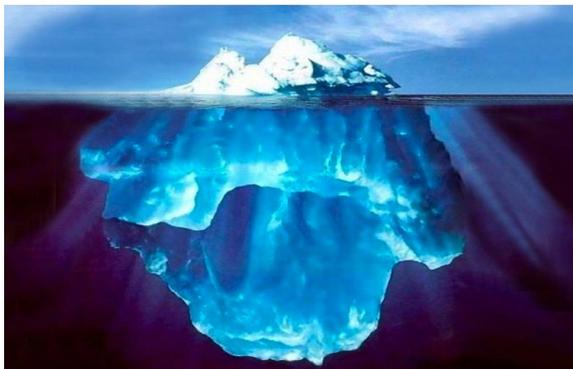


Lógica y Conceptos

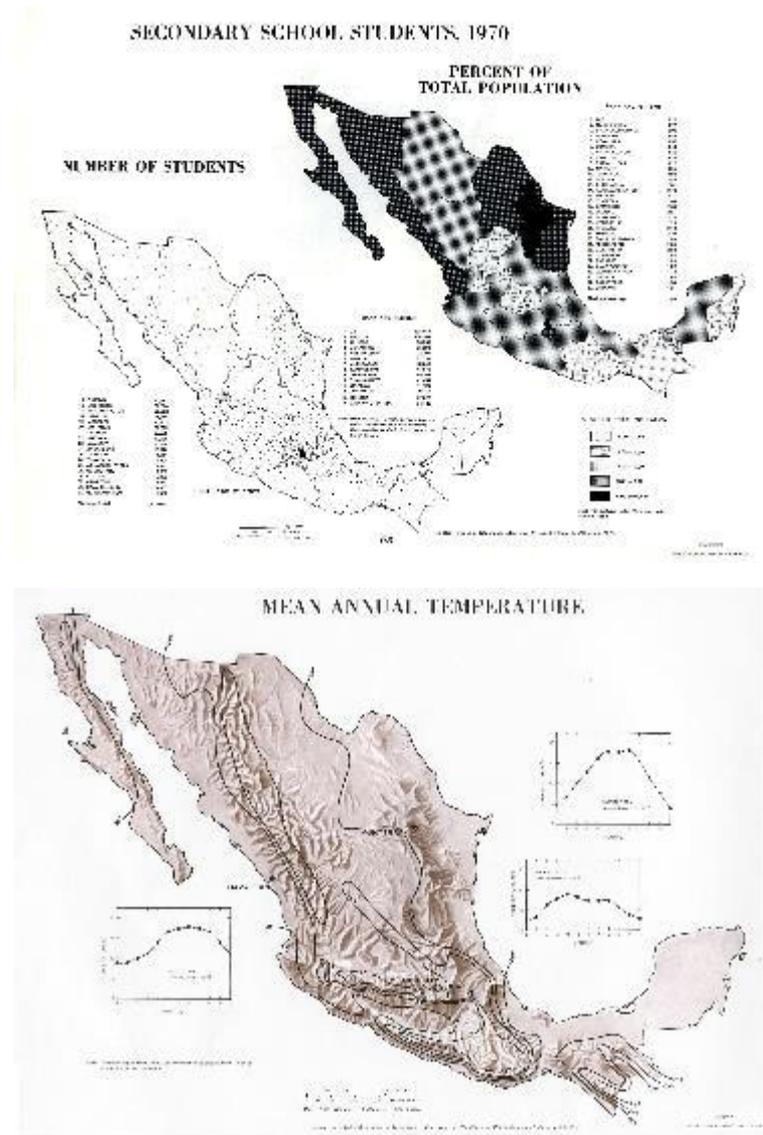
Una amplia proporción de la **variación genética valiosa** – la materia prima del mejoramiento de cultivos – **permanece oculta** en las repisas de los bancos de germoplasma, **justo cuando los retos para la producción de cultivos se vuelven más grandes**

- No existe una manera eficiente de estudiar la **totalidad** del germoplasma e identificar lo **más útil** para el mejoramiento: líneas y variedades nativas
- Para la mayoría de las accesiones sólo se dispone de “datos de pasaporte”– quién, dónde -localidad-, país, cuándo; y, en muchos casos, aún estos datos están incompletos.



