ALIMENTOS FUNCIONALES

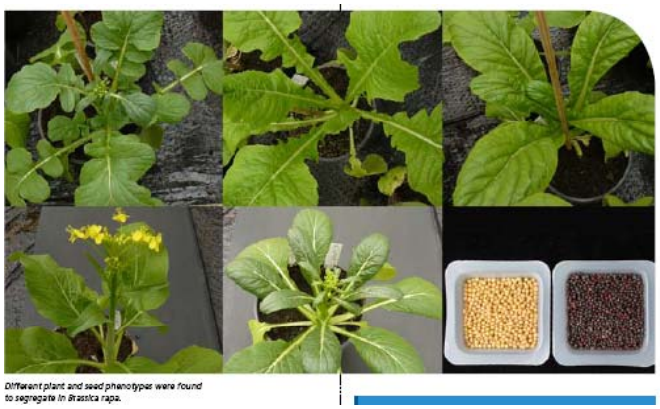
Agricultural Research Service (ARS) developed the heart-healthy NuSun sunflower as a variety high in oleic acid, a monounsaturated fatty acid. That variety now accounts for about 77 percent of the sunflowers produced for oil seeds in the United States.

transgenic tomatoes that contain four to eight times as much lycopene, a carotenoid known for its strong antioxidant properties, as nontransgenic

Nutrigenomics and Beyond: Informing the Future - Workshop Summary

Ann L. Yaktine and Robert Pool, Rapporteurs

ISBN: 0-309-66921-9, 90 pages, 6 x 9, (2007)



Different plant and seed phenotypes were found to segregate in Brassica rapa.

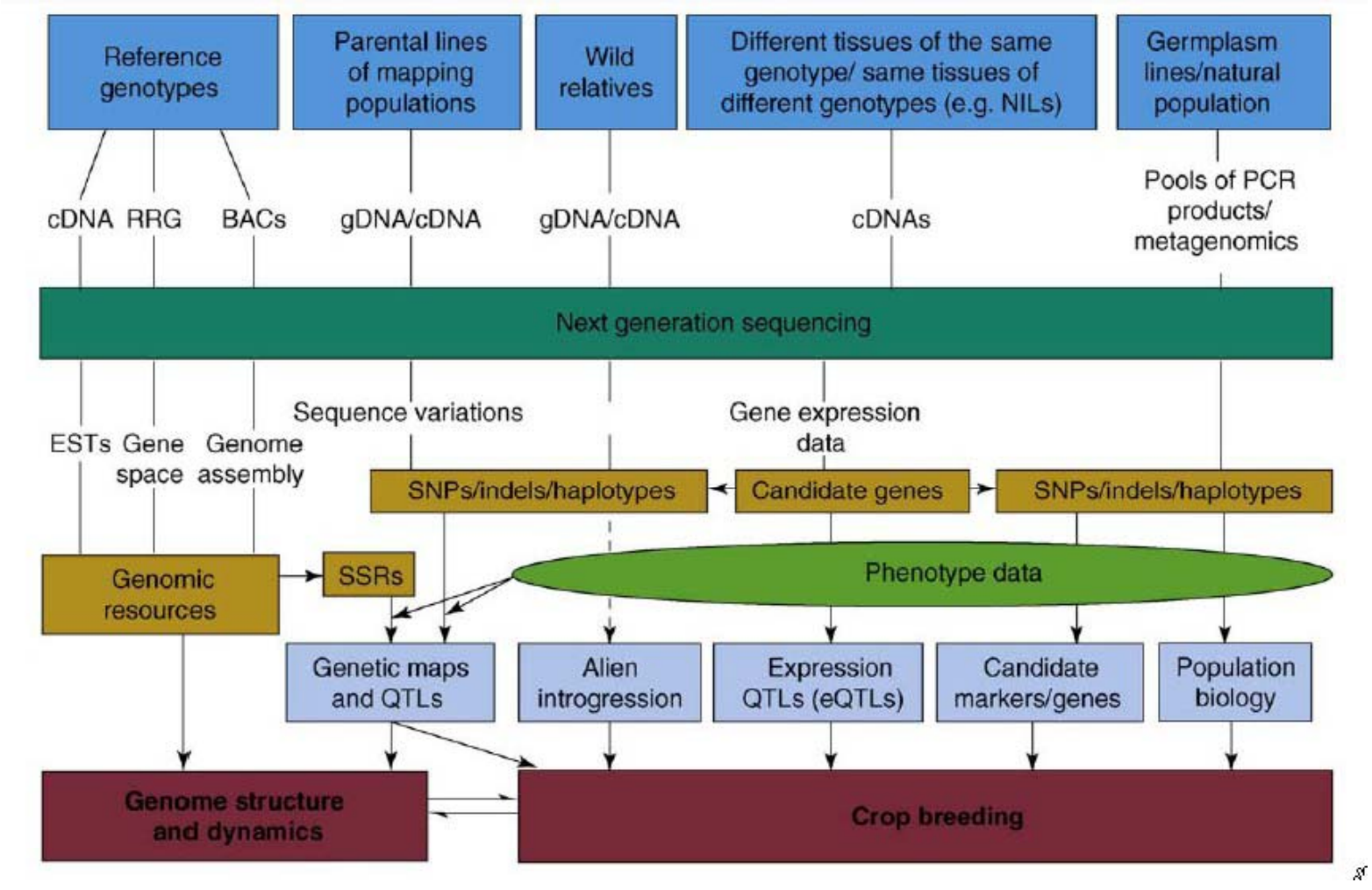
SenterNovem

IOP

Brassica vegetable nutrigenomics IOP Genomics

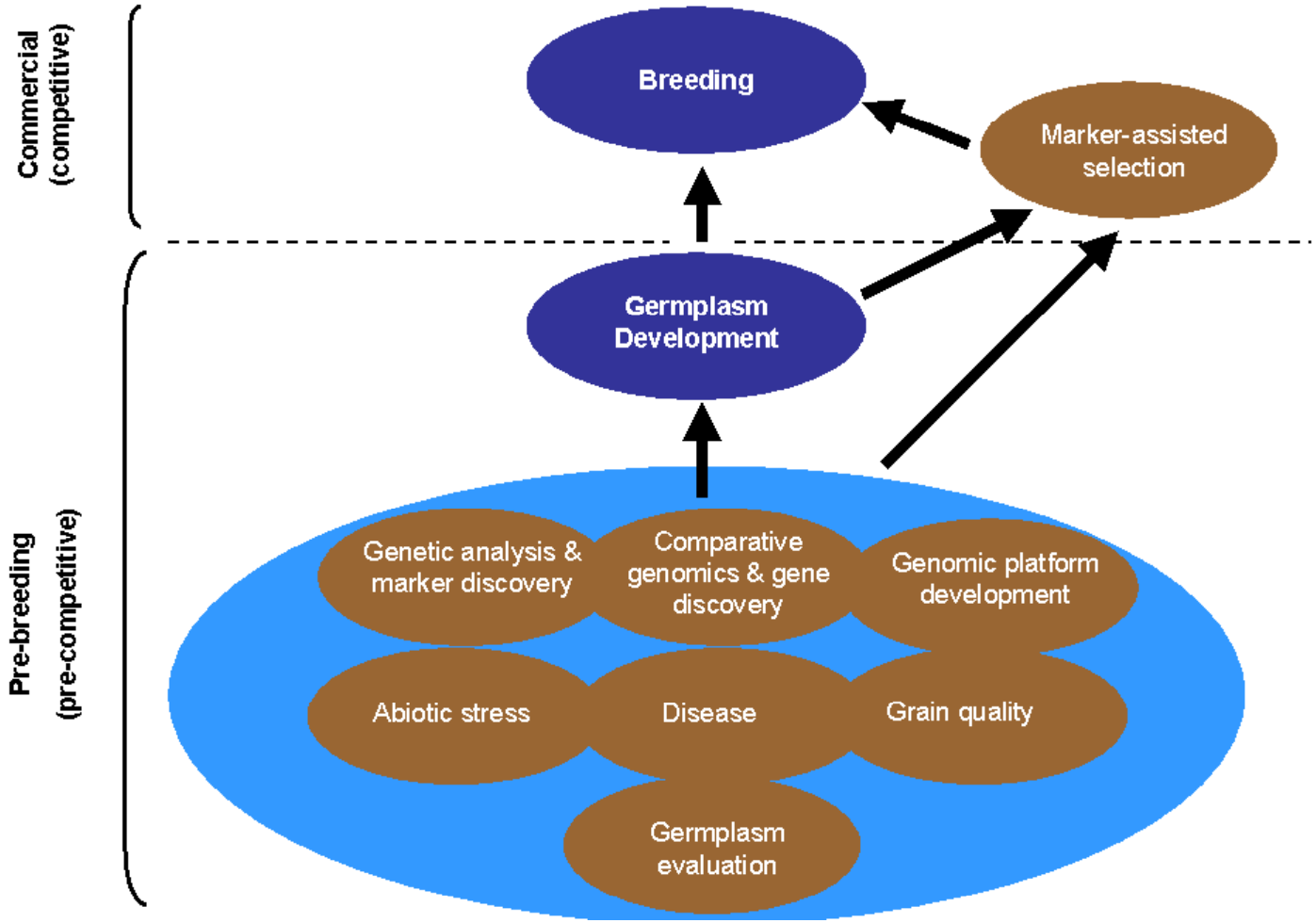
By combining metabolomics, genomics and bioinformatics, research groups from three different universities expect to identify genetic biomarkers for metabolites in *Brassica rapa* that make the crop more nutritious. Scientists are testing their approach first on a better-known relative of the turnip: the thale cress *(Arabidopsis)*. Three years into the project, the research groups are getting closer and closer to their goal. "The industry is making a genuine commitment to the research."

Aplicaciones de las nueva generación de tecnologías de secuenciación al mejoramiento vegetal

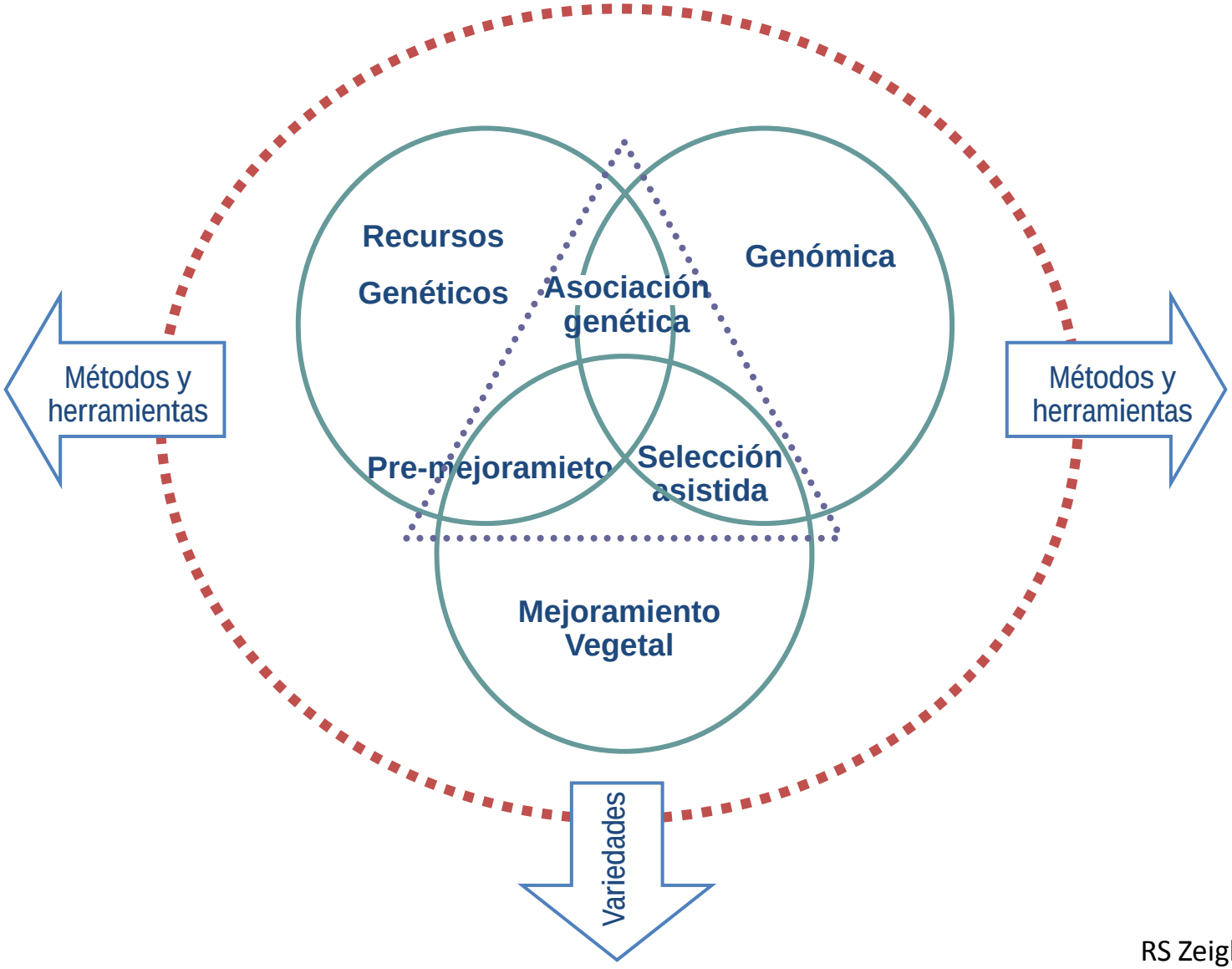


Trends in Biotechnology Vol.27 No.9

Pre-mejoramiento y mejoramiento



Integración de la genómica y el mejoramiento vegetal



RS Zeigler CGIAR

Propósitos de los proyectos genómicos

-Establecer plataformas web que permitan integrar datos, información, herramientas de análisis.

