

Estudio sobre diversidad genética y estructura poblacional de un panel de líneas endocriadas de maíz

Perdomo, S. I.¹, Baricalla, A.^{1,2} e Iglesias, J.^{1,3}

¹ UNNOBA ² CITNOBA - UNNOBA-CONICET. ³ INTA-EEA Pergamino.



INTRODUCCIÓN

En maíz, determinar la estructura genética es crucial ya que, la endogamia reduce el fitness y los rasgos asociados a la producción en diferentes poblaciones. En este aspecto, las nuevas tecnologías de secuenciación permiten analizar un gran número de individuos y su variación genotípica y fenotípica.

OBJETIVO

Evaluar la efectivización del análisis y obtención de información sobre la estructura genética de 191 líneas endocriadas, provenientes del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de INTA EEA Pergamino, mediante el uso de herramientas

RESULTADOS

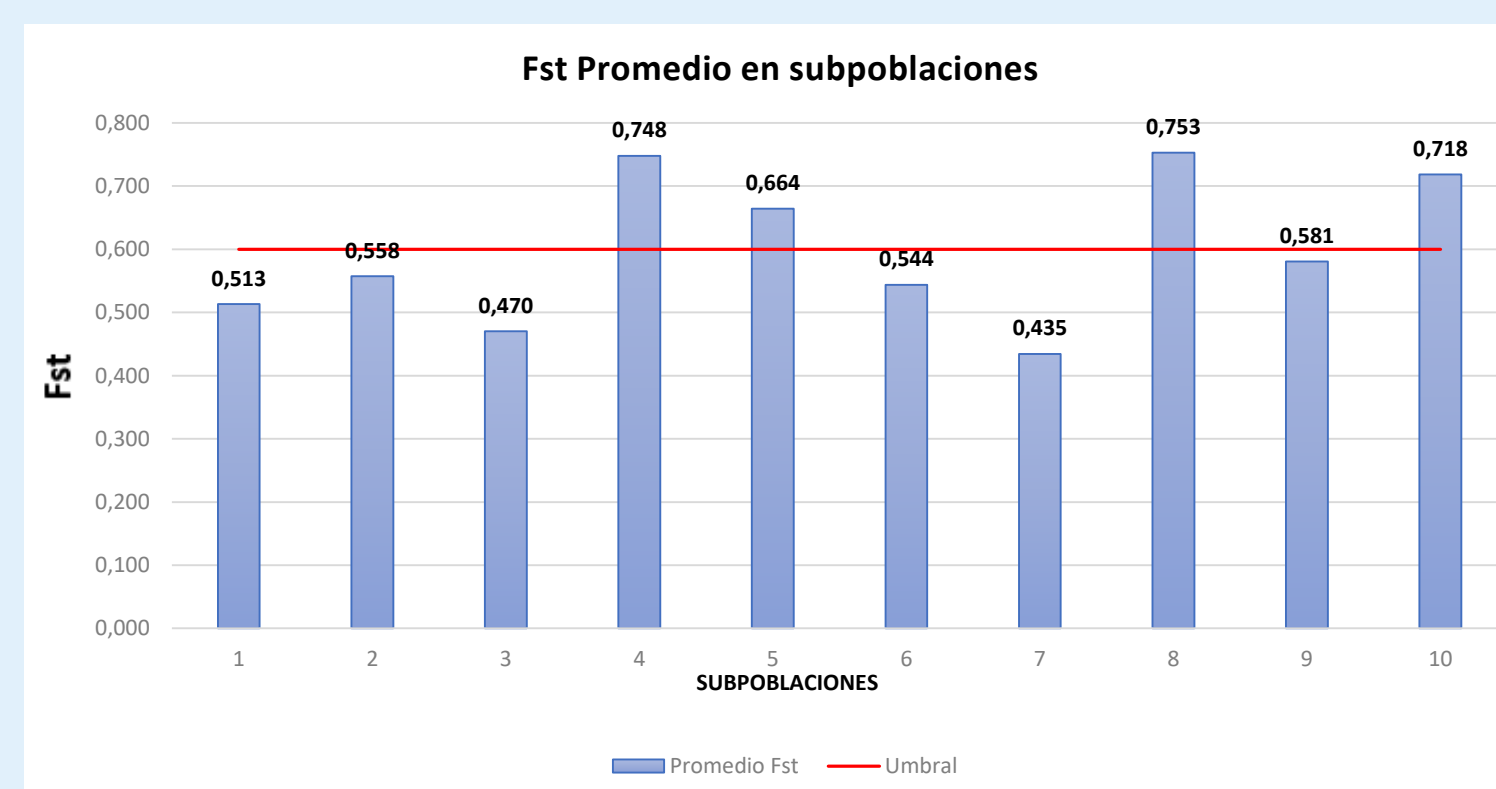


Fig. 1. Gráfico de los promedios de Fst (Índice de variación genética entre subpoblaciones) para cada subpoblación obtenida.

