

La genómica aplicada en el programa de mejoramiento genético de duraznero

Maximiliano Martín Aballay², Florencia Elizabeth Soria²,
Gabriel Hugo Valentini¹, Gerardo Sánchez¹

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria San Pedro. Argentina

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria San Pedro. Argentina.
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.
sanchez.gerardo@inta.gob.ar



Integrantes del equipo de trabajo

- Gerardo Sánchez, Maximiliano Aballay, Gabriel Hugo Valentini, Florencia Soria, María Elena Toncovich¹, Mariana J. Ferreyra¹, Sergio Churquina², Viviana Curzel³, Guillermo Rubén Martínez⁴, Francisco Ayudarte⁴, Patricio Gustavo Páez Morón⁵, Teresa Cerrillo⁶, Norma Paniego⁷, Andrea Puebla⁷

Proyecto

- PE I113 Abordaje integral para la conservación, mejoramiento y rescate de especies amenazadas de importancia para el SAAA en diferentes ambientes

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria Salta; Argentina.

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria Salta. Agencia de Extensión Rural Cafayate; Argentina.

³ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria Salta. Agencia de Extensión Rural Perico; Argentina.

⁴ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria Famaillá. Agencia de Extensión Rural Trancas; Argentina.

⁵ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria Manfredi. Agencia de Extensión Rural Jesús María; Argentina.

⁶ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Agropecuaria Delta; Argentina.

⁷ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Instituto de Biotecnología; Argentina.

- PE I114 Caracterización de la diversidad genética de plantas, animales y microorganismos mediante herramientas de genómica aplicada

Reseña

El cultivo de duraznos es una actividad agronómica que se encuentra en un constante proceso de mejoramiento para alcanzar los requerimientos necesarios que le permitan hacer frente a las necesidades del mercado y sus consumidores. Entre dichos requerimientos se puede encontrar la búsqueda de variabilidad, resistencia a enfermedades y capacidad de adaptarse a las condiciones climáticas. Sin embargo, el proceso de mejoramiento genético tradicional no siempre logra resolver estas necesidades de manera satisfactoria debido a la gran inversión de tiempo y recursos que requiere. Por lo tanto, es necesario hacer uso de la biotecnología para abordar estas problemáticas de manera más eficiente. En la actualidad se encuentran disponibles una serie de herramientas biotecnológicas para aplicar al cultivo de durazno, entre las cuales hay una que cobra mayor relevancia denominada "Next Generation Sequencing" (Behjati *et al.*, 2013). Esta tecnología es un sistema de secuenciación de ADN de gran rendimiento que se caracteriza por ser altamente escalable generando cientos de datos de secuencia en forma masiva, que hacen posible conducir estudios genómicos.

En la EEA San Pedro se llevó a cabo la caracterización genética de 191 accesiones de duraznero con diferentes orígenes genéticos (Europa, Norteamérica y Sudamérica), presentes en la colección de germoplasma de la misma por medio de la tecnología NGS. Para realizar dicha caracterización se desarrolló una plataforma específica para duraznero basada en el sistema ddRADseq (Peterson *et al.*, 2012), que disminuye la complejidad del genoma, haciendo más accesible el estudio del mismo. Como resultado del análisis realizado sobre las accesiones de duraznero se obtuvo un gran volumen de datos con las secuencias correspondientes a las 191 muestras analizadas. Los datos de secuenciación obtenidos fueron analizados por medio de herramientas bioinformáticas que permiten realizar el alineamiento de secuencias y hacer un estudio comparativo de las mismas con el genoma de referencia de duraznero. A partir de este proceso se identificaron un gran número de marcadores moleculares entre los cuales se pueden encontrar Microsatélites, Inserciones/Deleciones y Polimorfismos de secuencia simple. Estos marcadores fueron de gran utilidad para describir en profundidad el germoplasma de durazneros de la EEA San Pedro e inferir la estructura poblacional en la cual se organizan los genotipos. Además, pueden discriminar entre si todas las variedades analizadas, haciendo posible desarrollar una plataforma competitiva para la identificación varietal de duraznero. Por otro lado, se demostró que estos datos son de gran valor para conducir estudios de asociación (GWAS), ya que permitieron identificar marcadores moleculares ligados a caracteres fenotípicos de interés agronómico de gran utilidad para el programa de mejoramiento, tales como fecha de floración, fecha de cosecha y color de pulpa. Estos resultados resaltan la ventaja de utilizar datos derivados de secuenciación para la identificación de nuevos marcadores moleculares, ya que los mismos son una herramienta de gran valor para aplicar en el programa de mejora, tanto en la elección de parentales como para la selección asistida por marcadores en las progenies. Por lo cual representan un punto de partida para implementar la selección genómica en el programa de mejoramiento de la EEA San Pedro.

Palabras clave

Variabilidad, genética, genotipado, marcadores

Bibliografía

- Behjati, S., & Tarpey, P. (2013). What is next generation sequencing? **Archives of disease in childhood. Education and practice edition**, 98. doi:10.1136/archdischild-2013-304340
- Peterson, B.K., Weber, J.N., Kay, E.H., Fisher, H.S., & Hoekstra, H.E. (2012). Double Digest RADseq: An Inexpensive Method for De Novo SNP Discovery and Genotyping in Model and Non-Model Species. **PLOS ONE**, 7(5), e37135. doi:10.1371/journal.pone.0037135

[al índice](#)