Lógica y Conceptos

- El Atlas Molecular es una plataforma de información y conocimiento
 - ▶ El tema en común son los datos genotípicos
 - ▶ Permite hacer comparaciones entre materiales a un nivel molecular
- ¿Por qué se usan datos genotípicos?
 - ▶ Es una fuente de datos menos sesgada – menor interacción genotipo por ambiente que sigue la información
 - ▶ Es el método de caracterización con el costo más bajo - \$, tiempo, en comparación con la evaluación fenotípica de los caracteres de interés para los fitomejoradores

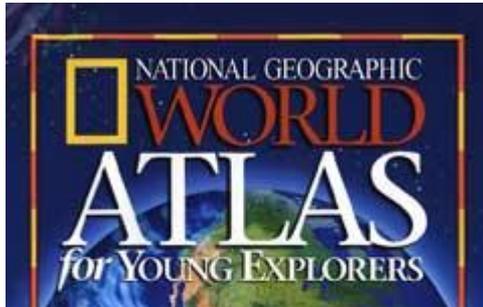


Lógica y Conceptos

- ¿Por qué “Atlas”?
 - ▶ Los Atlas nos ayudan a visualizar
 - » Diferentes tipos de datos
 - » Tendencias o patrones
 - » Puntos de interés

 - ▶ Es un recurso “en línea”
 - » Actualizado con regularidad
 - » Información nueva
 - » Se pueden realizar búsquedas y consultas

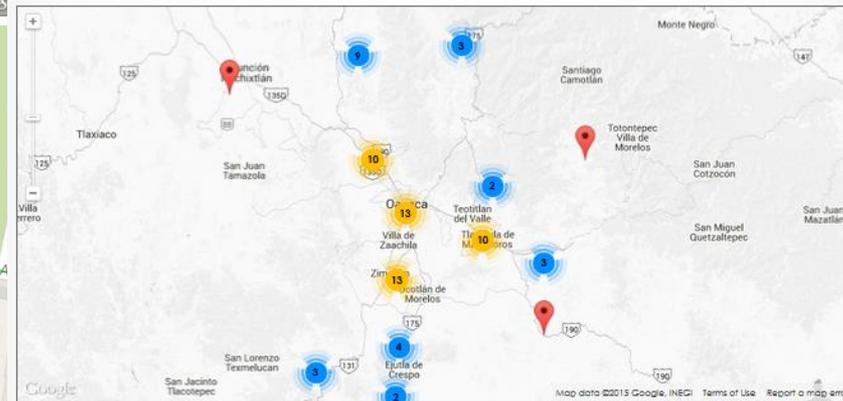
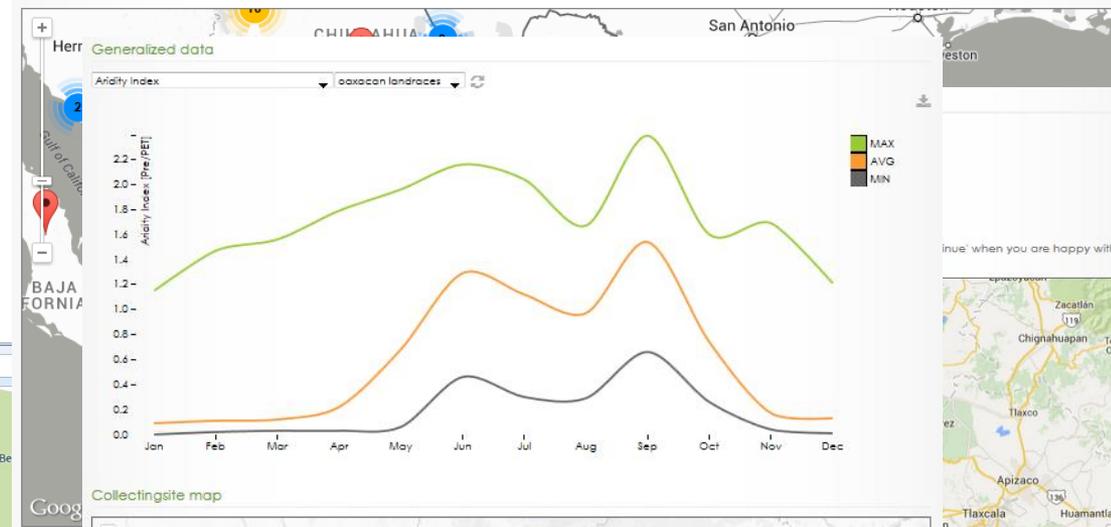
Lógica y Conceptos



https://www.google.co.uk/maps/@19.4345607,-99.1411418,18z/data=!5m1!1e1?hl=en

Traffic: Fast — — — Slow

Google it = Gugléalo!