Referencias

- Subpoblación 1
- Subpoblación 2
- Subpoblación 3
- Subpoblación 4
- Subpoblación 5
- Subpoblación 6
- Subpoblación 7
- Subpoblación 8
- Subpoblación 9
- Subpoblación 10

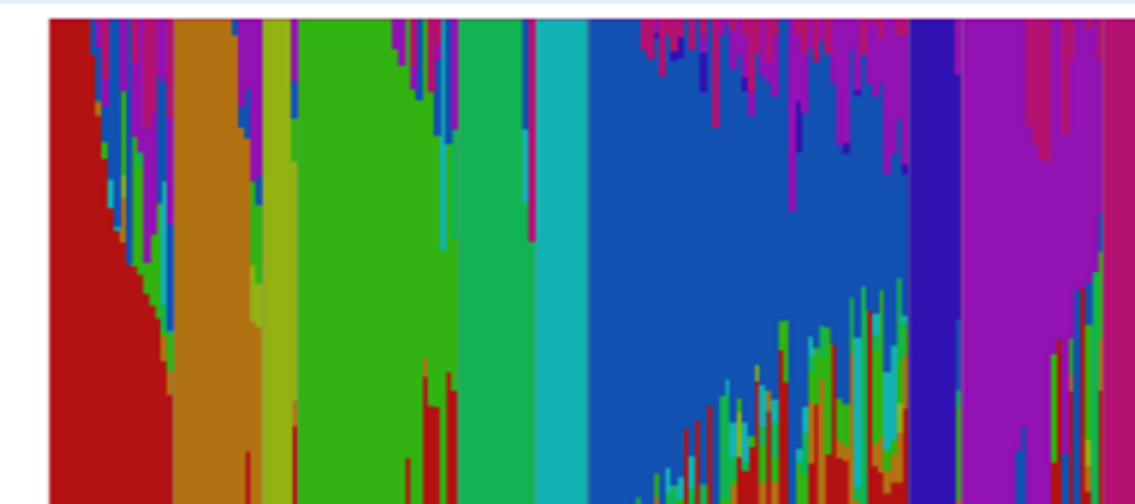


Fig.2. Representación gráfica de la matriz Q ajustada de K=10 generada con 44820 SNPs mediante fastSTRUCTURE a partir de un panel de 191 líneas endocriadas del programa de mejoramiento genético de maíz de INTA EEA Pergamino.

Referencias

- Subpoblación 1
- Subpoblación 2
- Subpoblación 3
- Subpoblación 4
- Subpoblación 5
- Subpoblación 6
- Subpoblación 7
- Subpoblación 8
- Subpoblación 9
- Subpoblación 10

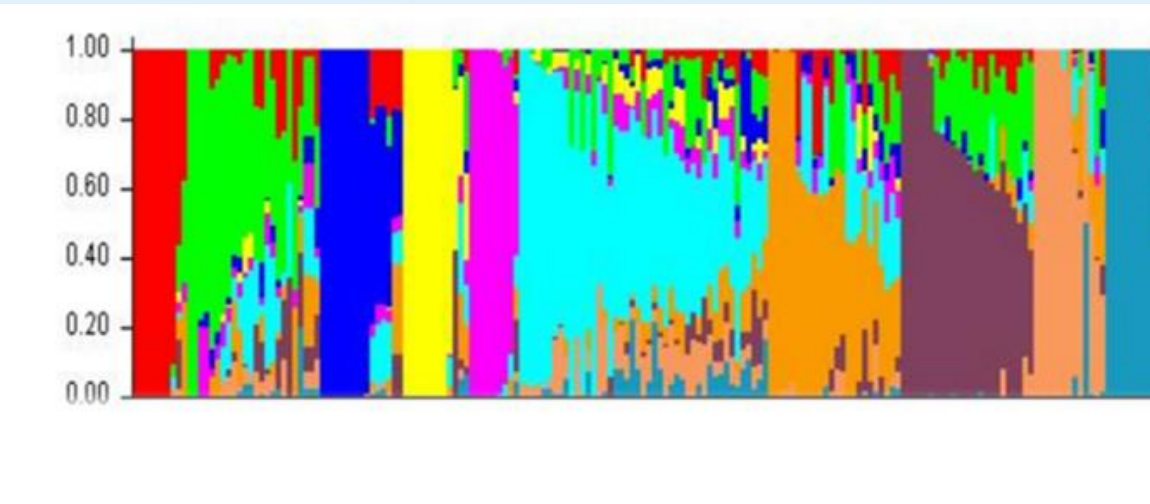


Fig.3. Representación gráfica de la matriz Q ajustada de K=10 generada con 44820 SNPs mediante STRUCTURE a partir de un panel de 191 líneas endocriadas del programa de mejoramiento genético de maíz de INTA EEA Pergamino. Vista de las 10 sub-poblaciones.