-Ensamblar mapas genéticos y físicos

-Identificar y anotar el conjunto de genes codificados en el genoma

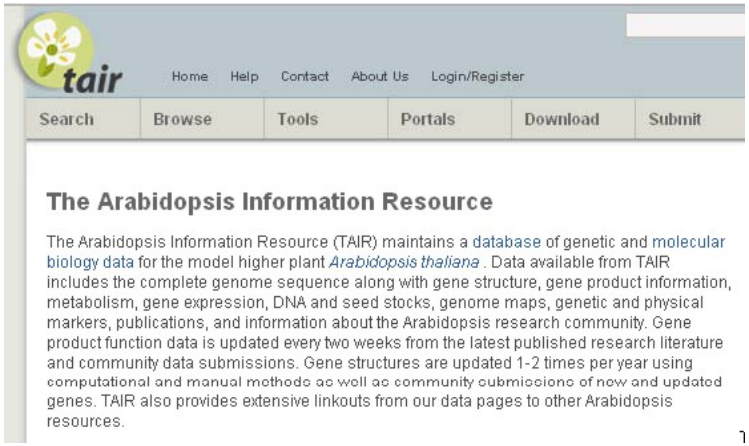
-Caracterizar la diversidad nucleotídica del genoma

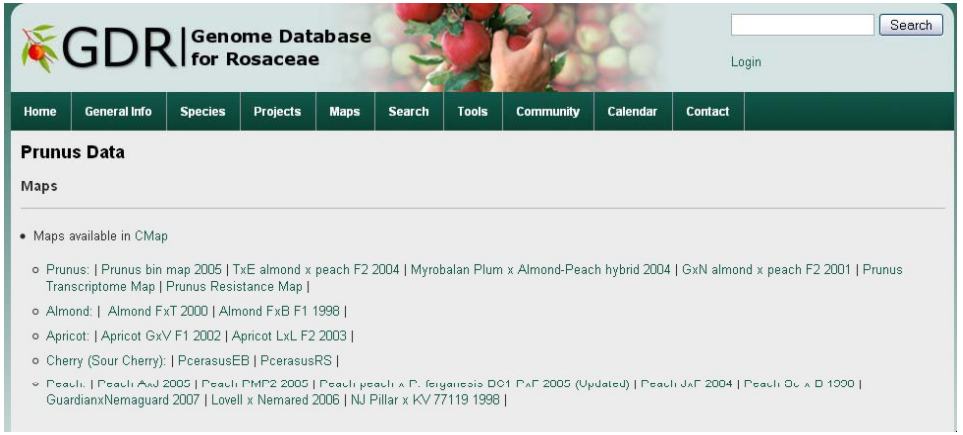
-Reunir la información acumulada de expresión de genes (microarreglos)

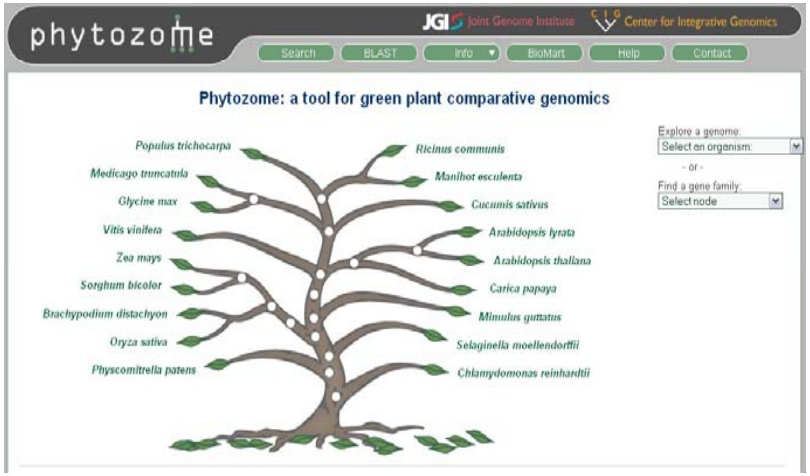
-Proveer recursos y herramientas para la comparación de los genomas

