

Identificación de un panel mínimo de marcadores moleculares a partir de datos NGS apto para el desarrollo de un servicio de identificación varietal de duraznero

Aballay M.M., Valentini G., y Sanchez G.*

*Lab. de Biotecnología, ¹EEA San Pedro, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). 2930 San Pedro, Argentina

Contacto: sanchez.gerardo@inta.gob.ar



Introducción

La fruticultura en la Argentina enfrenta el desafío de modernizarse siendo uno de los puntos claves la certificación de la identidad varietal. Por esta razón es de vital importancia adoptar las nuevas tecnologías tales como "Next Generation Sequencing" que nos permitan detectar nuevos marcadores moleculares que puedan ser aplicados en la identificación inequívoca de variedades con diferente origen. En este trabajo se hizo uso de los datos obtenidos previamente en un proyecto de secuenciación de genoma reducido de duraznero para identificar marcadores capaces de discriminar los diferentes varietales.

Materiales y Métodos



191 variedades de duraznero seleccionadas de la colección de germoplasma de la EEA San Pedro

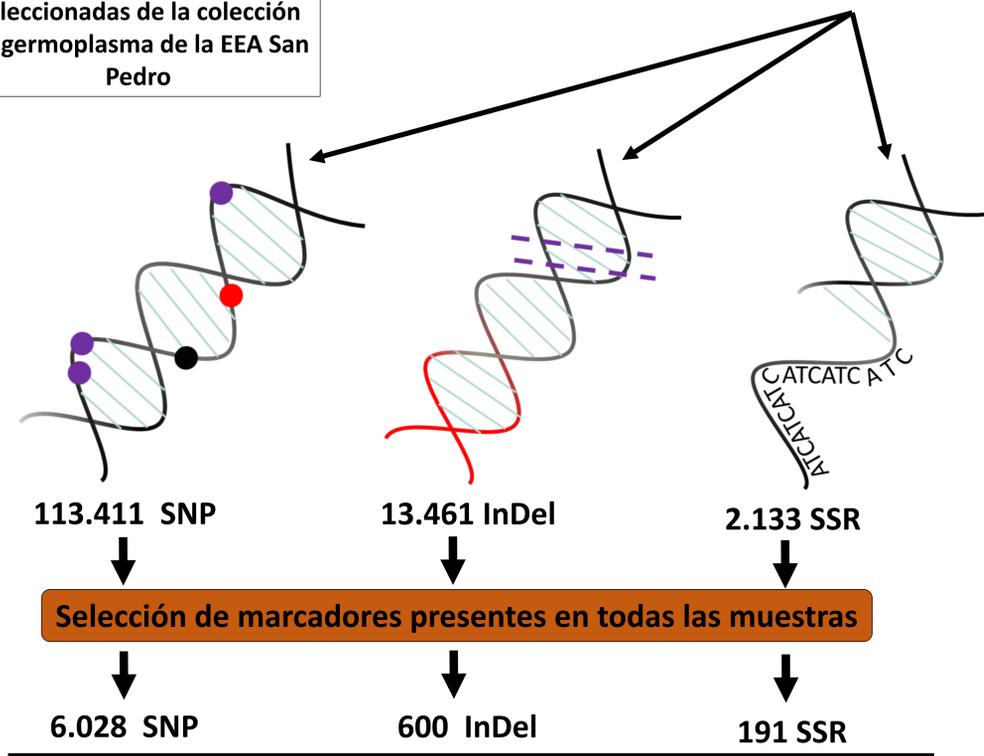
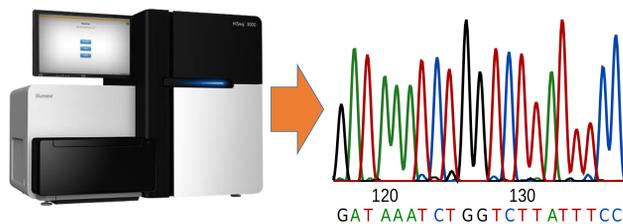
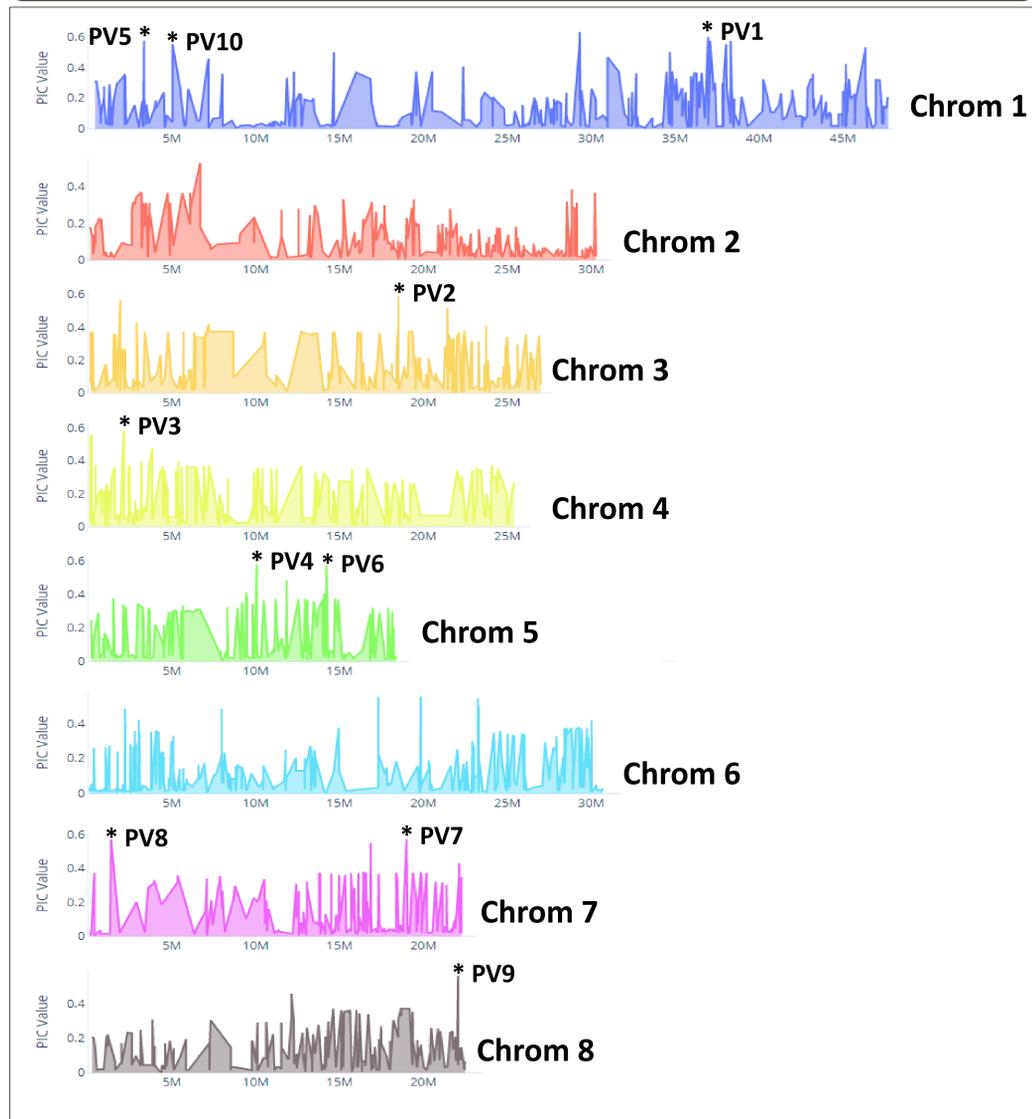