MATERIALES Y MÉTODOS

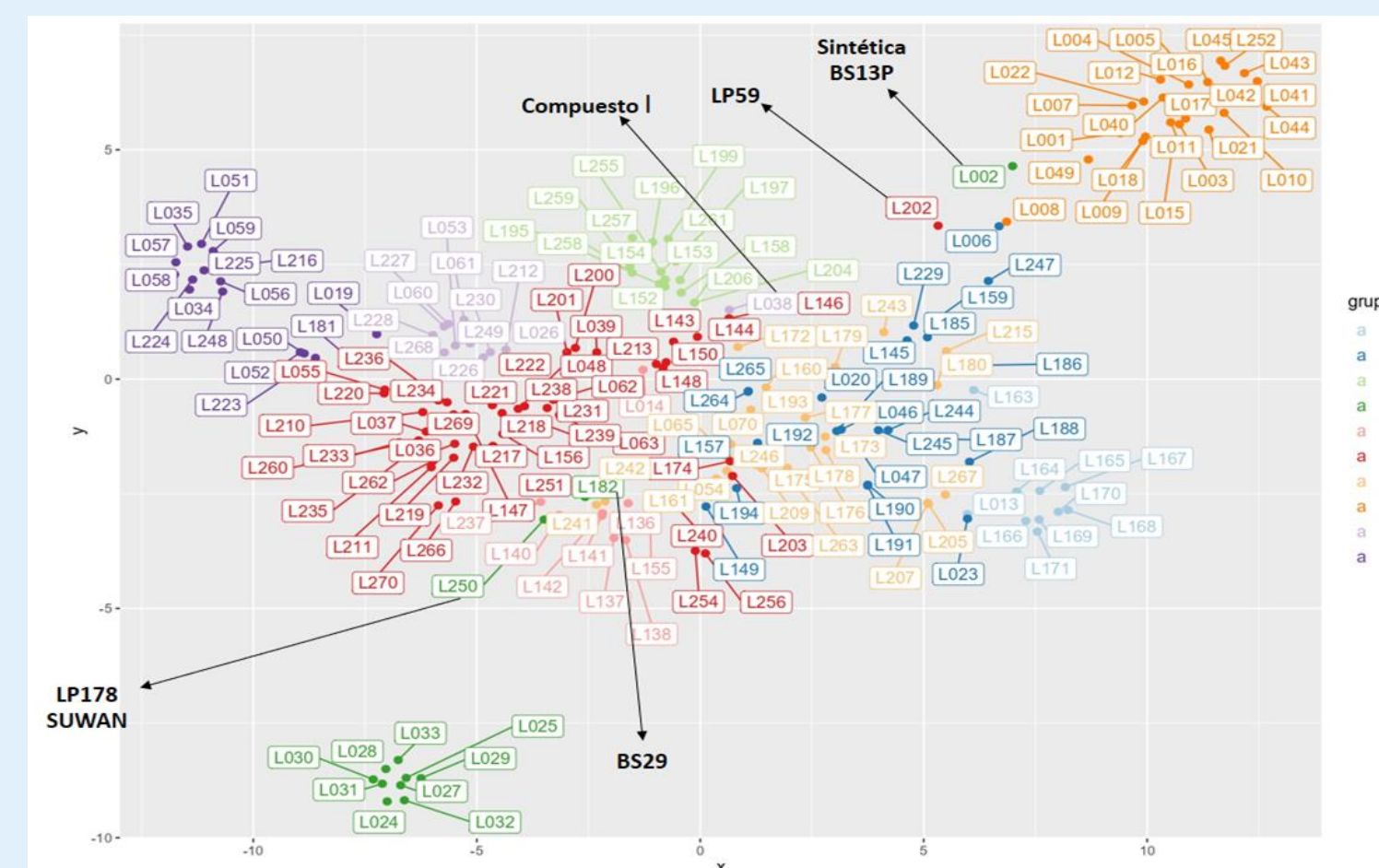
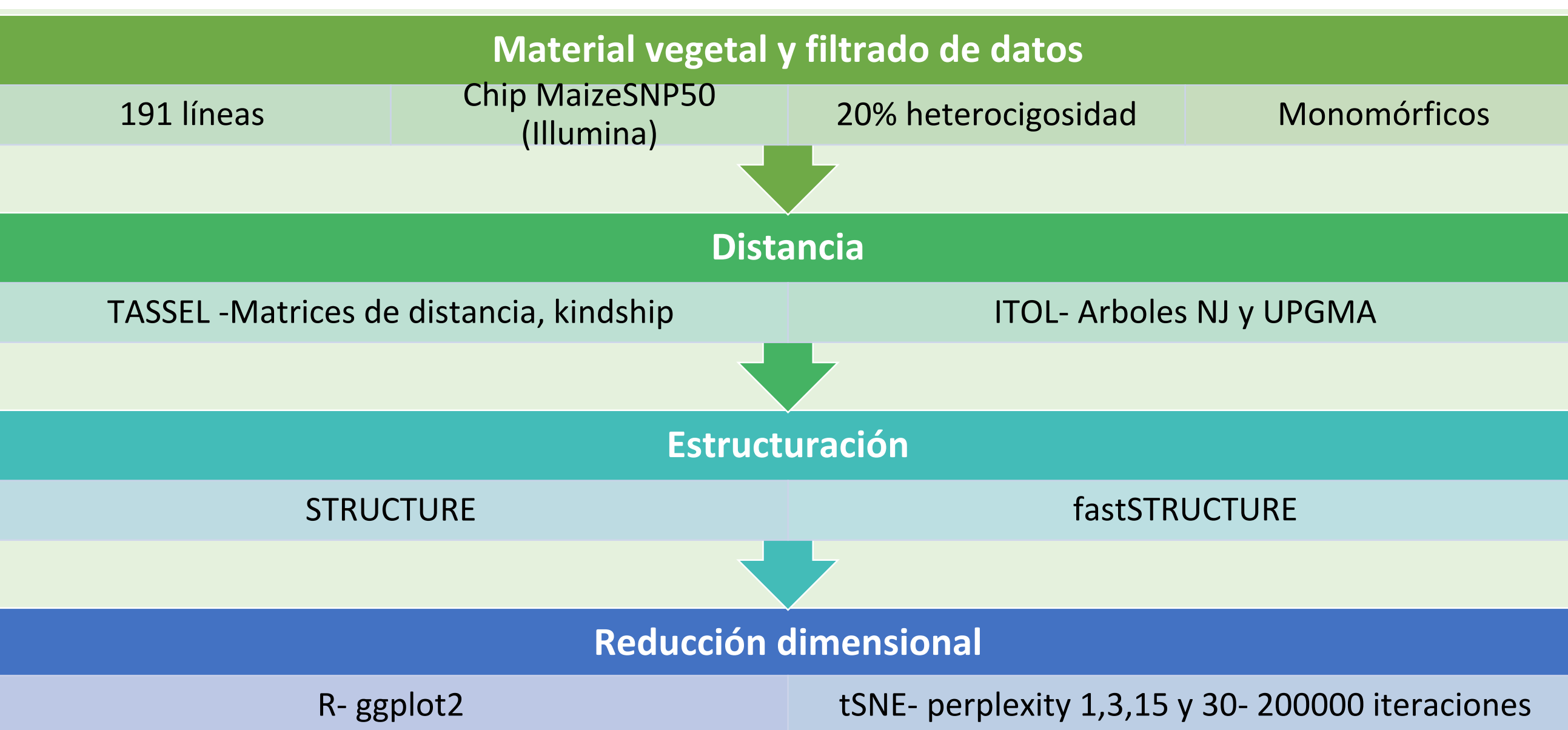


Fig.5. Representación gráfica de los agrupamientos en dos dimensiones realizado con t-SNE a partir de la matriz de PCA de un panel de 191 líneas endocriadas del programa de mejoramiento genético de maíz de INTA EEA Pergamino. Perplexity=30, 200000 iteraciones

CONCLUSIÓN

	Softwares	
	STRUCTURE	fastSTRUCTURE
Servidor	Alto rendimiento	Servidor local CyVerse
Tiempo de ejecución	3 días	30 minutos
Determinación N° subpoblaciones	Calculo automático K=10	Calculo por método de Evanno a partir de STRUCTURE
Calidad de análisis	Igual precisión y potencia	

- **fastSTRUCTURE**
 - opción rápida de ejecutar y dinámica
 - permitió consolidar los agrupamientos obtenidos por STRUCTURE
 - requiere del soporte de otros métodos como es el caso de Structure Harvester.
- **tSNE**
 - mejor visualización de los datos espacialmente, ayudando a entender la distribución de los datos menos consolidados.
 - dilucidar resultados obtenidos con facilidad, de manera práctica y con más detalle.

Finalmente, fue posible trabajar con una gran cantidad de datos, disminuyendo errores de cálculo, incorporando mayor relevancia y precisión en los análisis.