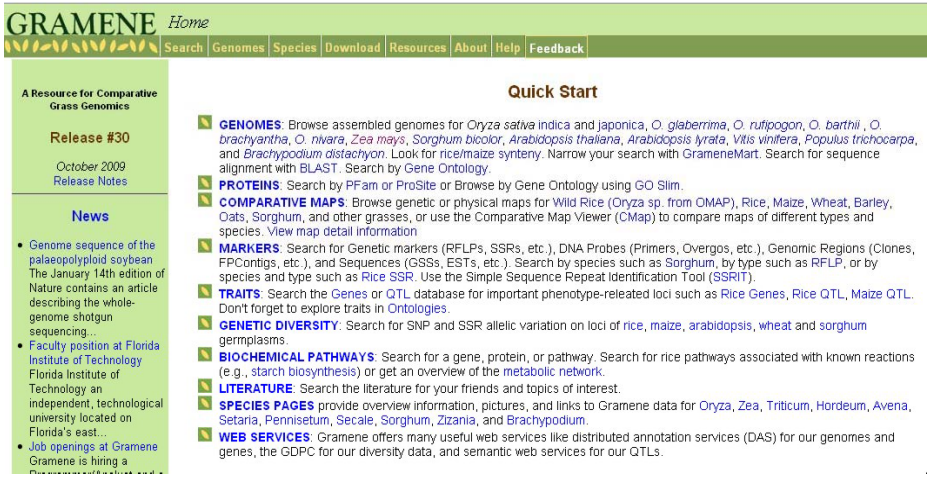
Plataformas web

Proyectos genómicos en progreso y/o parciales



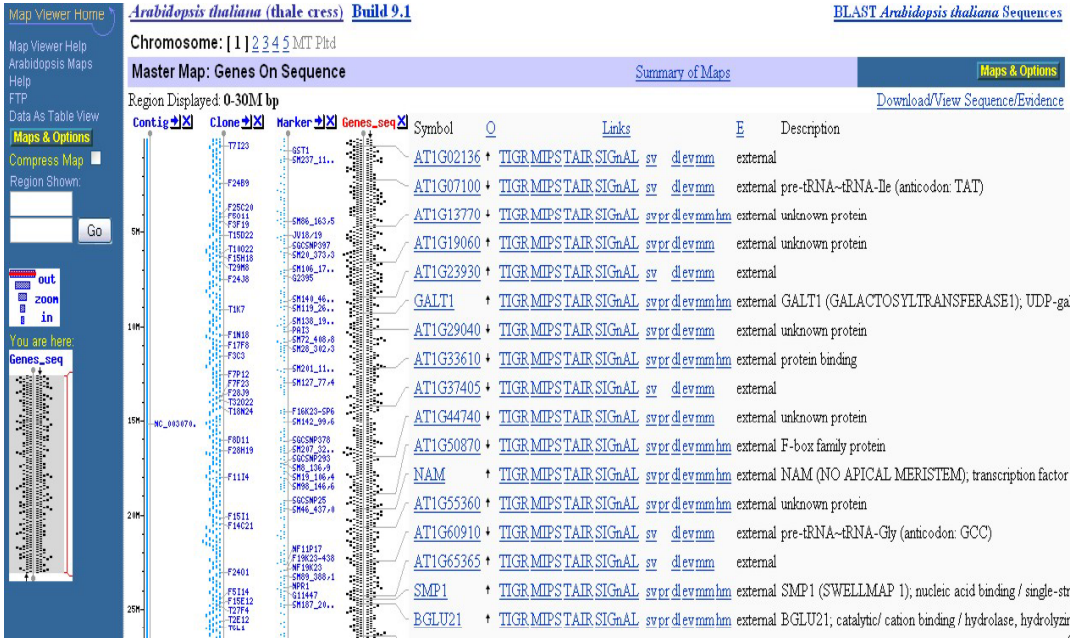


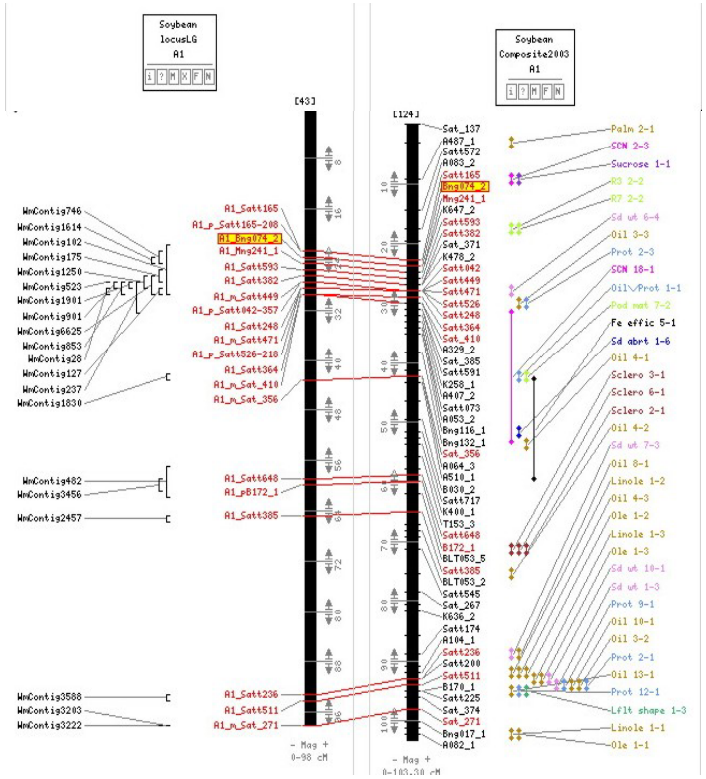




NCBI EMBL-EBI DDBJ DNA Data Bank of Japan

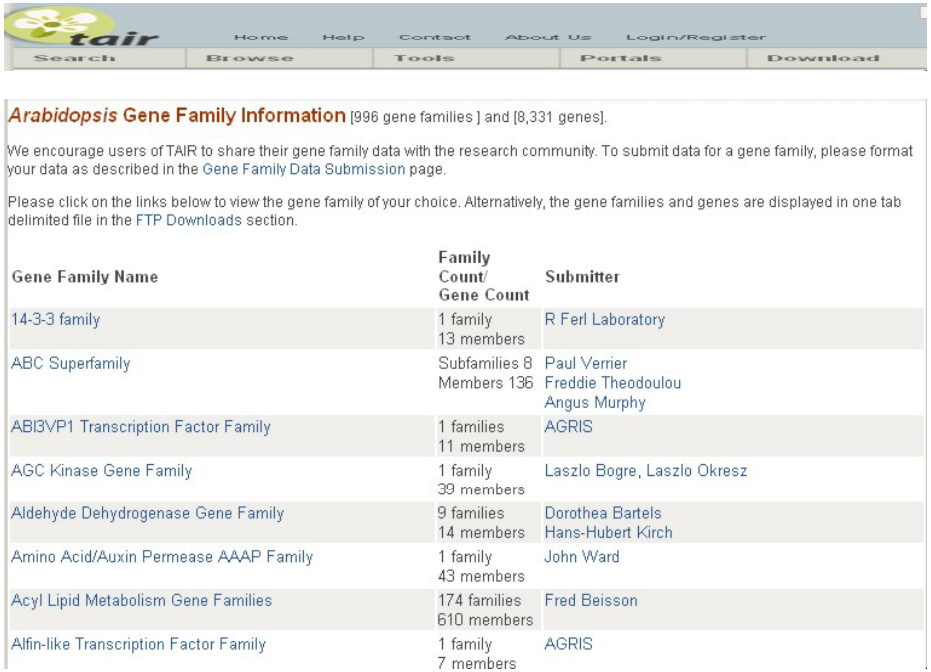
Ensamblar mapas genéticos y físicos

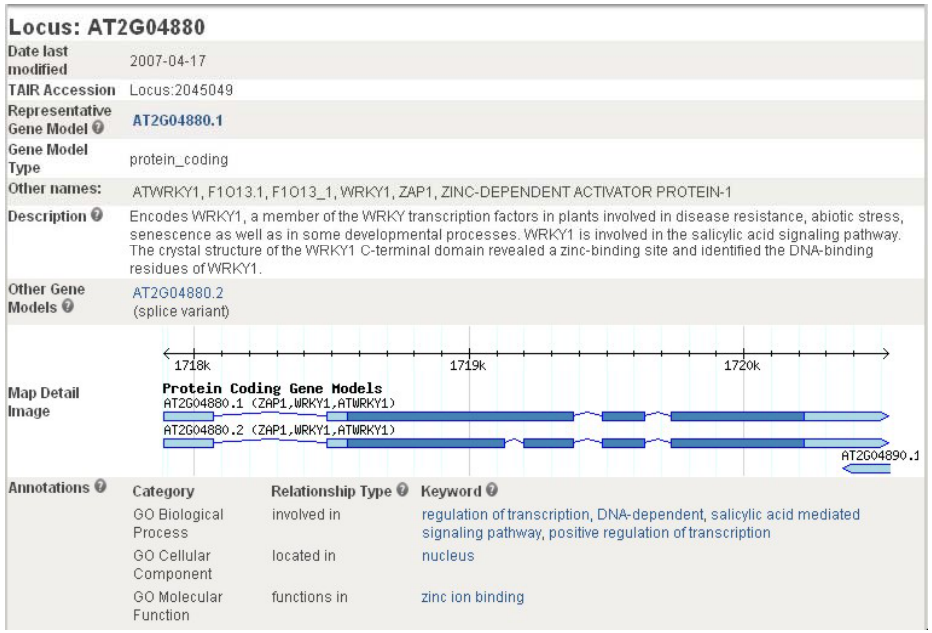


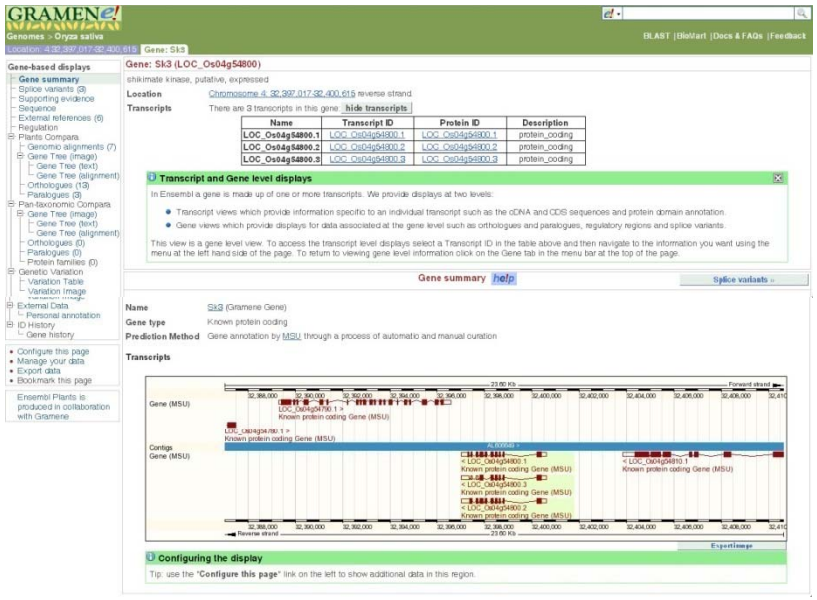


http://soybase.org/tutorials/physmap/search1.html

Identificar y anotar el conjunto de genes codificados en el genoma







Caracterizar la diversidad nucleotídica del genoma

1001 Genomes

A Catalog of *Arabidopsis thaliana* Genetic Variation

Home | Collaborators | Accessions | Tools | Downloads | Data Center | Gallery | About | Help desk

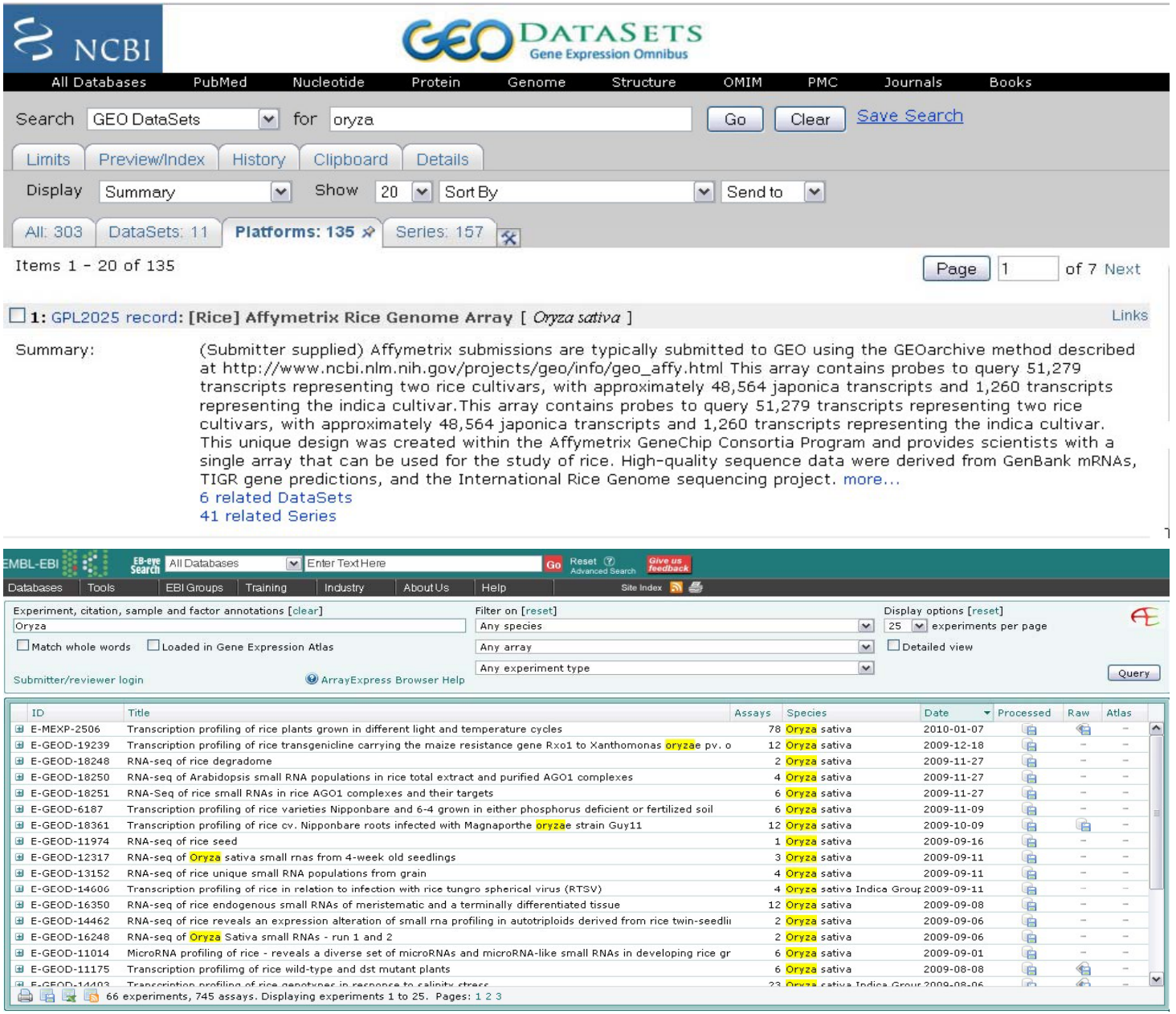
The 1001 Genomes Vision

The 1001 Genomes Project has a simple goal: to discover the whole-genome sequence variation in 1001 strains (accessions) of the reference plant *Arabidopsis thaliana*. The resulting information will pave the way for a new era of genetics that combines large-scale association studies in wild strains with forward genetic analyses in experimental crosses, in order to identify alleles underpinning phenotypic diversity across the entire genome and the entire species. The analyses enabled by this project will have broad implications for areas as diverse as evolutionary sciences, plant breeding and human genetics.

Collaborators

Name	Abbreviation	Contact	Collaborators	Funding
DOE Joint Genome Institute	JGI	**Len Pennacchio**	Joshua Heazlewood	DOE
Max Planck Institute for Developmental Biology	MPI	**Detlef Weigel**	Richard Clark (Utah) Karl Schmid (Uppsala)	Max Planck Society, DFG
Salk Institute	Salk	**Joe Ecker**	Michael Egholm Tim Harkins (454) Dan Rokhsar (JGI) Olivier Loudet	Applied Biosystems, Chapman Foundation, Roche
Sainsbury Laboratory	SL	**Jonathan Jones**	Richard Mott (WTCHG)	
University of Lausanne	UNIL	**Christian Hardtke**		
University of Southern California	USC	**Magnus Nordborg**		USC
Wellcome Trust Center for Human Genetics	WTCHG	**Richard Mott**	Paula Kover	BBSRC
Waksman Institute of Microbiology, Rutgers	WIM	**Todd Michael**		Charles and Johanna Busch Memorial Fund
Bielefeld University, CeBiTec	CeBiTec	**Bernd Weisshaar**	Thomas Altmann, IPK Gatersleben	UniBi & IPK
University of Warwick	Warwick	**Eric Holub**	Robin Allaby (Warwick) Jim Beynon (Warwick) Murray Grant (Exeter)	

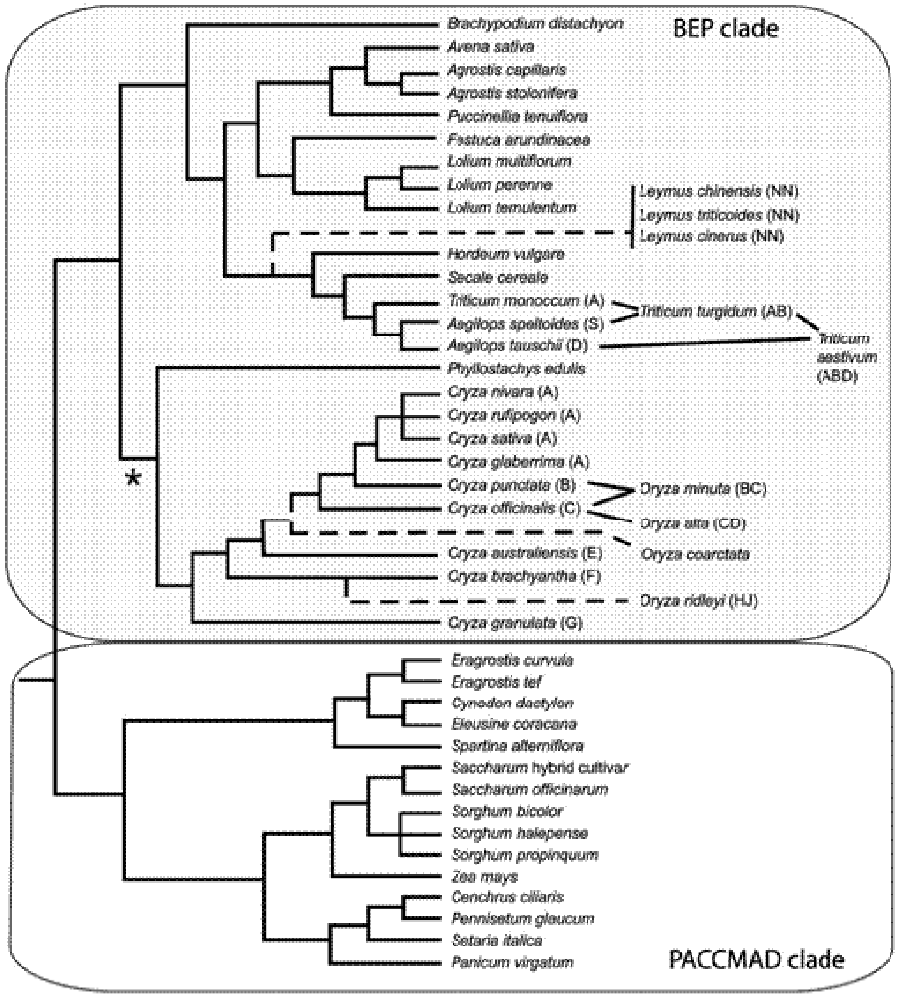
Reunir la información acumulada de expresión de genes