Color-coded detailed data

Id	Collsite	Jan	Feb	Mar	Apr	May	Jun	Jul	Aug	Sep	Oct	Nov	Dec
144	AGUA DEL SOL	0.02	0.02	0.04	0.16	0.90	1.59	1.45	1.15	2.29	1.04	0.04	0.03
394	ANIMAS TRUJANO	0.00	0.02	0.05	0.18	0.82	1.25	0.99	0.80	1.44	0.75	0.05	0.01
911	BOCA DE LEON	0.08	0.08	0.09	0.15	0.63	1.18	0.87	0.79	1.55	0.60	0.12	0.10
1086	CACAOATEPEC	0.05	0.07	0.09	0.20	0.64	1.13	0.97	0.73	1.26	0.64	0.12	0.09
1531	CENTRO ZACHILA	0.01	0.02	0.04	0.15	0.71	1.17	0.81	0.87	1.62	0.63	0.05	0.01
2230	CUAJIMOLOYAS	0.15	0.20	0.20	0.27	0.71	1.90	2.04	1.47	2.29	1.21	0.35	0.27
2231	CUAJIMOLOYAS	0.15	0.20	0.20	0.27	0.71	1.90	2.04	1.47	2.29	1.21	0.35	0.27

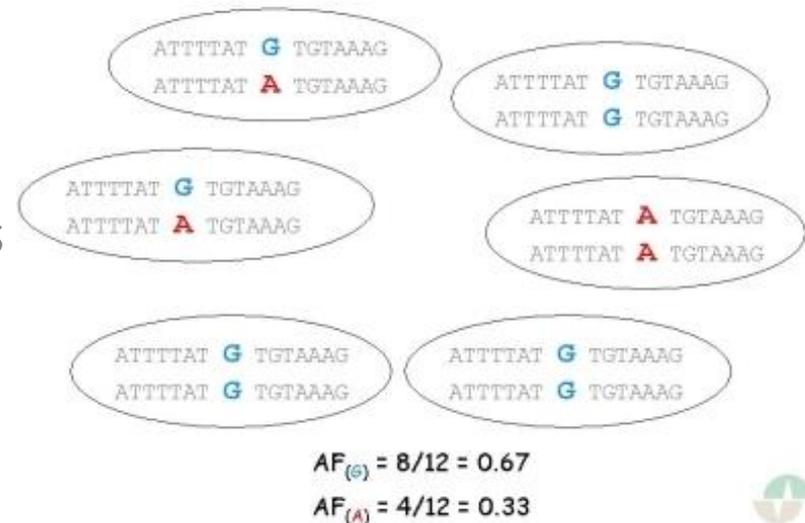
of origin	Distance [km]
	5.30
	12.19
	17.24
	19.48
	20.05

Avances

- MasAgro Biodiversidad ha genotipificado la colección de Maíz del Banco Internacional de Germoplasma del CIMMYT, usando un enfoque de Genotipificación por Secuenciación (GbS) especialmente diseñado.
 - ▶ Variedades nativas
 - ▶ Variedades
 - ▶ “Compuestos” y poblaciones
 - ▶ Líneas élite

- 1 millón marcadores moleculares

Conjuntos de datos están siendo cargados en un repositorio de acceso libre



Avances

File Edit View History Bookmarks Tools Help

SeeD Maize Catalog

germinate.seedsfordiscovery.org/maize/#categorical-datasets

from areas with high aridity indices are likely to have higher frequencies of genes and alleles that confer adaptation to such environments. Information generated as part of the GIS analysis of CIMMYT accessions with good collection data are also available in the Maize SeeD Catalog. Seed increases for more than 1,000 accessions is on-going, with phenotypic evaluation planned for 2013-2015.

External datasets

Germinate 3 SeeD Maize Database

germinate.seedsfordiscovery.org/maize/#categorical-export

generated by the Flapjack binning utility.

ors. If you modified the color scale in your copy of Flapjack, these colors may be different to the

Equal-width binning

The data will be binned into a set number of equal-width bins.

