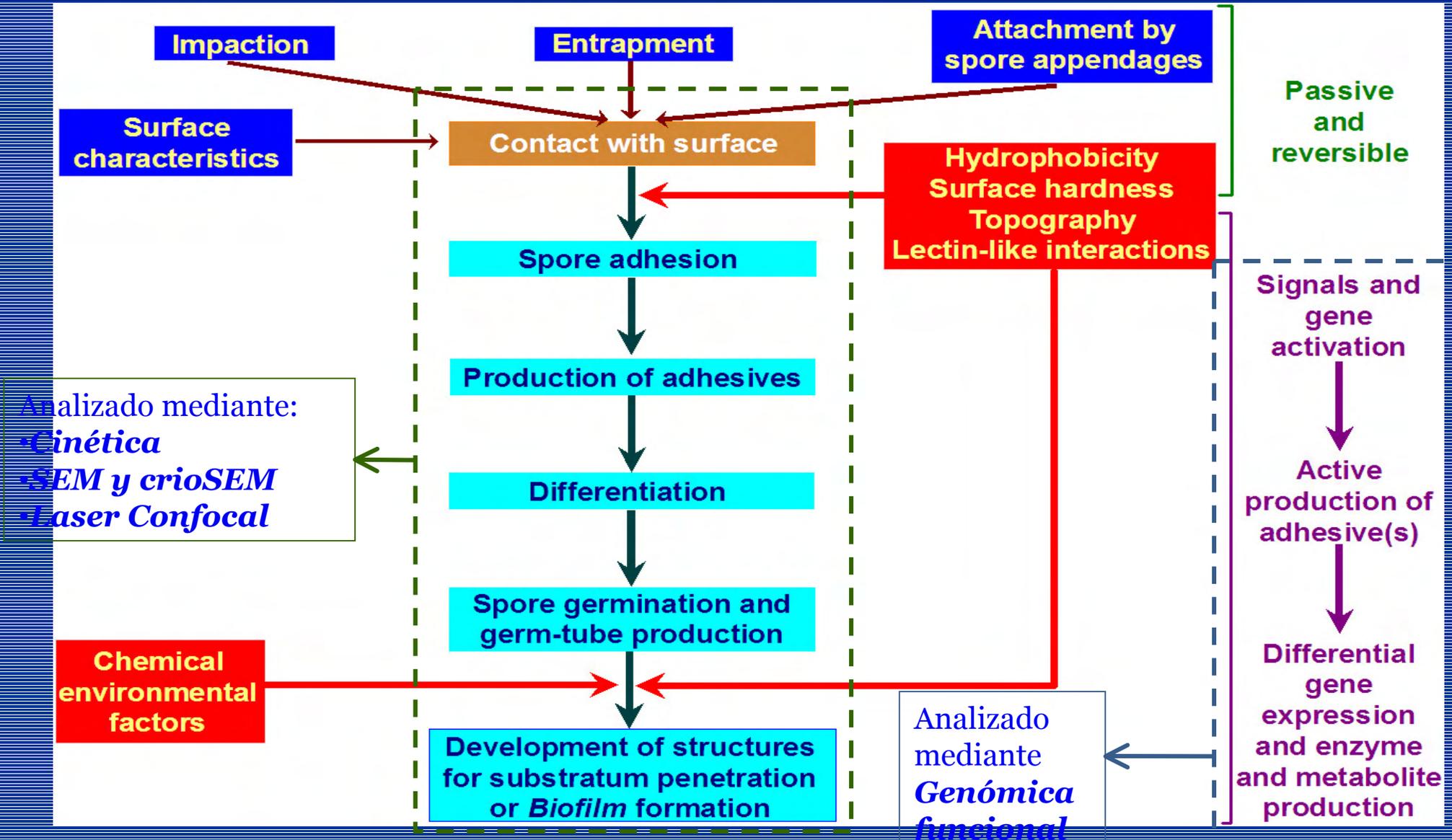


Production of cellulase by *Aspergillus niger* biofilms developed on polyester cloth