-Proveer recursos y herramientas para la comparación de los genomas

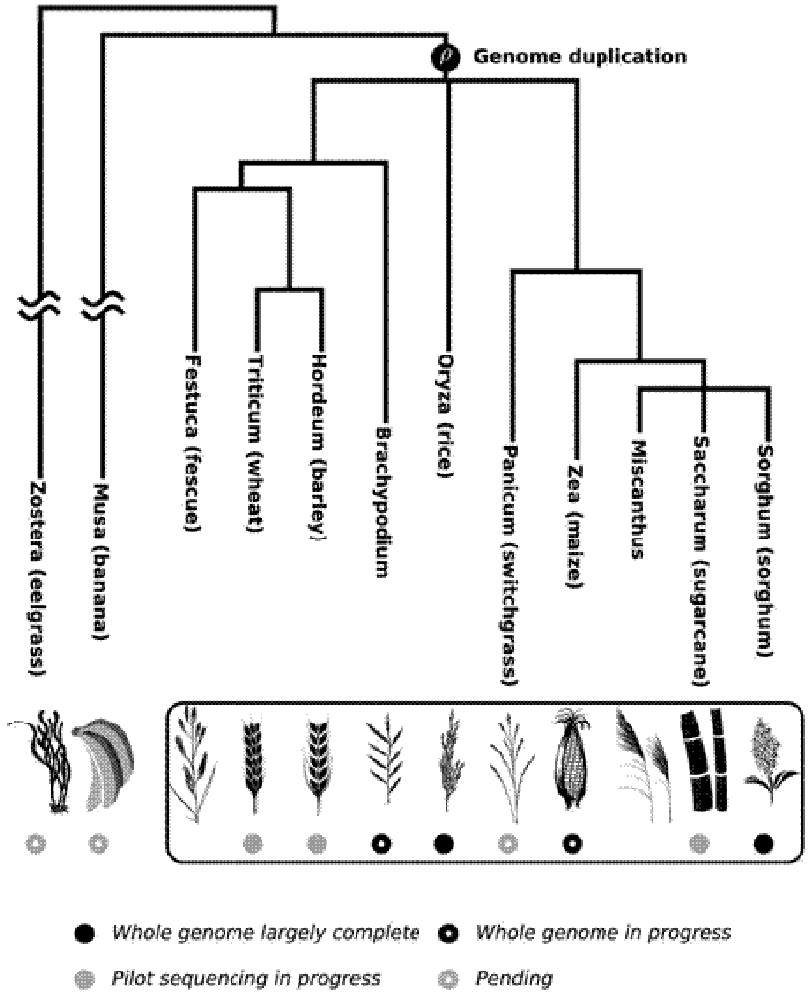
PLANT PHYSIOLOGY FOCUS ISSUE ON THE GRASSES January 2009; Volume 149, Issue 1

Phylogeny of grasses for which genome sequence data has been or will be generated in the near future



Buell,C. R. Plant Physiol. 2009;149:111-116

The phylogenetic relationship between selected cereals and two outgroup species is illustrated as described elsewhere



Paterson, A. H., et al. Plant Physiol. 2009;149:125-131

-Proveer recursos y herramientas para la comparación de los genomas

Table 1. *Selected food and model legumes*

Crop legume species are grouped in the three classical legume subfamilies: Caesalpinioideae, Mimosoideae, Papilionoideae; and then by clade and tribe. Sequenced legume genomes are underlined. Model or major crop legumes are in bold text. Primary uses: s = seed; t = tuber or root; p = pod or pod wall; l = leaf; f = forage; m = model. D = Drought tolerant, C = cold tolerant, or F = flooding tolerant; P = perennial. *, Varieties may contain toxins (alkaloids or cyanogenic glycosides) removable in preparation.

Clade	Tribe	Binomial	Common Name	Uses	Note
Cercidae	Cercideae	*Tylosema esculentum*	Marama bean	s, t	D, P
Detarieae	Detarieae	*Detarium senegalense*	Sweet detar	s	P
Detarieae	Detarieae	*Tamarindus indica*	Tamarind	p	P
Umtiza	Caesalpinieae	*Ceratonia siliqua*	Carob	s, p	P
Caesalpinieae	Caesalpinieae	**Chamaecrista fasciculata**	Partridge pea	m	D, P
Caesalpinieae	Caesalpinieae	*Cordeauxia edulis*	Yeheb nut	s	D, P
Mimosoid	Mimoseae	*Parkia speciosa*	Petai	s, p, f	D, P
Mimosoid	Mimoseae	*Prosopis glandulosa*	Honey mesquite	s, p, f	D, P
Mimosoid	Mimoseae	*Desmanthus illinoensis*	Illinois bundleflower	s, f	D, P
Mimosoid	Mimoseae	*Inga edulis*	Ice-cream bean	p	P
Indigoferoid	Indigofereae	*Cyamopsis tetragonoloba*	Guar/cluster bean	s, p, f	
Genistoid	Genisteae	*Aspalathus linearis*	Rooibos tea	l	D, P
Genistoid	Genisteae	*Lupinus albus*	**White lupin**	s	*
Genistoid	Genisteae	*Lupinus angustifolius*	Narrow-leaved lupin	s	*
Genistoid	Genisteae	*Lupinus luteus*	**Yellow lupin**	s	*
Genistoid	Genisteae	*Lupinus mutabilis*	Andean lupin; tarwi	s	C, *
Genistoid	Genisteae	*Lupinus polyphyllus*	Washington lupin	s, f	C, P, *
Dalbergioid	Aeschynomeneae	*Arachis hypogaea*	**Peanut/groundnut**	s	
Galegoid	Galegeae	*Glycyrrhiza glabra*	Licorice	t	P
Galegoid	Hedysareae	*Caragana arborescens*	Pea shrub	s, p	D, C, P
Galegoid	Cicereae	*Cicer arietinum*	**Chickpea**	s	
Galegoid	Trifolieae	*Trigonella foenum-graecum*	Fenugreek	s	
Galegoid	Trifolieae	**Medicago truncatula**	Barrel medic	f, m	
Galegoid	Vicieae/Fabeae	*Lathyrus sativus*	Grass pea/chickling vetch	s, f	D, *
Galegoid	Vicieae/Fabeae	*Lens culinaris*	**Lentil**	s	
Galegoid	Vicieae/Fabeae	**Pisum sativum**	**Pea**	s, p, f, m	
Galegoid	Vicieae/Fabeae	*Vicia faba*	**Fava bean/broad bean**	s	
Robinioid	Loteae	*Lotus tetragonolobus*	Asparagus pea	p	
Robinioid	Loteae	**Lotus japonicus**	Birdsfoot trefoil	f, m	P
Robinioid	Sesbanieae	*Sesbania* spp.	Agati	f, l, s, p	F, P
Millettioid	Phaseoleae	*Psoralea* spp.	Breadroot, prairie turnip	t	D, P
Millettioid	Phaseoleae	*Apios americana*	Potato bean; groundnut	t	P
Millettioid	Phaseoleae	*Cajanus cajan*	**Pigeonpea**	s, p	D, P
Millettioid	Phaseoleae	*Canavalia ensiformis*	Jack bean/velvet bean	s, p, f	*
Millettioid	Phaseoleae	*Lablab purpureus*	Hyacinth bean	s, p, f	
Millettioid	Phaseoleae	**Glycine max**	**Soybean**	s, m	
Millettioid	Phaseoleae	*Pachyrhizus erosus*	**Jicama/yam bean**	t	
Millettioid	Phaseoleae	*Phaseolus coccineus*	Scarlet runner bean	s, p	
Millettioid	Phaseoleae	*Phaseolus lunatus*	Lima bean	s	*
Millettioid	Phaseoleae	**Phaseolus vulgaris**	**Common bean**	s, p	
Millettioid	Phaseoleae	*Phaseolus acutifolius*	Tepary bean	s, p	D
Millettioid	Phaseoleae	*Macrotyloma geocarpum*	Hausa groundnut	s	D
Millettioid	Phaseoleae	*Psophocarpus* spp.	Winged bean	p, t	
Millettioid	Phaseoleae	*Vigna angularis*	**Adzuki bean**	s	
Millettioid	Phaseoleae	*Vigna aconitifolia*	Moth bean	s	
Millettioid	Phaseoleae	*Vigna mungo* and *radiata*	**Black gram; mung bean**	s	
Millettioid	Phaseoleae	*Vigna subterranea*	Bambara groundnut	s	D
Millettioid	Phaseoleae	*Vigna unguiculata*	**Cowpea/black-eyed pea**	s, p	