Number of bins:

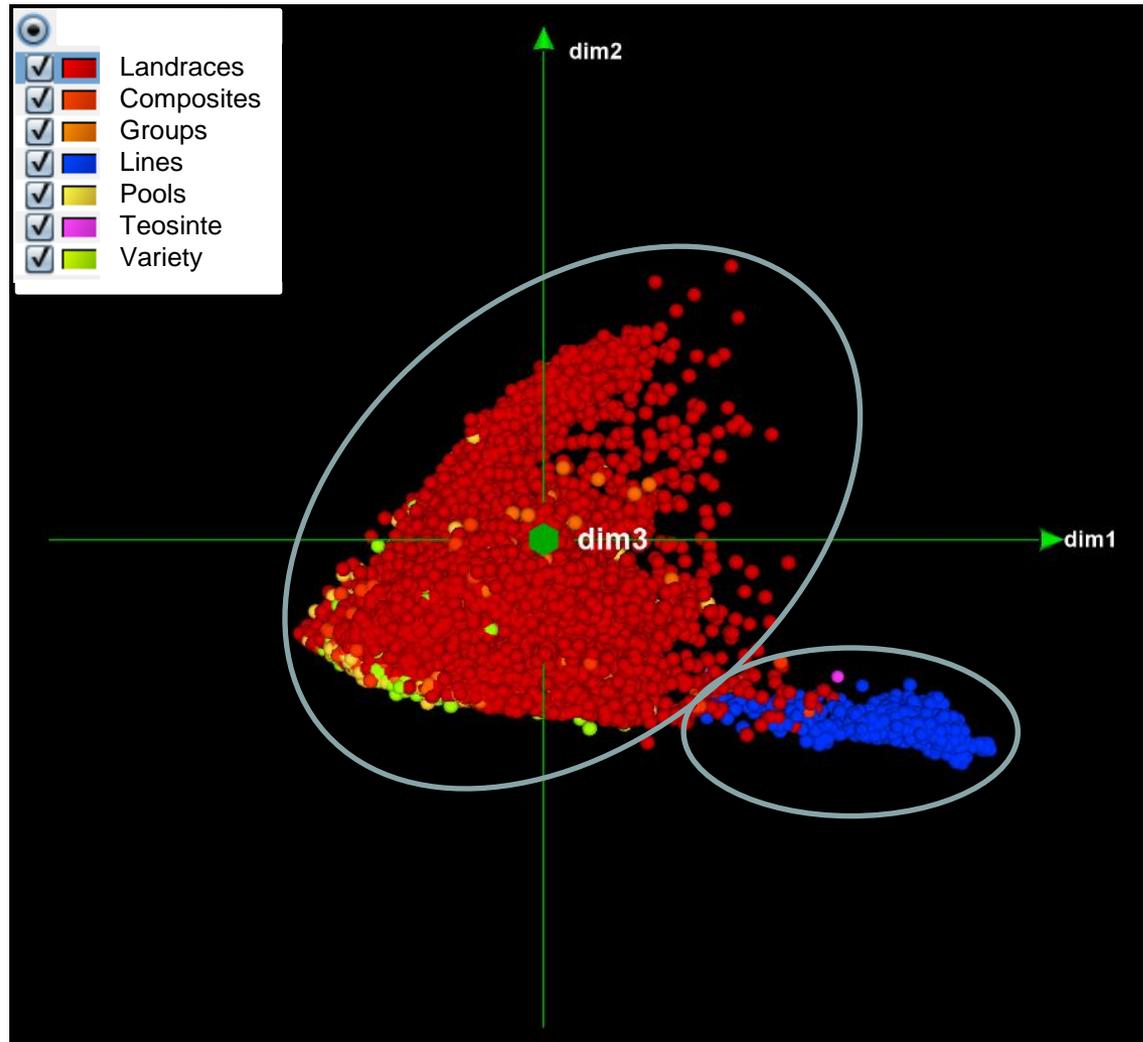
29 phenotype: Adaptation-to-low-levels-of-nitrogen_2012B_Agua-Fria_Puebla

30 phenotype: Yield_2012B_Amoloaya- Flowering time BLUPs for Yield_2012B_Amoloaya- Martha Willcox 09/01/2013 573

¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

Similaridad genética

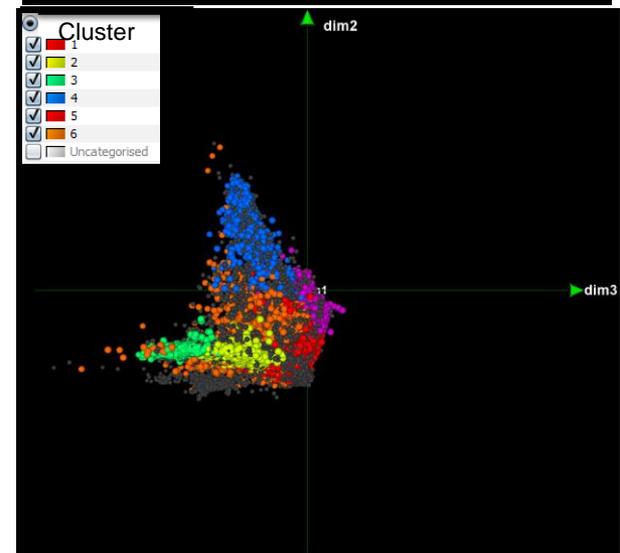
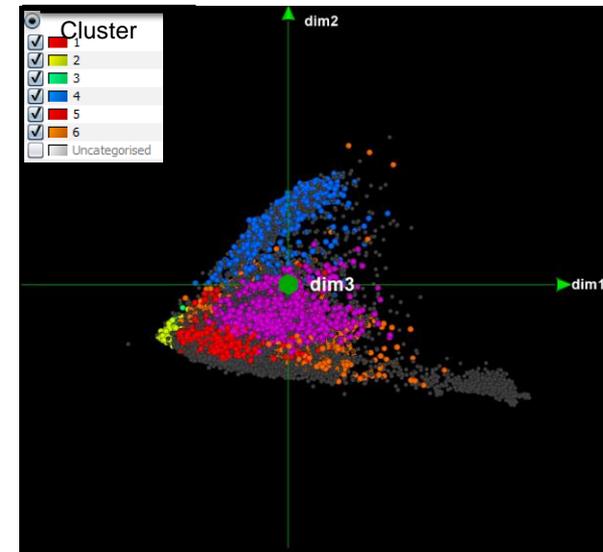
- Las líneas elite están muy lejos de las variedades nativas
- Existe mucho más variación genética en variedades nativas que en líneas elite
- Una gran parte de la variación genética “se deja” en los estantes de los bancos de germoplasma



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

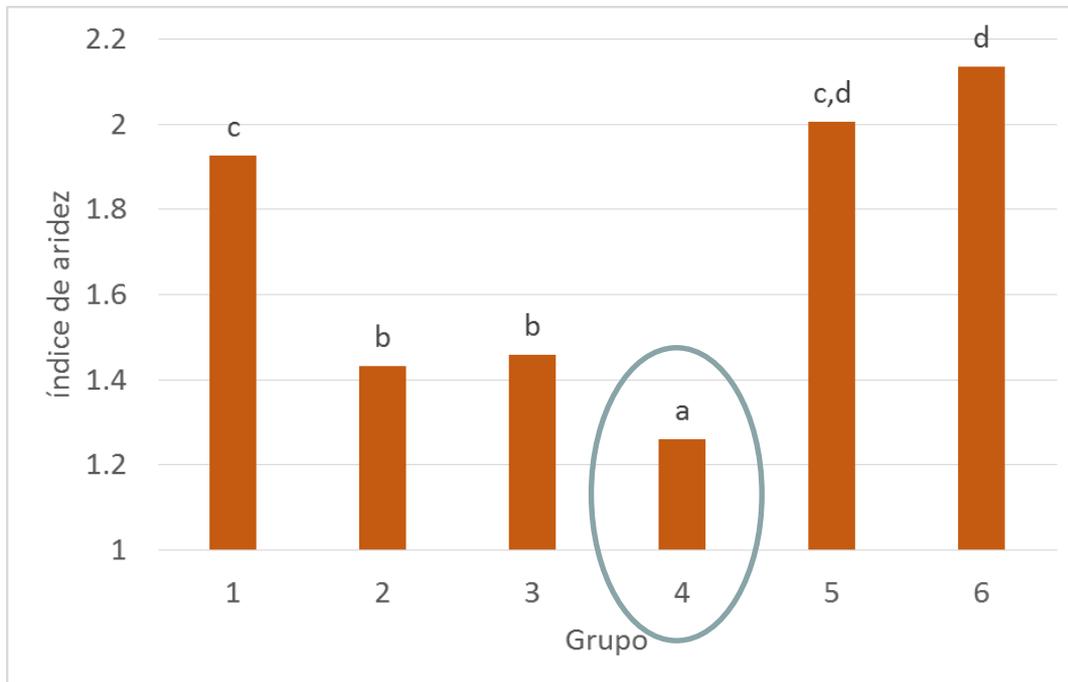
Nuevas fuentes de caracteres y alelos (genes) de alto valor

- **Sequía:** 9954 variedades nativas provienen de ambientes con sequía recurrente durante la floración.
- El análisis genético con datos genotípicos indica que estas variedades nativas forman **seis distintos grupos principales**.