G.K. Villena and M. Gutiérrez-Correa

Letters in Applied Microbiology **43** (2006) 262–268

Proceso de adhesión en hongos filamentosos



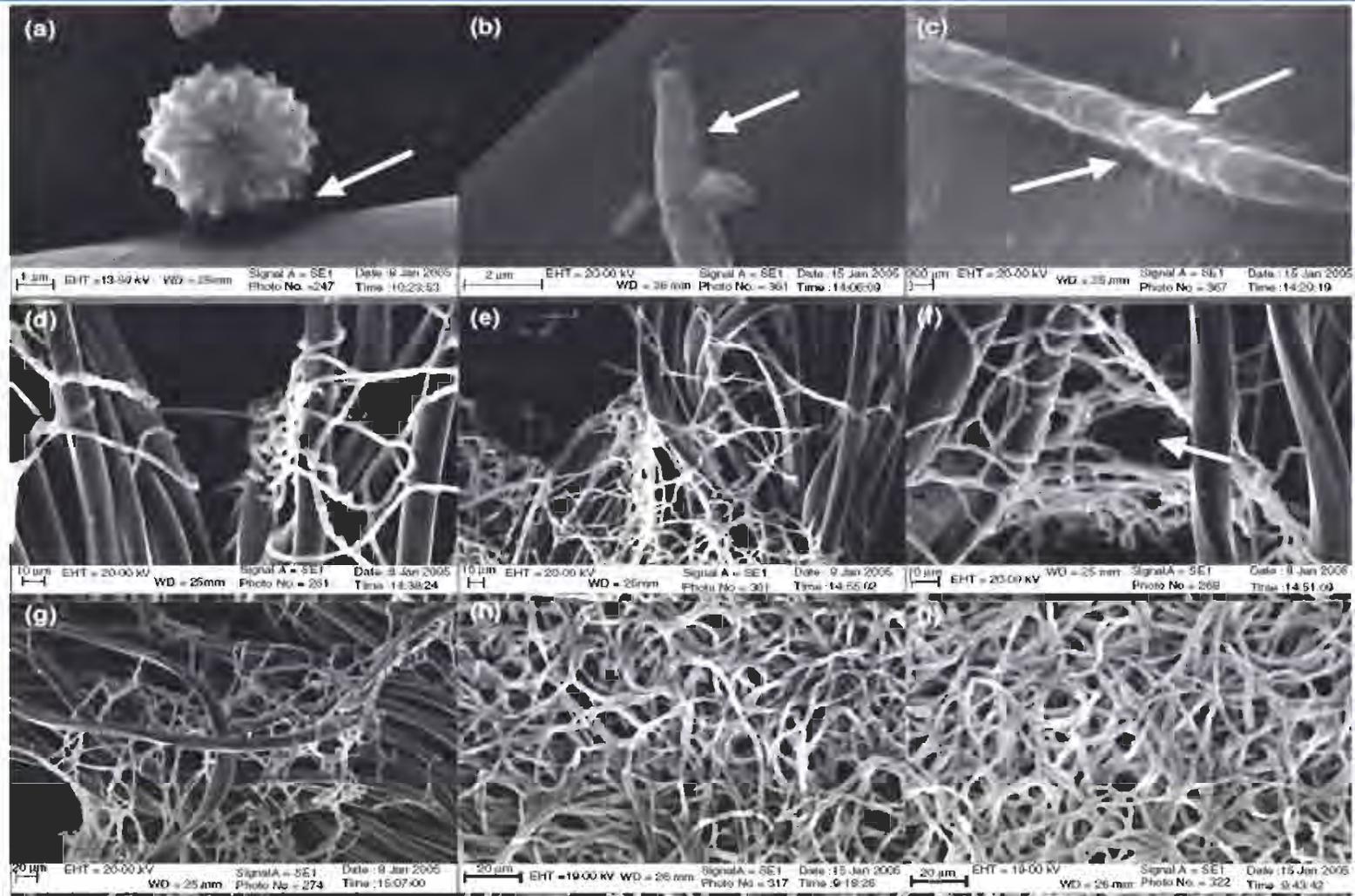
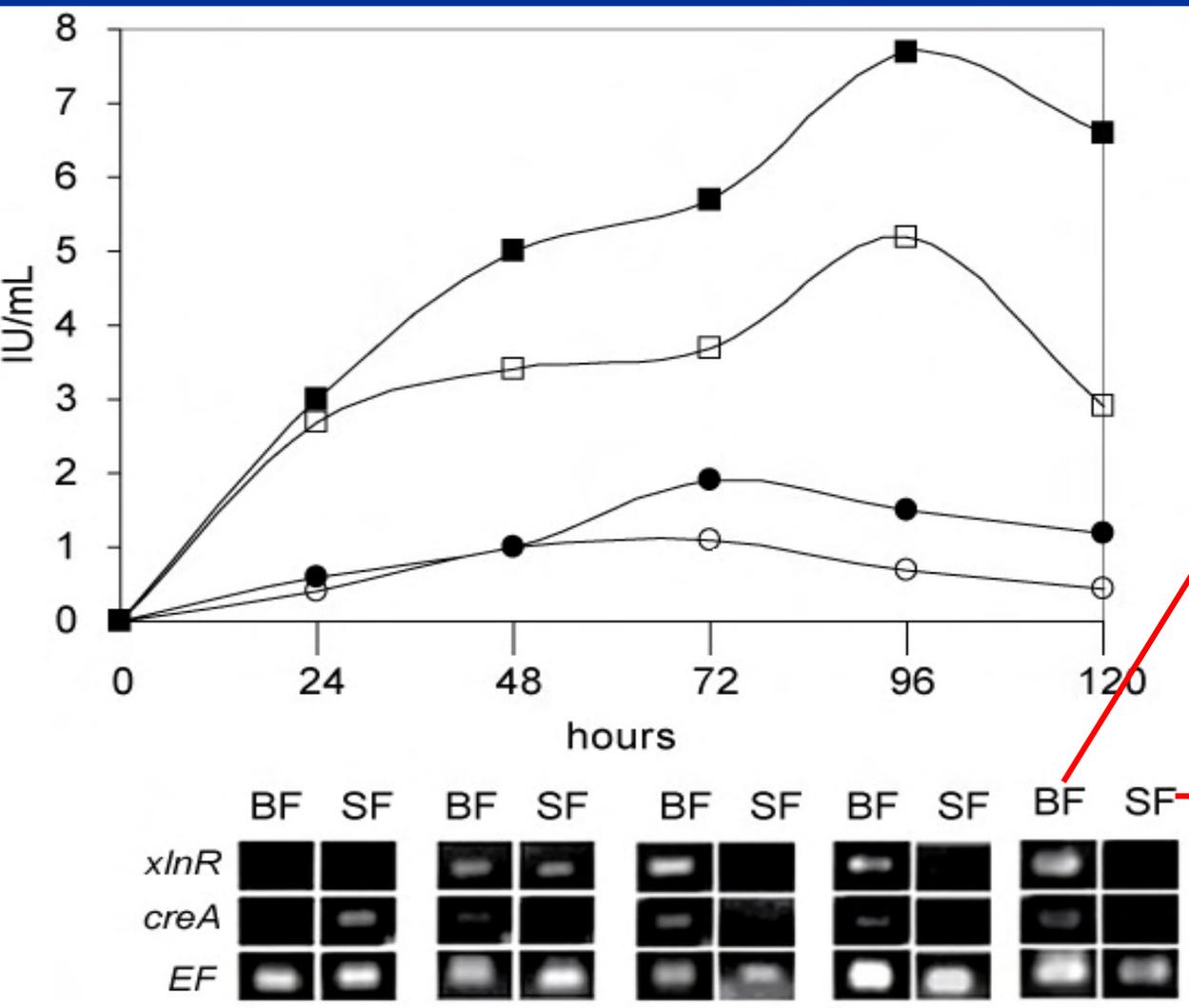
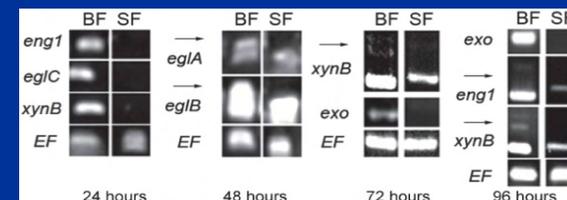