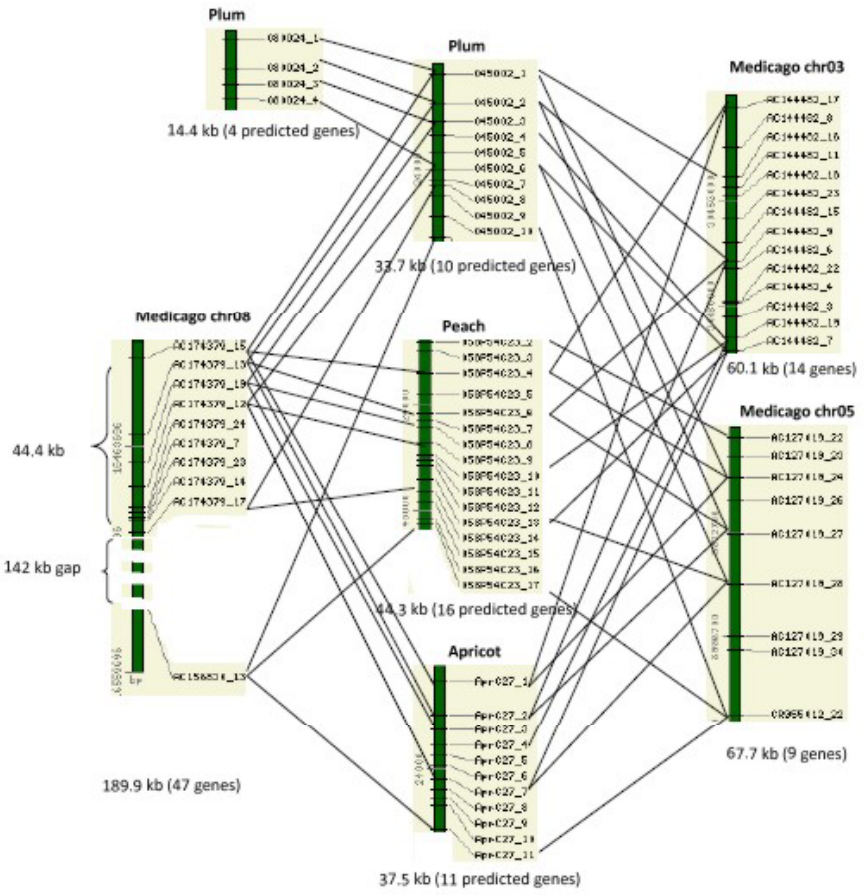
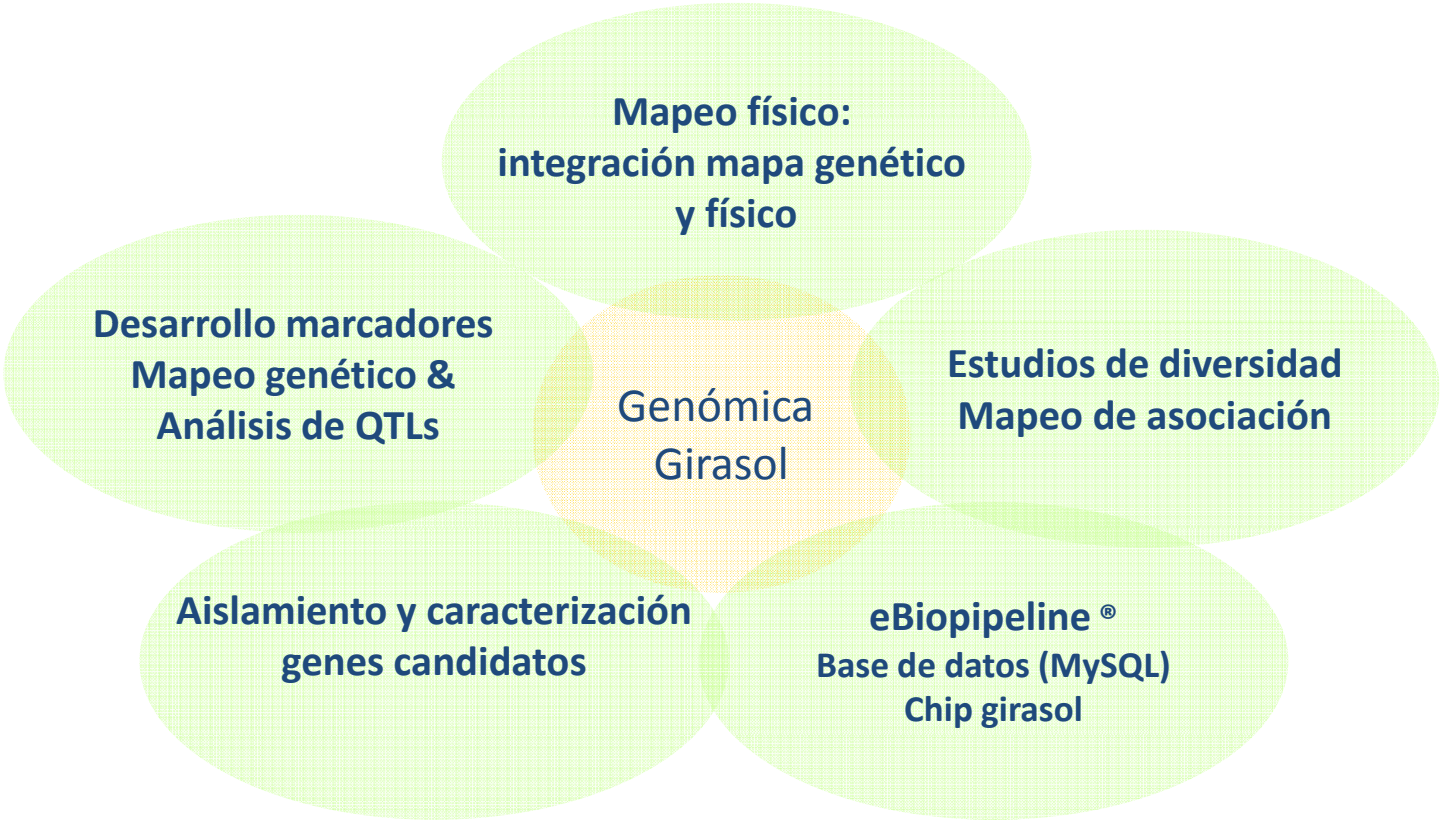


Figure 2
Conserved synteny between the *Prunus* BACs that contain disease-resistant genes and the genome *Medicago*. All the intervening genes in the syntenic regions, except those in the 142 kb gap, are also shown. The numbers on the left stand for base pair positions in the *Prunus* BACs or the *Medicago* linkage groups. The lengths of the syntenic regions and the total numbers of predicted genes in the regions are given below the bar.

Genómica estructural y funcional del girasol cultivado

Areas de investigación – integración- finalidad

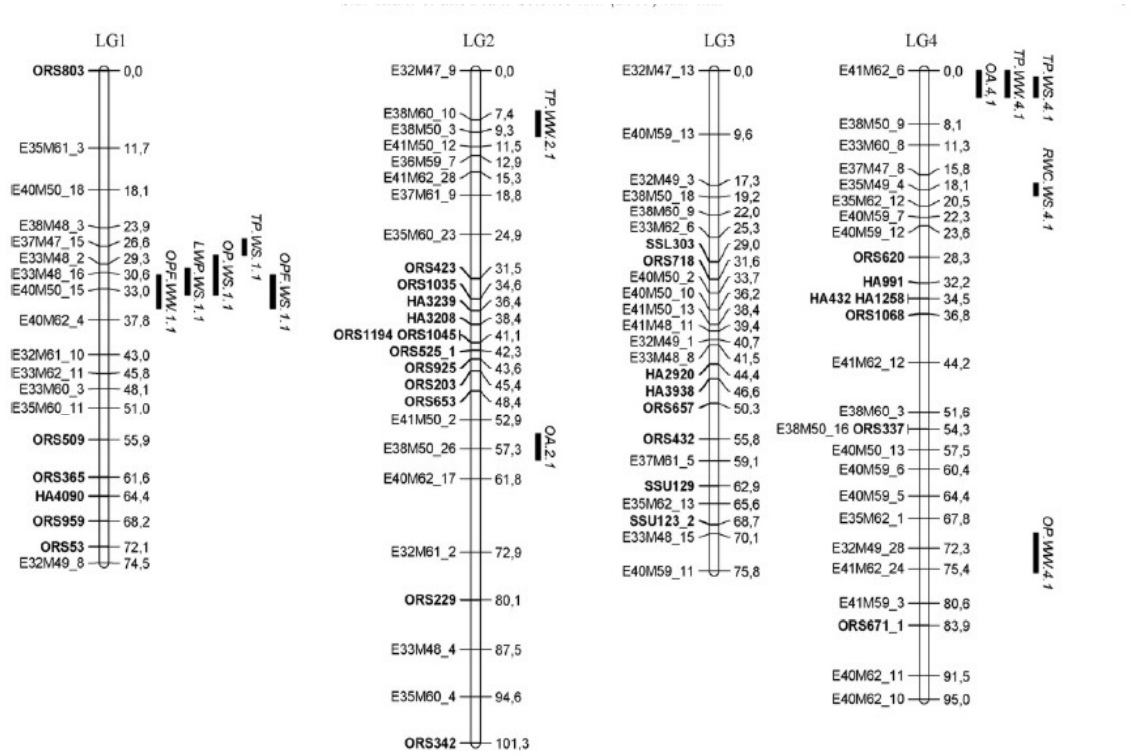
Norma Paniego - Ruth Heinz - Esteban Hopp



-SSR, SNP, EST
-Desarrollo poblaciones de mapeo
-Métodos de genotipificación

-Mapeo QTLs
-Perfiles transcripcionales y metabolitos
-Caracterización BACs e hibridación *in situ*

Genómica girasol



Microsatellite isolation and characterization in sunflower (*Helianthus annuus* L.)

Norma Paniego, Mercedes Echaide, Marianne Muñoz, Luis Fernández, Susana Torales, Paula Faccio, Irma Fuxan, Mónica Carrera, Rubén Zandomeni, Enrique Y. Suárez, and H. Esteban Hopp

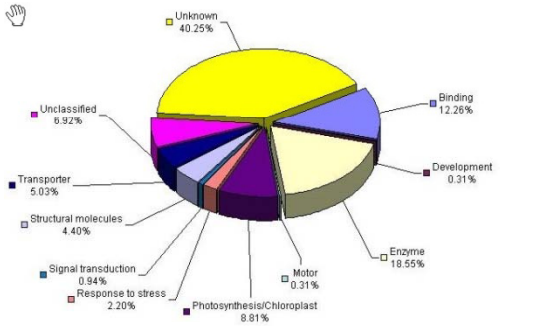
Genome 45: 34–43 (2002) DOI: 10.1139/G01-120

Genetic analysis of plant water status and osmotic adjustment in recombinant inbred lines of sunflower under two water treatments

S. Poormohammad Kiani [a,c], P. Talia [b], P. Maury [c], P. Grieu [c], R. Heinz [b], A. Perrault [a], V. Nishinakamasu [b], E. Hopp [b], L. Gentzbittel [a], N. Paniego [b], A. Sarrafi [a,*]

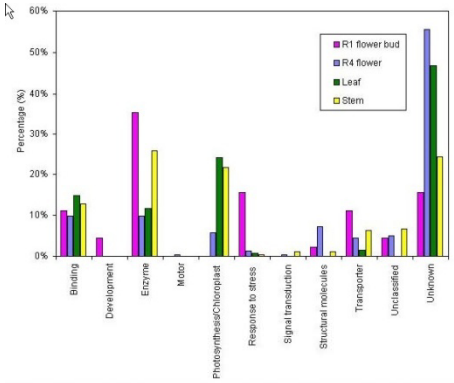
Plant Science
Volume 172, Issue 4, April 2007, Pages 773-787

Genómica funcional girasol



Expression analysis of ESTs from organ-specific cDNA libraries. cDNA clones with significant similarity to protein sequences in SWALL were classified according to Gene Ontology annotation. Sequences with no hits to known protein sequences from BLASTX comparison were classified as unknown. ESTs with significant similarity according to BLASTX comparison but with no GO term definition associated to them were referred as unclassified. Functional analysis includes all non-redundant generated ESTs.

Fernández *et al. BMC Genomics* 2003 **4**:40 doi:10.1186/1471-2164-4-40



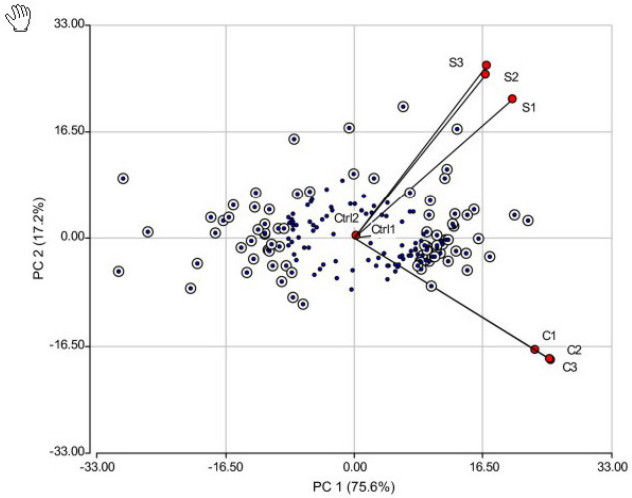
Comparison of ESTs classified by predicted function among four organ-specific cDNA libraries. Functional classification of all generated ESTs was done as described in Figure 2. Percentage of ESTs included in each functional class is compared among four differential cDNA libraries.

Fernández *et al. BMC Genomics* 2003 **4**:40 doi:10.1186/1471-2164-4-40

Differential representation of sunflower ESTs in enriched organ-specific cDNA libraries in a small scale sequencing project

Paula Fernández[1], Norma Paniego[1], Sergio Lew[2], H Esteban Hopp[1] and Ruth A Heinz*[1]

BMC Genomics 2003, 4:40



Bi-plot B. Biplot of the expression matrix showing only those genes having p-values lower than 0.05 in the F-test. Genes with distance-to-the-origin greater than the 70th percentile of the distance-to-the-origin distribution are shown as dotted circles. The circled dots represent the 80 differentially expressed genes identified as differentially expressed among the evaluated treatments: control (Ctrl), cold (C) and salinity (S). Solid dots represent putative false positive genes.