Figura 1. Resumen del proceso realizado. Los marcadores moleculares provienen de una plataforma de secuenciación basada en ddRAD-seq, con la cual se obtuvieron secuencias de ADN pertenecientes a 191 variedades de duraznero de la colección de germoplasma de la EEA San Pedro. Del total de marcadores moleculares obtenidos, se seleccionaron aquellos que se encuentran presentes en la totalidad de las muestras, sobre los cuales se realizaron los análisis posteriores.

Resultados



ID	Cromosoma	Tipo de variante	PIC
PV1	Chr 01	SSR	0,601
PV2	Chr 03	SSR	0,592
PV3	Chr 04	SSR	0,59
PV4	Chr 05	SSR	0,58
PV5	Chr 01	SSR	0,578
PV6	Chr 05	SSR	0,574
PV7	Chr 07	SSR	0,573
PV8	Chr 07	SSR	0,572
PV9	Chr 08	SSR	0,565
PV10	Chr 01	SSR	0,556

N° de SSR por panel	Combinación alélica	Frecuencia combinada	Probabilidad
Panel 10 SSR	Menos probable	1,60458E-18	100,000000000000
	Mas probable	0,000153226	99,9846774002916
Panel 9 SSR	Menos probable	1,91547E-17	100,000000000000
	Mas probable	0,000609712	99,9390288219938
Panel 8 SSR	Menos probable	3,65854E-15	99,9999999999996
	Mas probable	0,001098632	99,8901368396303
Panel 7 SSR	Menos probable	2,32927E-13	99,999999999767
	Mas probable	0,003439978	99,6560022355637

Figura 2. Distribución de marcadores polimórficos. Valores de PIC que presentan los marcadores moleculares analizados en su respectiva localización genómica. Los 10 marcadores seleccionados, están marcados con un asterisco en el diagrama, y detallados en la tabla donde se indica su respectivo valor de PIC. Además se indica la frecuencia alélica combinada obtenida para los paneles de mayor probabilidad.

Conclusiones

- Los marcadores de tipo SSR mostraron los mayores valores PIC en el set de muestras.
- Se identificó un set de 10 SSR distribuidos en 6 cromosomas que nos permite discriminar cada una de las 191 accesiones de la colección de germoplasma de la EEA San Pedro.
- Las frecuencias alélicas observadas nos permitirán asignar la identidad varietal de una muestra incógnita analizando el set de 10 MM con niveles de certezas superiores al 99,98%.