

# El uso de genómica basada en "Next Generation Sequencing" permitió la identificación de nuevos marcadores ligados a caracteres de interés para la mejora del duraznero mediante mapeo por asociación

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

\*Lab. de Biotecnología, <sup>1</sup>EEA San Pedro, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). 2930 San Pedro, Argentina

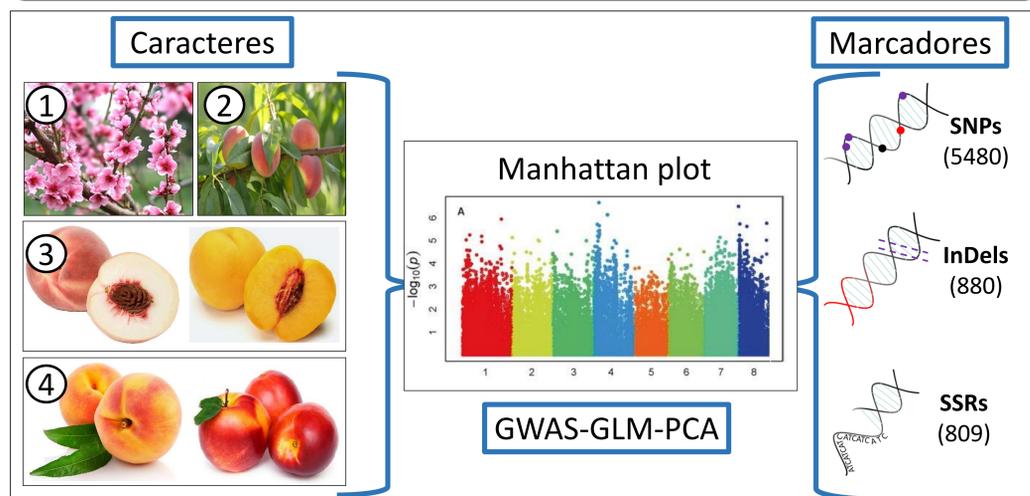
Contacto: sanchez.gerardo@inta.gov.ar



## Introducción

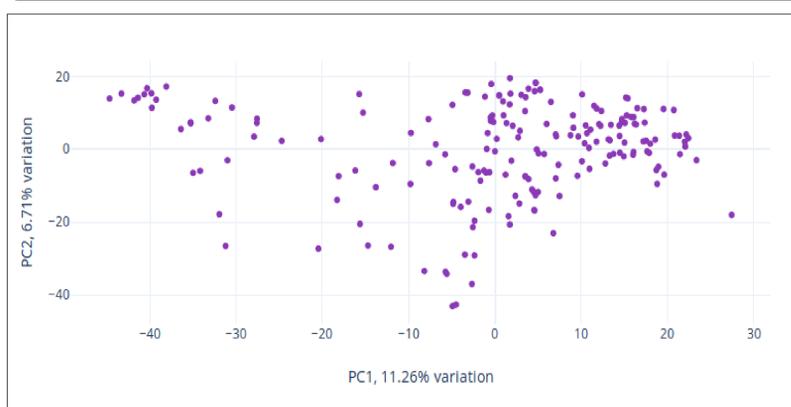
Los programas de mejoramiento de duraznero poseen grandes limitantes al momento de evaluar los resultados de cruzamientos genéticos, debido a que el duraznero es un árbol que posee un periodo juvenil de aproximadamente 4 años. Es por esta razón que resulta de gran utilidad la selección por marcadores moleculares (MM) que permiten volver más eficiente el proceso en términos de recursos y tiempo. Teniendo en cuenta esta problemática se planteó como objetivo de este trabajo, identificar mediante un estudio de asociación (GWAS) nuevos marcadores moleculares que estén ligados a caracteres de interés agronómico.