Fernandez *et al. BMC Plant Biology* 2008 **8**:11 doi:10.1186/1471-2229-8-11

Transcriptomic identification of candidate genes involved in sunflower responses to chilling and salt stresses based on cDNA microarray analysis

Paula Fernandez[1], Julio Di Rienzo[2], Luis Fernandez[1], H Esteban Hopp[1,3], Norma Paniego[1] and Ruth A Heinz*[1,3]

BMC Plant Biology 2008, 8:11 doi:10.1186/1471-2229-8-11

CARACTERIZACIÓN DE GENES CANDIDATOS PARA RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE HÚMEDA DEL CAPÍTULO DE GIRASOL

Lia VV, Peluffo L, Hopp E H, Vazquez Rovere C, Paniego N y Heinz, RA. Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Castelar

La podredumbre húmeda del capítulo de girasol (PHC) es la forma mas devastadora de la enfermedad causada por el hongo fitopatógeno necrotrófico *Sclerotinia sclerotiorum*, con una incidencia anual sobre la producción de la pampa húmeda del 10-20%. Debido a la complejidad de la base genética de la resistencia a este patógeno, han cobrado relevancia estrategias centradas en el estudio de los factores determinantes de la patogénesis y de las respuestas de defensa del hospedante. Las germinas (GP) y proteínas de tipo germinas (GLPs) han sido frecuentemente vinculadas con el funcionamiento de la pared celular y con los mecanismos de defensa frente a patógenos. En el caso de la podredumbre de tallo (PHT), la expresión constitutiva de una germina, el gen de oxalato oxidasa de trigo, en plantas de girasol transgénicas fue utilizada con éxito como aproximación para conferir resistencia a la invasión del hongo (1). Por otro lado, se ha descripto que la respuesta a PHT también estaría relacionada con la inducción de la síntesis de proteínas de transferencia de lípidos (LTPs), proteínas inhibidoras de poligalacturonasas (PGIPs) y defensinas (1,2,3,4). A partir del análisis de las colecciones de ESTs desarrolladas en el IB (5) se identificaron secuencias con similitud a genes de otras especies cuya función ha sido asociada con respuestas y/o defensas a estreses bióticos y/o abióticos. Entre estos candidatos se seleccionaron los transcriptos correspondientes a un gen de una proteína de tipo germina (HaGLP1) y a un inhibidor de poligalaturonasa (HaPGIP1) para validar experimentalmente su función biológica y evaluar su contribución a la tolerancia a PHC.

Objetivo: Caracterizar estructural y funcionalmente los genes candidatos HaGLP1 y HaPGIP1

Materiales y Metodos

Extensión de transcriptos mediante RACE: Se extrajo RNA total de botones florales en el estadio R3 (Trizol® , Invitrogen , USA) en dos líneas endocriadas representantes de los genotipos susceptibles (HA89) y moderadamente resistentes (RHA 801) a PHC. La extensión de los transcriptos se realizó utilizando el 5' y 3' RACE System for Rapid Amplification of cDNA ends (Invitrogen, USA) siguiendo las instrucciones del fabricante.

Análisis de Northern Blot: Se extrajo RNA total de botones florales en los estadios R1, R2, R3 (Trizol® , invitrogen , USA) de las distintas líneas susceptibles (HA89) y resistentes (HA853, RHA275, RHA801) en estudio y se los hibridó con sondas específicas marcadas radiactivamente.

Reconstrucción filogenética: las secuencias de aminoácidos fueron alineadas con el programa Mafft (6) y posteriormente convertidas en la secuencia nucleotídica correspondiente utilizando la subrutina tranalign. El análisis filogenético se llevó a cabo con el algoritmo de reconstrucción por máxima parsimonia implementado en el software TNT (7).

Resultados

El análisis de secuencia de los transcriptos obtenidos utilizando la técnica de RACE reveló la ausencia de sustituciones aminoacídicas entre líneas resistentes y susceptibles para HaGLP1 (220 aa) y una divergencia del 0,6% para HaPGIP1 (331 aa). Ambos genes candidatos presentaron un intrón al ser amplificados a partir de ADN genómico y exhibieron una población de transcriptos de longitud variable (HaGLP1: 712-886 pb; HaPGIP1: 1116-1157pb), estando la totalidad de las diferencias de tamaño restringidas a la región 3' no codificante (Figura 1).

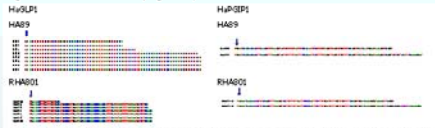


Figura 1. Análisis de secuencia de transcriptos correspondientes a la extensión mediante 3' RACE de los genes HaGLP1 y HaPGIP1. Las flechas indican la posición del codon stop.

A partir de búsquedas en bases de datos de secuencia públicas se identificaron cuatro entradas de girasol con similitud a HaGLP1 (GenBank: AJ540203 (HaGLP2); TIGR Plant GI: TC17527 (HaGLP3), 18217 (HaGLP4),, 17648 (HaGLP5) y cuatro entradas correspondientes a la especie afín *Lactuca sativa* (TIGR Plant GI: TC9227 (LsGLP1), 14591 (LsGLP3), 8238 (LsGLP4), 12192 (LsGLP5)). A fin de establecer su posición filogenética dentro de la familia de las Cupinas, las secuencias obtenidas se compararon con un conjunto de Germin y GLPs descriptas en (8) y (9). El análisis de parsimonia incluyó 35 representantes del grupo provenientes de diversas especies vegetales y dio como resultado 1 único árbol de máxima parsimonia con una longitud de 5089 pasos (Figura 2). Las cinco GLPs de girasol se distribuyen en distintos clados del árbol, indicando que cada una de ellas pertenece a subfamilias diferentes. En concordancia con esto último, la similitud nucleotídica promedio entre las GLPs de girasol es de sólo 51,6% para la región codificante, mientras que al considerar la secuencia de aminoácidos esta cifra desciende a 44%.

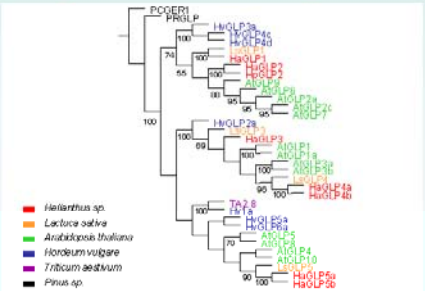


Figura 2. Arbol de máxima parsimonia obtenido en base a secuencias nucleotídicas. Los números sobre las ramas corresponden a las medidas de apoyo según el método de bootstrap (1000 replicas).

El estudio de la abundancia de transcriptos mediante la técnica de Northern Blot mostró la existencia de diferencias temporales y finales en los niveles de expresión de materiales resistentes (RHA801, RHA275, HA853) y susceptibles (HA89 (Figura 3).

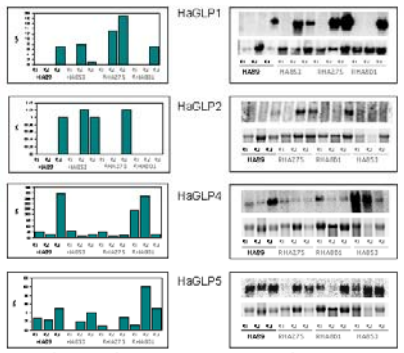
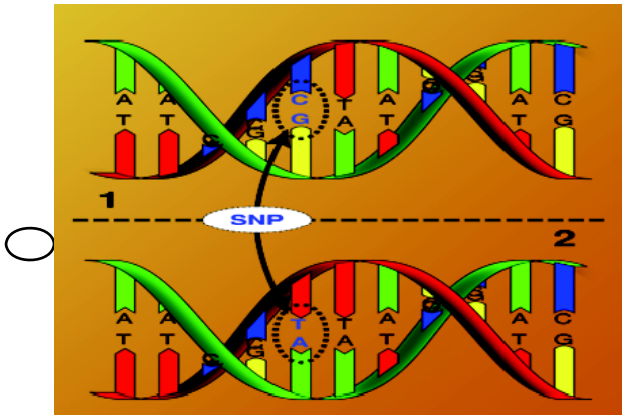


Figura 3. Análisis de expresión basado en abundancia de transcriptos en líneas endocriadas de girasol susceptible (HA89) y moderadamente resistentes (RHA275, RHA801, HA853). Hibridación con sondas radioactivas específicas correspondiente a los genes HaGLP1, HaGLP2, HaGLP4 y HaGLP5. U.A.: Unidades arbitrarias. R1, R2, R3: estadios de desarrollo del botón floral.

Conclusiones: La proteína HaGLP1 pertenece a una diversa familia multigénica cuya caracterización funcional es aún incompleta en la mayor parte de las angiospermas. La gran variabilidad exhibida por las GLPs de girasol, así como las diferencias observadas en los perfiles de expresión de líneas resistentes y susceptibles a PHC, ofrecen interesantes perspectivas para explorar las bases genéticas de la resistencia a *Sclerotinia sclerotiorum*. Las investigaciones en curso prevén la obtención de plantas transgénicas para la sobre-expresion y/o silenciamiento de los genes candidatos aquí caracterizados a fin de evaluar su desempeño en ensayos de desafío frente al patógeno.

1. Hu y col. (2003) Plant Physiol. 133:170-81.
2. Regente y col. (1997). Physiol. Plantarum 100: 170-182.
3. Regente y col. (2000) Physiologia Plantarum 110: 958-961.
4. Urdangarin et al. (2000). Plant Physio. Biochem. 38: 263-268
5. Fernández et al. (2003) BMC Genomics 4:10.
6. Katoh K. et al. (2002). Nucleic Acids Res. 30:3059-66.
7. Goloboff et al. T.N.T: Tree Analysis using New Technology, program and documentation available at:www.zmuc.dk/public/phylogeny.
8. Zimmerman et al. (2005). Plant Physiol 142: 181-92.
9. Carter et al. (1998). Carter et al. Plant Mol. Biol. 38:929-949.

Diversidad nucleotídica



SNPs InDel

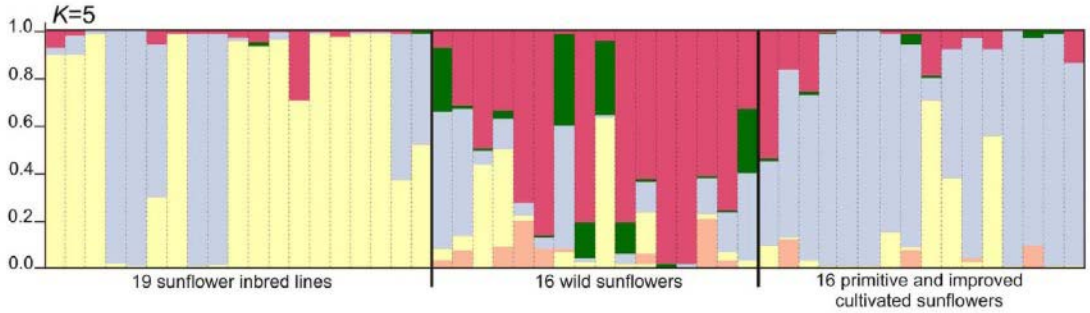


Figure 1
Population structure in sunflower inbred lines. Dash lines separate each individual, which is partitioned in K coloured segments that represent the individual's estimated membership fractions in K clusters. Black lines separate individuals from different groups. First group is composed by the 19 sunflower inbred lines (in order from left to right: HA52, HA61, HA89, HA292, HA303, HA369, HA370, HA821, HAR2, HAR3, HAR5, KLM280, PAC2, RHA266, RHA274, RHA293, RHA374, RHA801 and V94); the second and the third group are the individuals studied by Liu and Burke [46]. The inbred-lines group has mostly contributions of two clusters (yellow and light-blue).