Figure 1 Time course cryo-scanning electron microscope microphotographs of *Aspergillus niger* biofilm development on polyester cloth. Upper row: spore adhesion at 2 h (a), germ tube at 6 h (b) and hyphal elongation at 8 h (c); arrows indicate adhesive extracellular material. Middle row: microcolony development at 12 h (d), 18 h (e), and 24 h (f) with channel formation (arrow). Bottom row: support surface colonization at 48 h (g), biofilm development at 72 h (h), and 96 h (i).



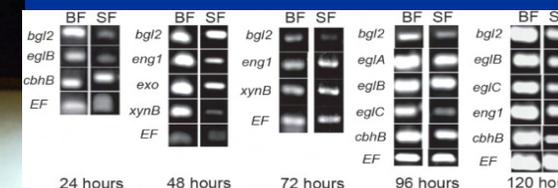
biopelículas (BF)



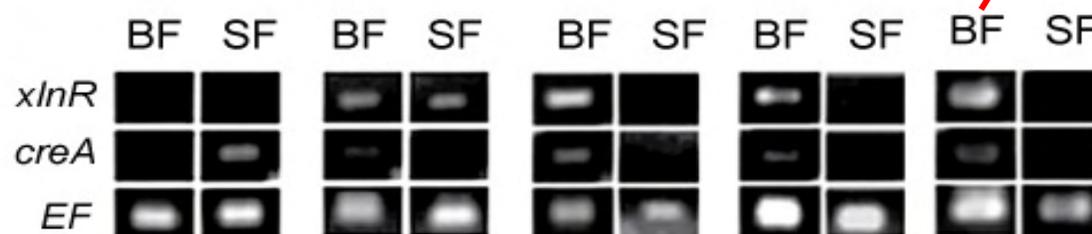
Genes diferencialmente expresados



cultivo sumergido (SF)



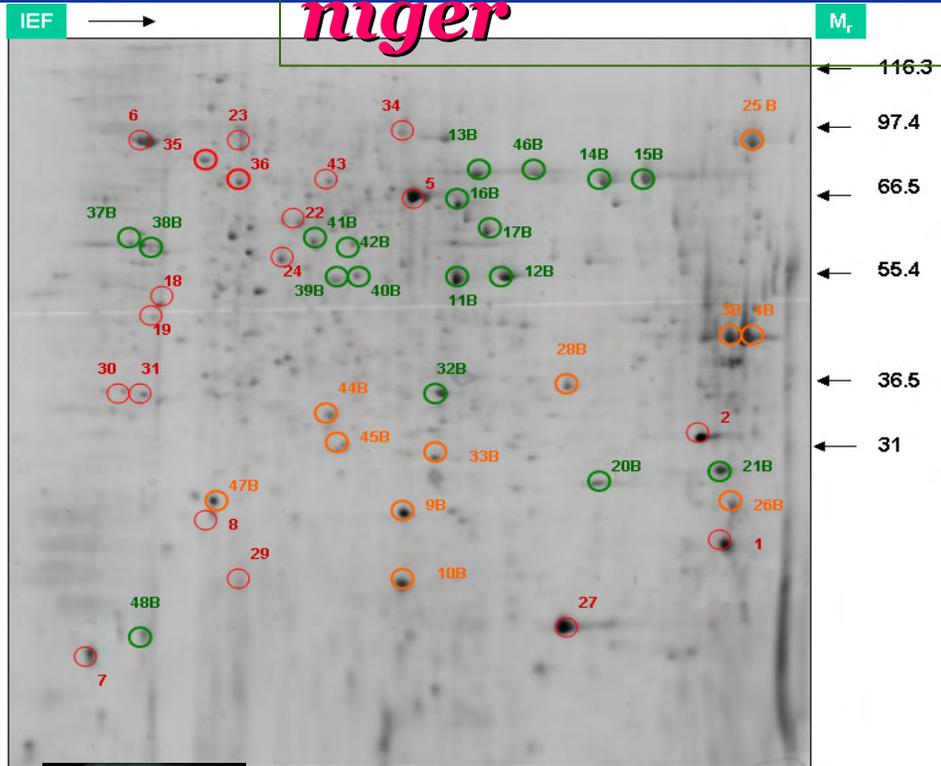
Genes sobreexpresados



Análisis RT-PCR de la expresión de genes de regulación de celulasas y xilanasas *xlnR* y *creA* de *Aspergillus niger* en biopelículas (BF) y cultivo sumergido (SF).