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

- Los seis grupos provienen de ambientes significativamente diferentes: Todos los ambientes son secos, pero algunos más secos que otros –lo que sugiere un patrón de adaptación genotípico–



Todos son secos

El grupo cuatro es el más seco

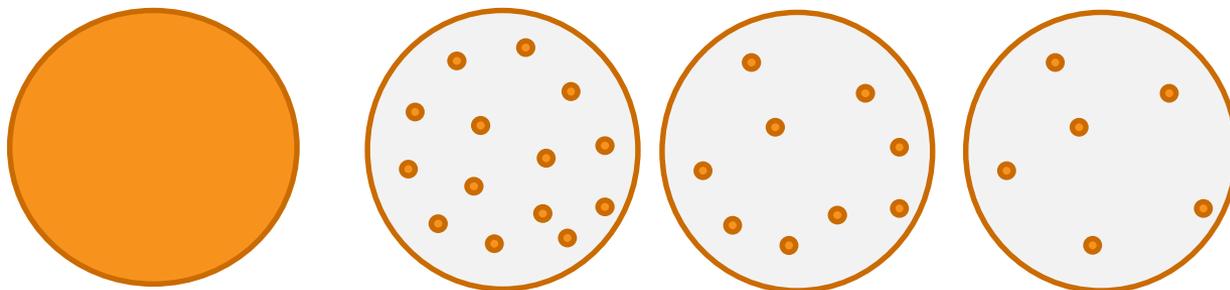
El grupo cuatro corresponde a Valles Altos.

¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

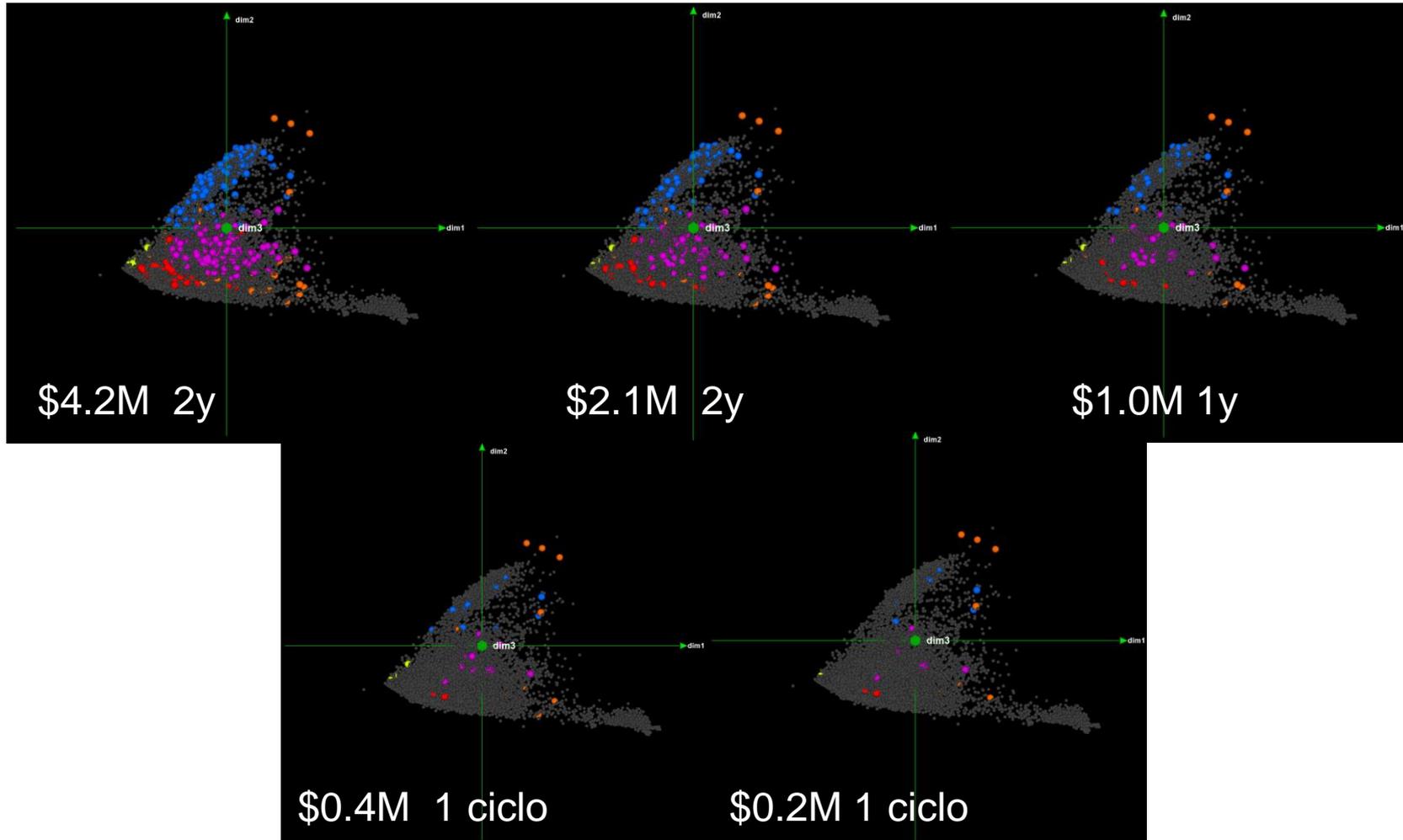
- Se pueden seleccionar otras variedades nativas que tienen pocos datos de pasaporte pero que son similares a otras accesiones del mismo grupo para las que sí se dispone de información.
 - ▶ Usar la “similaridad” como una aproximación a su adaptación potencial.