## Materiales y Métodos



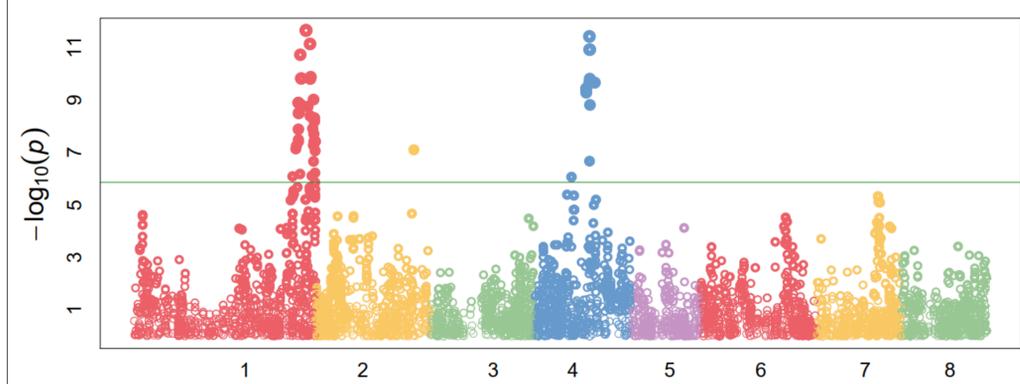
**Figura 1. Diagrama de trabajo.** En este trabajo se utilizó un set de 7169 marcadores (SNP, InDel y SSR), obtenidos a partir de 191 accesiones de duraznero analizadas mediante una plataforma basada en ddRAD-seq. Estos datos fueron incorporados en un estudio (GWAS) para determinar si existe asociación entre estos marcadores y los caracteres de: fecha de floración (1), fecha de cosecha (2), color de pulpa (3), y presencia de tricomas (4). Los resultados obtenidos en este estudio fueron analizados mediante un Manhattan plot, para discriminar aquellos marcadores que presentan mayor probabilidad de asociación con estos caracteres.

## Resultados



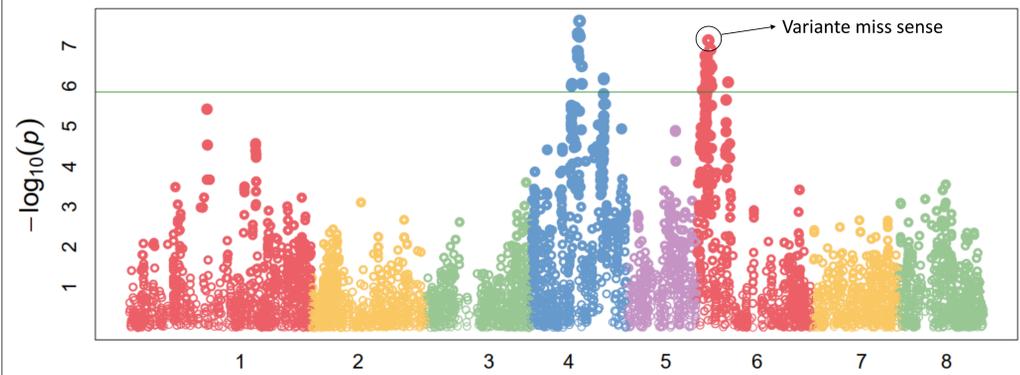
**Figura 2. Gráfico de PCA.** Análisis de componentes principales obtenido a partir de los marcadores moleculares utilizados en este trabajo. Los datos de PCA son utilizados para realizar el estudio de asociación por medio del modelo GLM (General Linear Model)