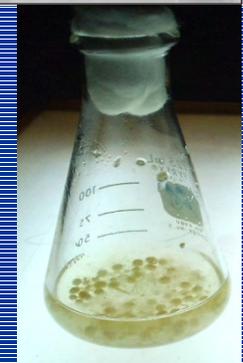
¡En biopelículas funciona otro sistema de regulación!

Mapa proteómico de *Aspergillus niger*



Biopelículas

Cultivo sumergido



- Proteínas
- sobreexpresadas
- Proteínas
- diferencialmente expresadas

Identificación de proteínas intracelulares diferencialmente expresadas en biopelículas de *Aspergillus niger* mediante análisis MALDI-TOF

Punto Nº	Mr	pI	Nº accession NCBI	Proteína	score
11B	24160	4.73	gi 49525279	Unnamed protein product	27
12B	50549	8.93	gi 40738989	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 460 aa	38
13B	43391	6.91	gi 40743549	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 417 aa	59
14B	43391	6.91	gi 40743549	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 417 aa	62
15B	38975	8.63	gi 40743825	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 345 aa	44
16B	126249	6.65	gi 6688531	Putative calcium P-type ATPase <i>N. crassa</i> 1152 aa	51
17B	60416	8.13	gi 40745893	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 544 aa	42
20B	78048	8.83	gi 40739380	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 696 aa	37
21B	19712	9.26	gi 12311	alpha sarcin <i>A. giganteus</i> 177 aa	42

Putative calcium P-type ATPase *N. crassa* 1152 aa, relacionada con procesos de señalización

alpha sarcin *A. giganteus* 177 aa, ribotoxina de posible uso en tratamiento de cancer

Proteínas diferencialmente expresadas en cultivo sumergido (pellets)

Proteínas relacionadas con estrés

cyclophilin-like peptidyl prolyl cis transisomerase *A niger* 174 aa

Peroxisomal like protein *A fumigatus* 168aa

Punto Nº	Mr	pI	Nº accession NCBI	Proteína	score
1FM	18861	8.87	gll_4322945	cyclophilin-like peptidyl prolyl cis transisomerase <i>A niger</i> 174 aa	170
2FM	305669	6.58	gll_40739159	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 2788aa	39
5FM	54818	5.17	gll_40745279	ATPB_NEUCR ATP synthase beta chain 513aa	131
6FM	34370	8.64	gll_40746425	RL5_NEUCR 60s ribosomal protein <i>A nidulans</i> 301 aa	16
7FM	18441	5.36	gll_2769700	Peroxisomal like protein <i>A. fumigatus</i> 168aa	48
8FM	22840	7.21	gll_3869086	GAP59 <i>Cryptococcus bacillisporus</i> 199aa	58
10FM	16626	5.72	gll_40741469	hypothetical protein <i>A nidulans</i> 150 aa	35
22FM	47377	5.46	gll_2118302	6 beta-hydroxyhyoscyamine epoxidase <i>A oryzae</i> 438 aa	80
23FM	40378	7.57	gll_14771900	Pyruvate dehydrogenase E-1 B-subunit <i>A. niger</i> 374 aa	75
24FM	50762	9.21	gll_40740127	EE1A_ASPOR Elongation factor 1-alpha <i>A. nidulans</i> 470aa	56
27FM	99961	5.95	gll_40744000	hypothetical protein <i>A nidulans</i>	52

beta-hydroxyhyoscyamine epoxidase *A oryzae*

Pyruvate dehydrogenase E-1 B-subunit *A. niger* 374 aa



Bioprospección molecular y microbiana



Ácidos nucleicos ambientales

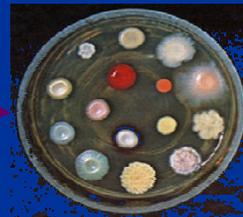
Aislamiento de genes

Aislamiento microbiano



Clonación molecular y secuenciación de genes

Clonación celular

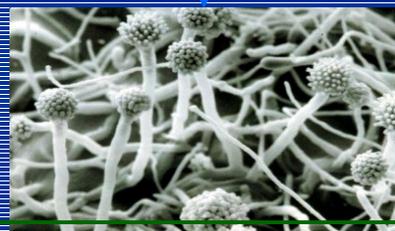


Genómica funcional

Industria Textil

Bioprospección molecular

2 años



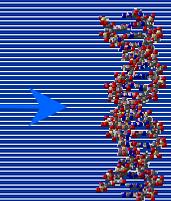
Factoría celular (produce celulasa)