9,924 Variedades nativas – es impráctico fenotipificar todas (>\$42M, 8 años)

- Conformar conjuntos de accesiones dirigidas a los fitomejoradores
 - ▶ La mayor diversidad en la menor cantidad de accesiones que sea posible
 - ▶ Conjuntos anidados de 1000, 500, 250, 100 y 50 accesiones, las cuales puedan ser evaluadas por los fitomejoradores – todas las accesiones en el conjunto de 50 están en el conjunto de 100, etc.



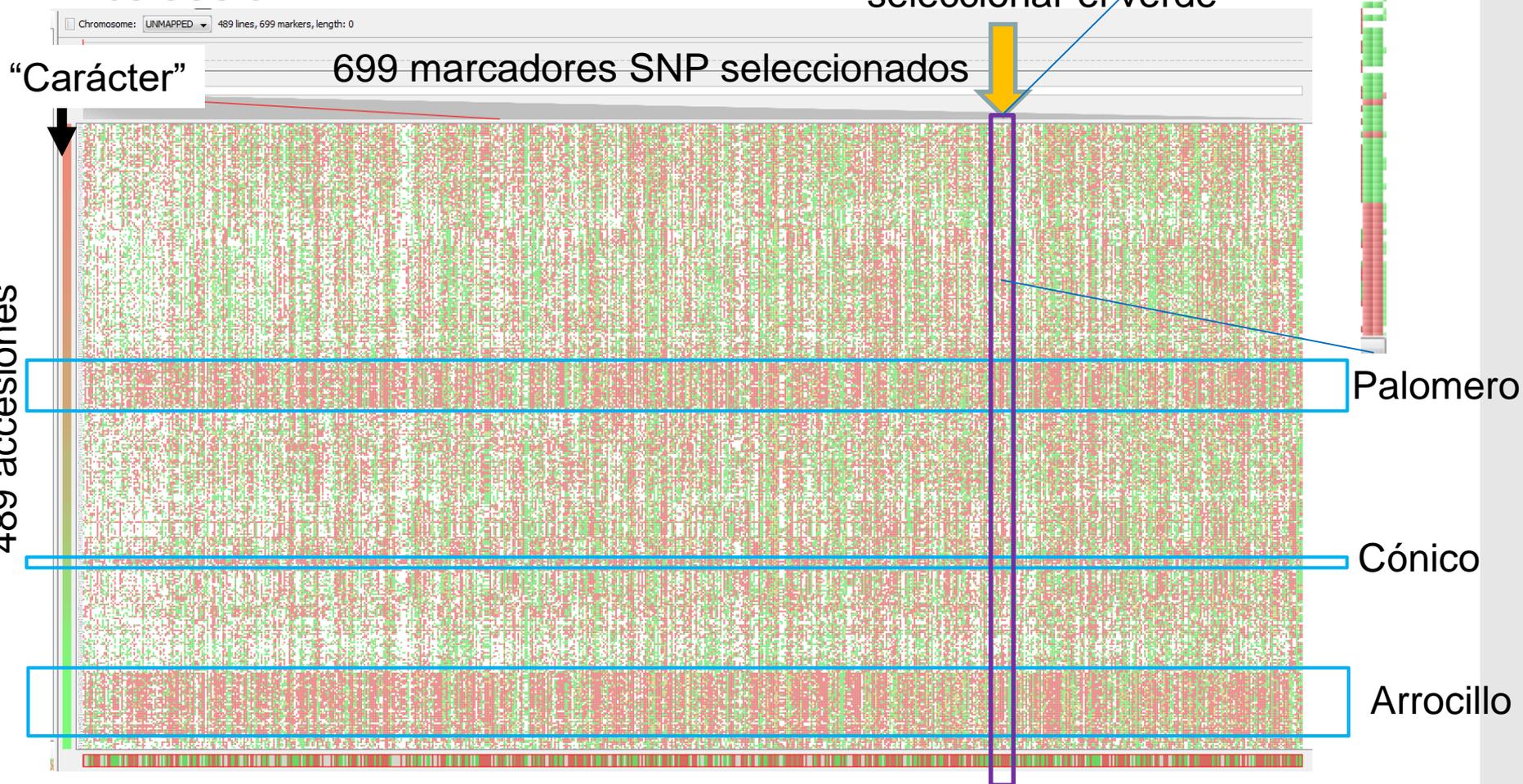
¿Qué puede hacerse con la información obtenida?