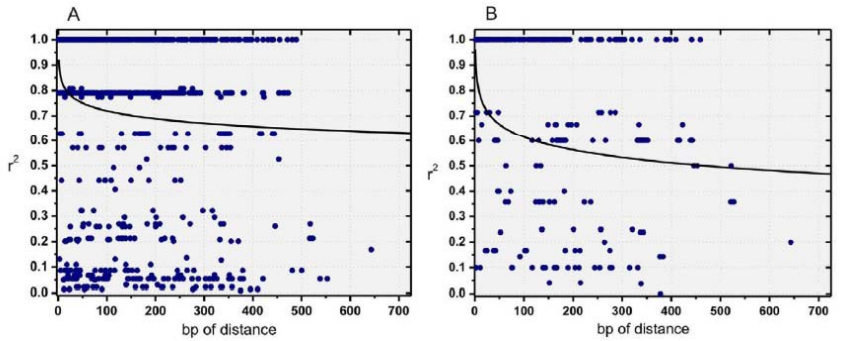


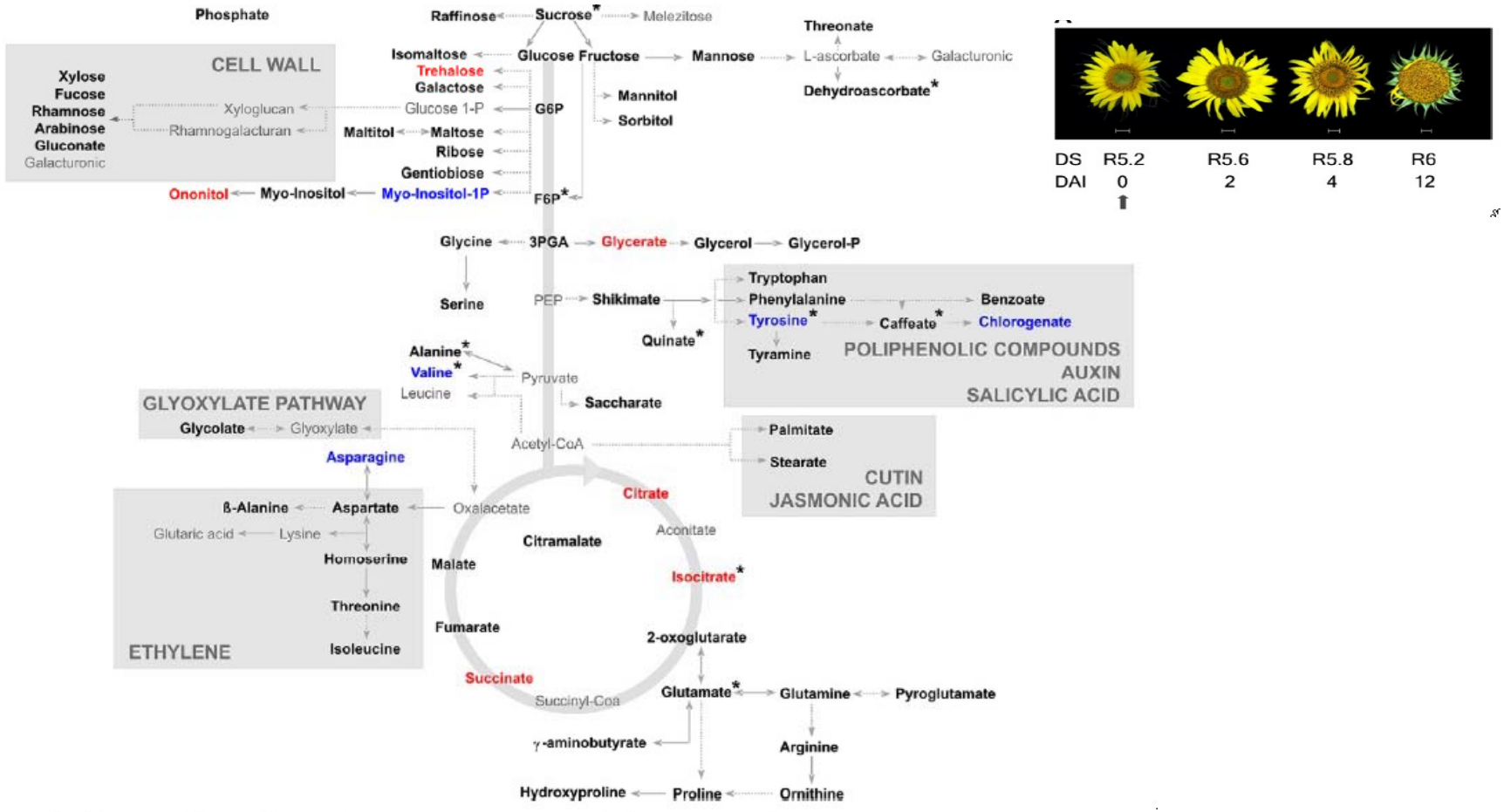
Figure 2
Linkage disequilibrium. A: LD plot from 24 genes pooled together for the 19 inbred lines. The logarithmic trend line reaches a value of 0.64 at 643 bp. **B**: LD plot from the whole gene data calculated for the G1 subset of individuals identified in the STRUCTURE analysis (HA52, HA61, HA89, HA370, HAR3, HAR5, KLM280, PAC2, RHA266, RHA274, RHA293 and RHA374).

Identification of Single Nucleotide Polymorphisms and analysis of Linkage Disequilibrium in sunflower elite inbred lines using the candidate gene approach

Corina M Fusari[1], Verónica V Lia[1,2], H Esteban Hopp[1,2], Ruth A Heinz[1,2] and Norma B Paniego*[1]

BMC Plant Biology 2008, **8**:7 doi:10.1186/1471-2229-8-7

Genómica funcional-metabolómica

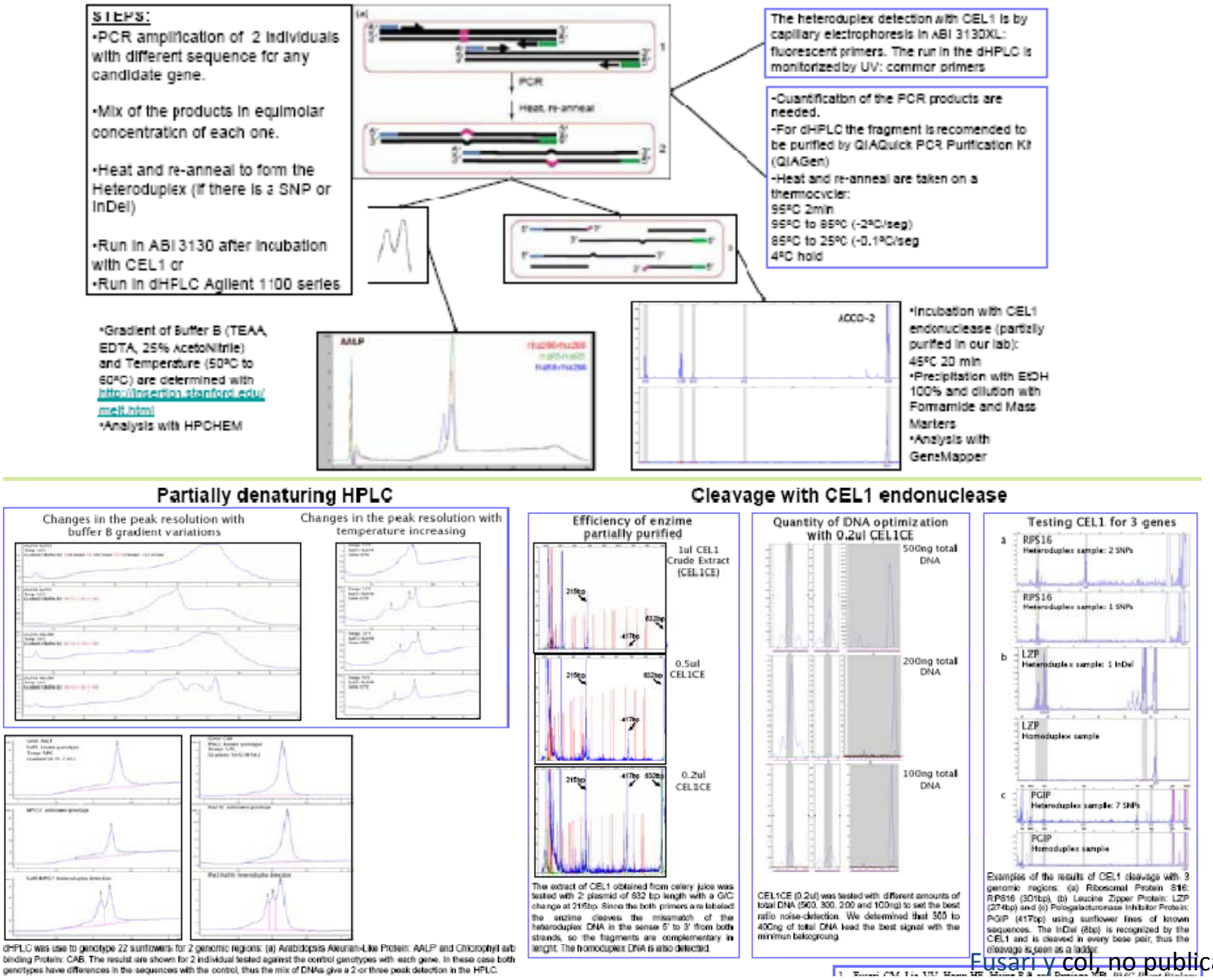


Metabolic profiles of sunflower genotypes with contrasting response to *Sclerotinia sclerotiorum* infection

Lucila Peluffo [a,b], Verónica Lia [a,b,c], Carolina Troglia [d], Carla Maringolo [d], Paniego Norma [a,b], Alberto Escande [d], H. Esteban Hopp [a,c], Anna Lytovchenko [e], Alisdair R. Fernie [e], Ruth Heinz [a,b,c,*], Fernando Carrari [a,b,*,1]

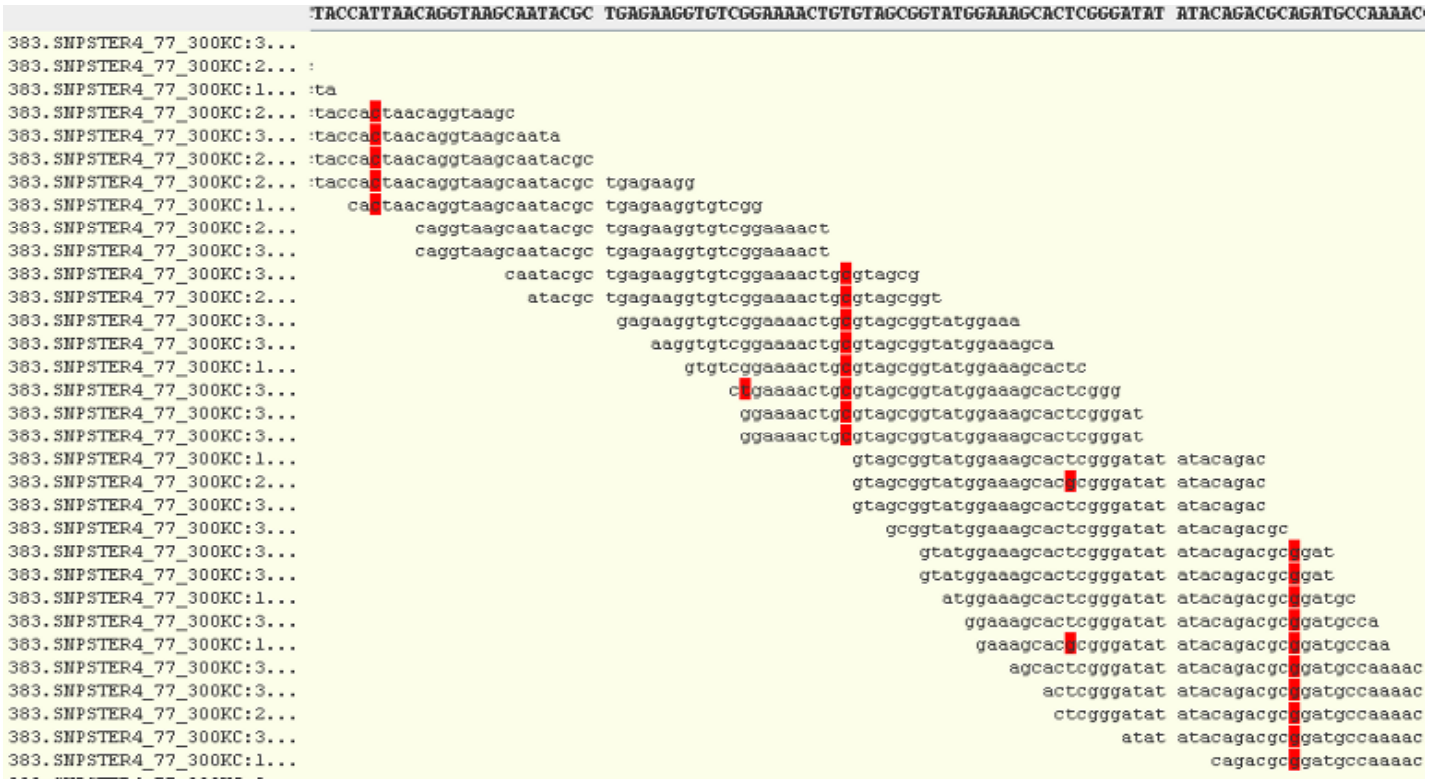
Phytochemistry 71 (2010) 70–80

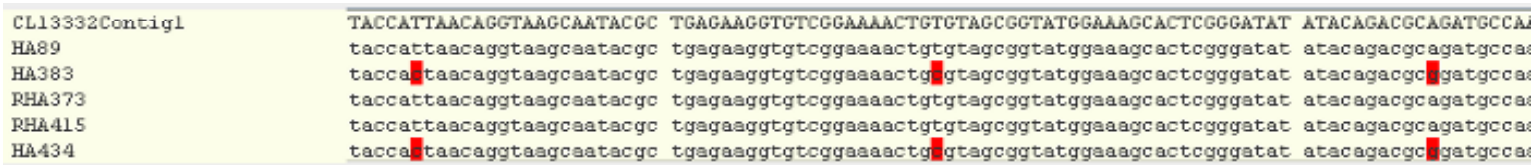
Métodos de genotipificación de alto procesamiento para SNPs