Celulasas xilanasas



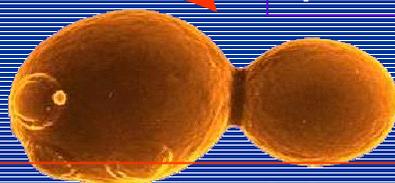
2 - 4 años



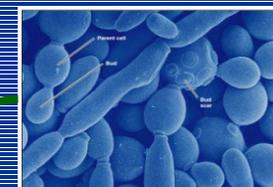
Genes de celulasas xilanasas

Evolución dirigida

4 - 6 años



Factoría celular (produce celulasas y etanol)



ETANOL



Cátedra CONCYTEC – Biotecnología

“Desarrollo de una plataforma biotecnológica basada en microarreglos de ADN para la captura de valor en animales y plantas de importancia económica”

*Patricia Herrera, José Espinoza, Luis Destéfano
Facultad de Ciencias y Filosofía*

Objetivos de la Cátedra

- **Desarrollo de una plataforma de microarreglos basada en**
 - **cADN diferencialmente expresado en piel de alpaca para identificar genes de calidad de fibra**
 - **cADN diferencialmente expresado en células blancas de alpaca para identificar genes de resistencia a infecciones.**
- **Desarrollo de una plataforma de microarreglos de Maca para el análisis de expresión génica de sus principales genotipos.**

Proyectos del Grupo de Investigación relacionados a la cátedra

- **Generación de núcleos de alpacas reproductoras de alta productividad basados en la selección asistida con marcadores genéticos de ADN - FINCYT (2008-2009; US\$ 150,000)**
- **Genómica de alpacas: Identificación de genes expresados y marcadores genéticos asociados a la productividad de fibra fina en alpacas - Incagro (2006-2009; US\$ 150,000)**
- **Use of molecular genetics tools and radioisotope to the recovery, conservation of biodiversity and improvement of variety of high productivity alpacas in Perú - OIEA (2005-2007; US\$ 428,000)**
- **Comparative genomics of red and black maca ecotypes - ICGEB (2007-2009)**



Genómica Comparativa de los Ecotipos Rojo y Negro de Maca

- Proyecto financiado por ICGEB (2008-2010)
- Construcción de una genoteca normalizada de ADN complementario de hipocótilo de maca (Evrogen, Moscú, Rusia).
- Secuenciamiento de 10,000 clones en el Genome Sequencing Center en la Washington University, St Louis, USA.
- Aprox. 30% de los ESTs corresponden a genes sin homología en el GenBank o genes desconocidos o putativos de *Arabidopsis thaliana*.

Cont...

- **A continuación el mismo GSC va a diseñar un microarreglo basado en oligos: Maca Chip.**
- **Estos microarreglos serán usados para caracterizar la expresión diferencial, si alguna, entre los ecotipos rojo y negro.**
- **Estudiar la expresión génica en el desarrollo del hipocótilo de la maca.**
- **Estudiar el efecto de la UV-B en la expresión génica de los hipocótilos de maca.**

Uso de genotecas de ADNc substractivas para el descubrimiento de genes involucrados en la tolerancia a las heladas en papas nativas y silvestres.

- **Proyecto financiado por FINCYT.**
- **Comenzó en Noviembre, 2008**
- **Se ha comprado una Cámara Especial de Crecimiento de Plantas.**
- **Se trabajará con *Solanum acaule* y *S. x juzepczukii*.**
- **Se construirán genotecas substractivas de ADNc de raiz y hoja de plantas expuestas a temp. bajo cero.**

Proyectos Futuros

- **Bioprospección de plantas aromáticas y medicinales.**
- **Estudio exploratorio en personas expuestas a niveles super altos de contaminación: Efectos en la transcripción de PBMCs y MAs.**
- **???.**

Muchas Gracias