### Fecha de floración



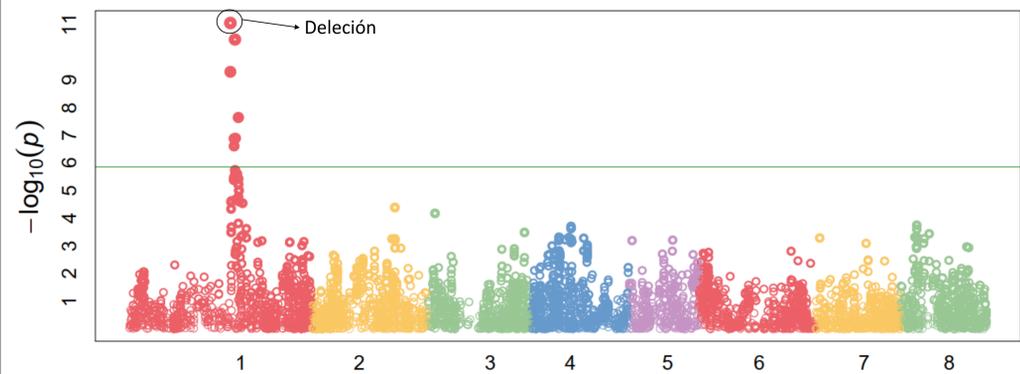
**Figura 3. Marcadores asociados a fecha de floración.** Los datos observados en el gráfico indican la presencia de marcadores asociados al carácter denominado como fecha de cosecha presentes en el cromosoma 1 y el cromosoma 4.

### Fecha de cosecha



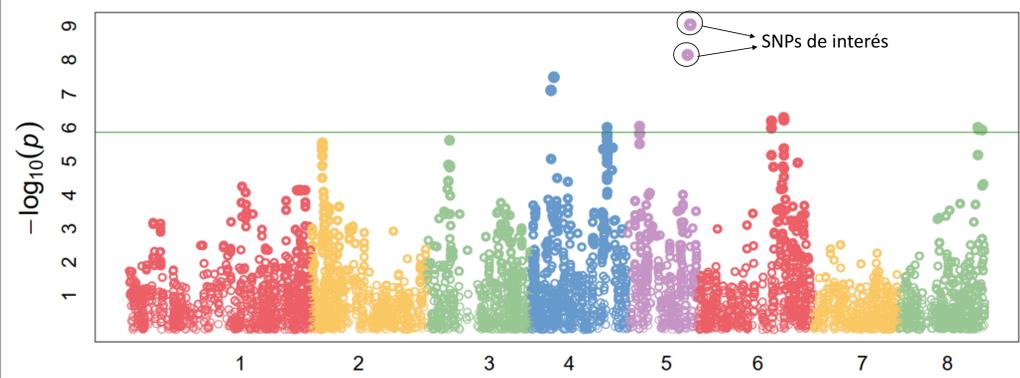
**Figura 4. Marcadores asociados a fecha de cosecha.** Se identificaron 2 loci asociados a fecha de cosecha en los cromosomas 4 y 6. El SNP con mayor LOD del cromosoma 6 está ubicado dentro de la secuencia codificante de un gen con homología a la pseudouridina sintasa. Este SNP genera un cambio de un residuo de Ala a Ser afectando probablemente la estructura de la proteína para la cual codifica.

### Color de pulpa



**Figura 5. Marcadores asociados a color de pulpa.** El carácter indicado en este caso como color de pulpa presenta asociación con marcadores moleculares presentes en el cromosoma 1. Entre los cuales el marcador que presenta el valor de LOD más alto pertenece a una deleción.

### Presencia de tricomas



**Figura 6. Marcadores asociados a la presencia tricomas.** Los frutos se diferencian en durazno o nectarina en relación a la presencia o ausencia de tricomas en su superficie. En los marcadores analizados se observan al menos 2 SNPs que presentan un alto valor de LOD, los cuales se encuentran en una posición cercana al locus descrito como uno de los posibles responsables de esta característica.

## Conclusiones

- Se identificó una serie de nuevos marcadores que presentan asociación con los caracteres analizados.
- Se determinó la presencia de un SNP que posee un alto valor de asociación con el fecha de cosecha, el cual no había sido descrito hasta el momento, y que se encuentra localizado dentro de la secuencia de un gen provocando posibles cambios estructurales.
- Se identificó un marcador InDel que está asociado con el color de pulpa, el cual podría ser usado como un marcador diagnóstico mediante análisis en geles de poliacrilamida.
- La información generada en este trabajo nos permitirá tanto seleccionar parentales así como desarrollar herramientas para controlar la fecha de floración, fecha de cosecha, color de pulpa y presencia de tricomas en nuestro programa de mejoramiento.