Fusari y col, no publicado

SNP Discovery by Massively Parallel Transcriptome Resequencing in Sunflower and Development of a Bioinformatic Pipeline and Database for Mining and Displaying SNPs in Next-Generation Sequence Assemblies

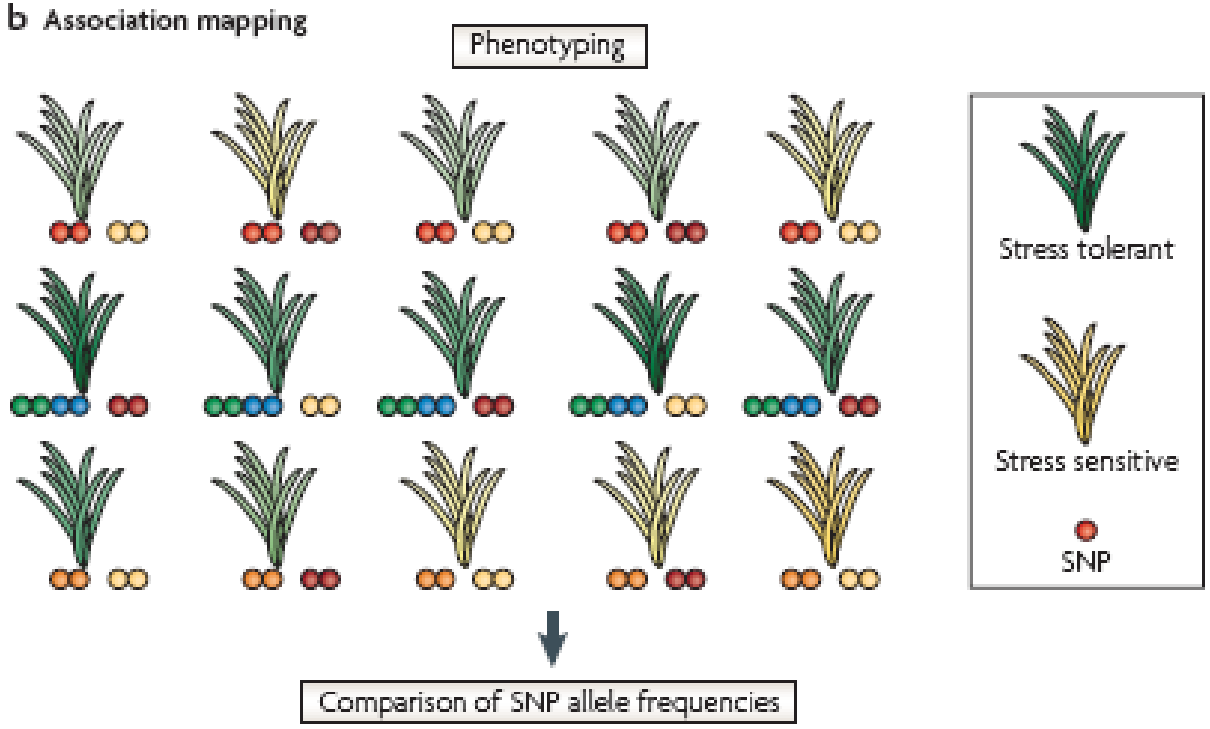




The top figure shows an alignment of reads from the genotype ‘HA383’ with three distinct positions of variation from the consensus unigene sequence. Our interface can compile the reads for each genotype into a genotype consensus sequence (bottom figure) and more easily demonstrate properties such as haplotypic agreement among collections of genotypes. 77,820 SNPs among 17,638 unigenes

Realizar Mapeo por Asociación

Aproximación genómica para encontrar alelos (genes) involucrados en un carácter agronómico



.

Utiliza la variación tanto fenotípica como genotípica en un conjunto de individuos que pueden o no estar relacionados.
Ej. Poblaciones naturales o colecciones de germoplasma

Realizar Mapeo por Asociación

Estrés Biótico

Tolerancia a la Podredumbre Húmeda del Capítulo (PHC)

134 líneas

16-02/17-03 banco de germoplasma

Caracterización fenotípica

Evaluación a campo **EEA Balcarce**
Campañas 2008/2009 y 2009/2010

- Incidencia de la enfermedad
- Severidad
- Período de incubación

Caracterización molecular

Polimorfismos SNPs e INDELs en Genes candidatos, **IB**.

Análisis de la estructura poblacional mediante SSRs, **IB - EEA Manfredi**

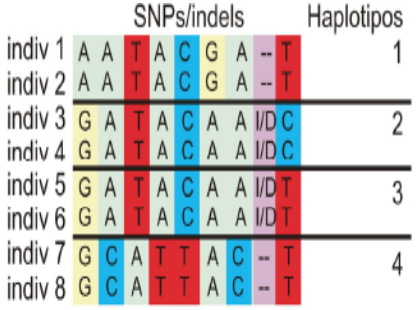


Figura 4.2. Determinación de Haplotipos a partir de sitios SNPs.

Sitios SNP encontrados en una región de 263 nt. Cuatro haplotipos pueden distinguirse a partir de estos sitios (1, 2, 3, 4). Para el análisis de asociación, en lugar de hacer nueve comparaciones, el número se reduce a menos de la mitad al considerar haplotipos (4). Tomado de Rafalski (2002).

Realizar Mapeo por Asociación

Tolerancia a la Podredumbre Húmeda del Capítulo (PHC)

Caracterización molecular

Polimorfismos SNPs e INDELs en Genes candidatos

Genes Candidatos (≈20)

I. Transcriptos de expresión aumentada en estudios de interacción entre *Sclerotinia* y uno de sus huéspedes (*Brassica napus*) (Zhao y col. 2007)

↓

Búsqueda de ortólogos en girasol ≈ 38

↓

Amplificación y secuenciación = 25

Evaluación del polimorfismo = 15 (8) (secuenciación 10 líneas)

II. Transcriptos diferencialmente expresados en capítulos de la línea tolerante RHA801 a los dos días post-inoculación ≈ 17 (Peluffo y col. póster)

↓

Amplificación

↓

Evaluación del polimorfismo ≈ 12 (secuenciación 10 líneas)

Realizar Mapeo por Asociación

Tolerancia a la Podredumbre Húmeda del Capítulo (PHC)

Caracterización molecular

Polimorfismos SNPs e INDELs en Genes candidatos

Genotipificación
(3 individuos por línea)

Secuenciación

métodos de detección de heterodúplex mediante dHPLC
(Oefner y Underhill. 1998)

Resolución de fragmentos de distinto tamaño mediante electroforesis capilar en sec. automático

Posibles abordajes para el mapeo por asociación.

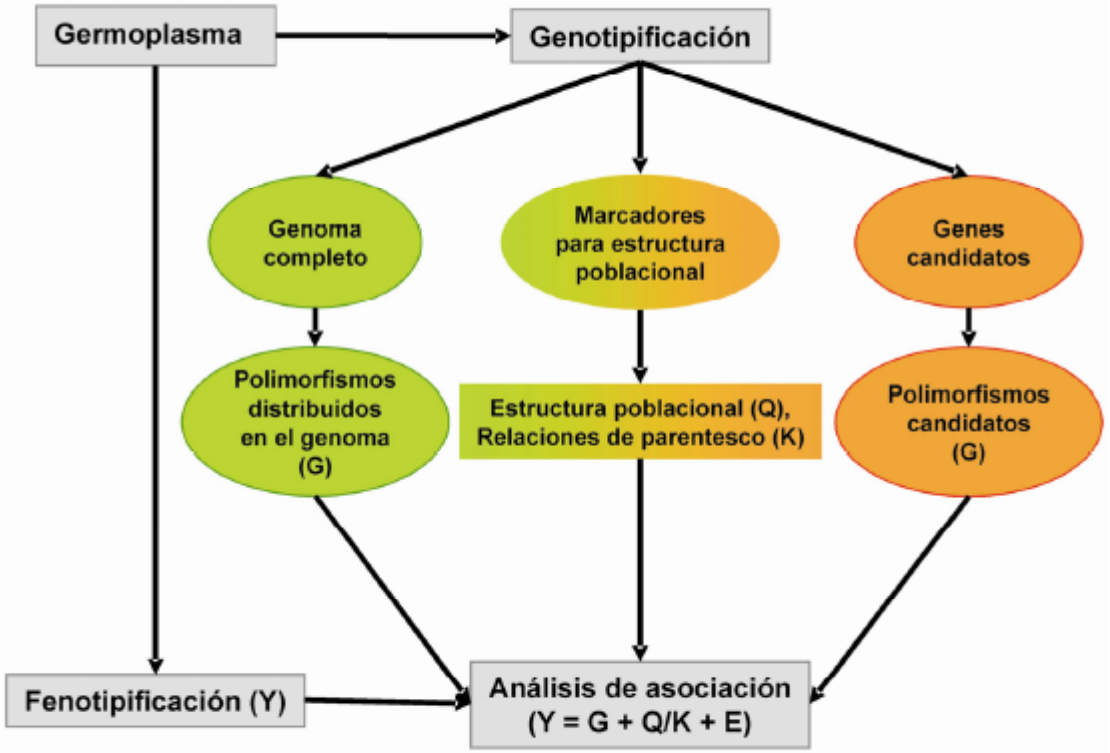


Figura 4.1. Posibles abordajes para el mapeo por asociación.

Componentes del mapeo por asociación: el germoplasma, la fenotipificación, la genotipificación y el análisis de asociación. Tanto para la estrategia de **genoma completo** (verde) como para la de **genes candidatos** (naranja) se obtiene un conjunto de polimorfismos (G). En ambos casos se realiza la inferencia de estructura poblacional (Q) y de las relaciones de parentesco (K) utilizando un conjunto independiente de marcadores moleculares.

El modelo estadístico del análisis de asociación intenta explicar la variación fenotípica (Y) en términos de la variación alélica (G), teniendo en cuenta la estructura y/o relaciones de parentesco de la población en estudio (Q y/o K). Un factor de error (E) completa el modelo.

C Fusari, Tesis Doctoral UBA 2010

INTEGRANTES DEL GRUPO DE TRABAJO

IB INTA Castelar

Fusari, CM
Lia, VV
Nishinakamasu, V
Zubrzycki, J
Puebla, AF
Heinz, RA
Paniego, NB
Hopp, HE

EEA INTA Balcarce

Troglia, C
Maringolo, C
Quiróz, F
Escande, A

EEA INTA Manfredi

Moreno, V
Gieco, J
Álvarez, D