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

- Buscar las “huellas” dejadas por la selección

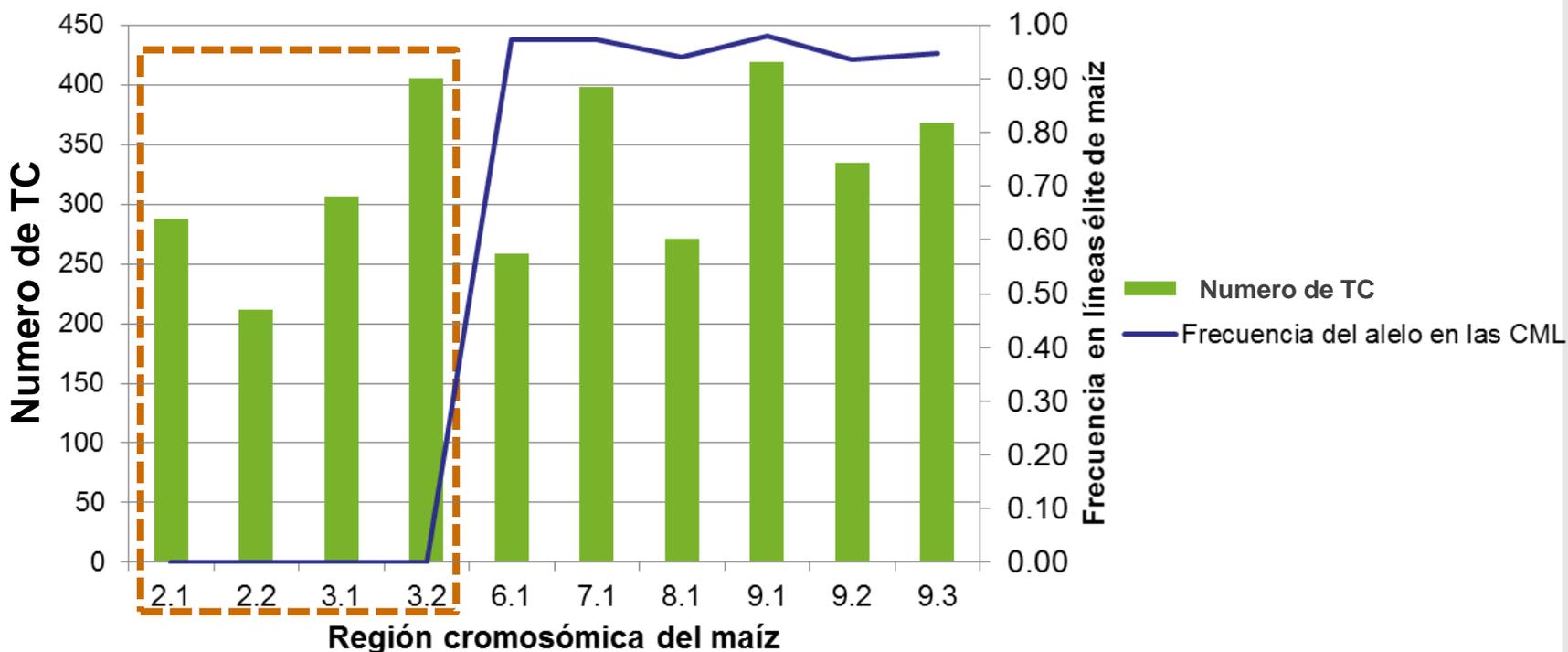
Gen de interés
seleccionar el verde



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

Propuestas potenciales-

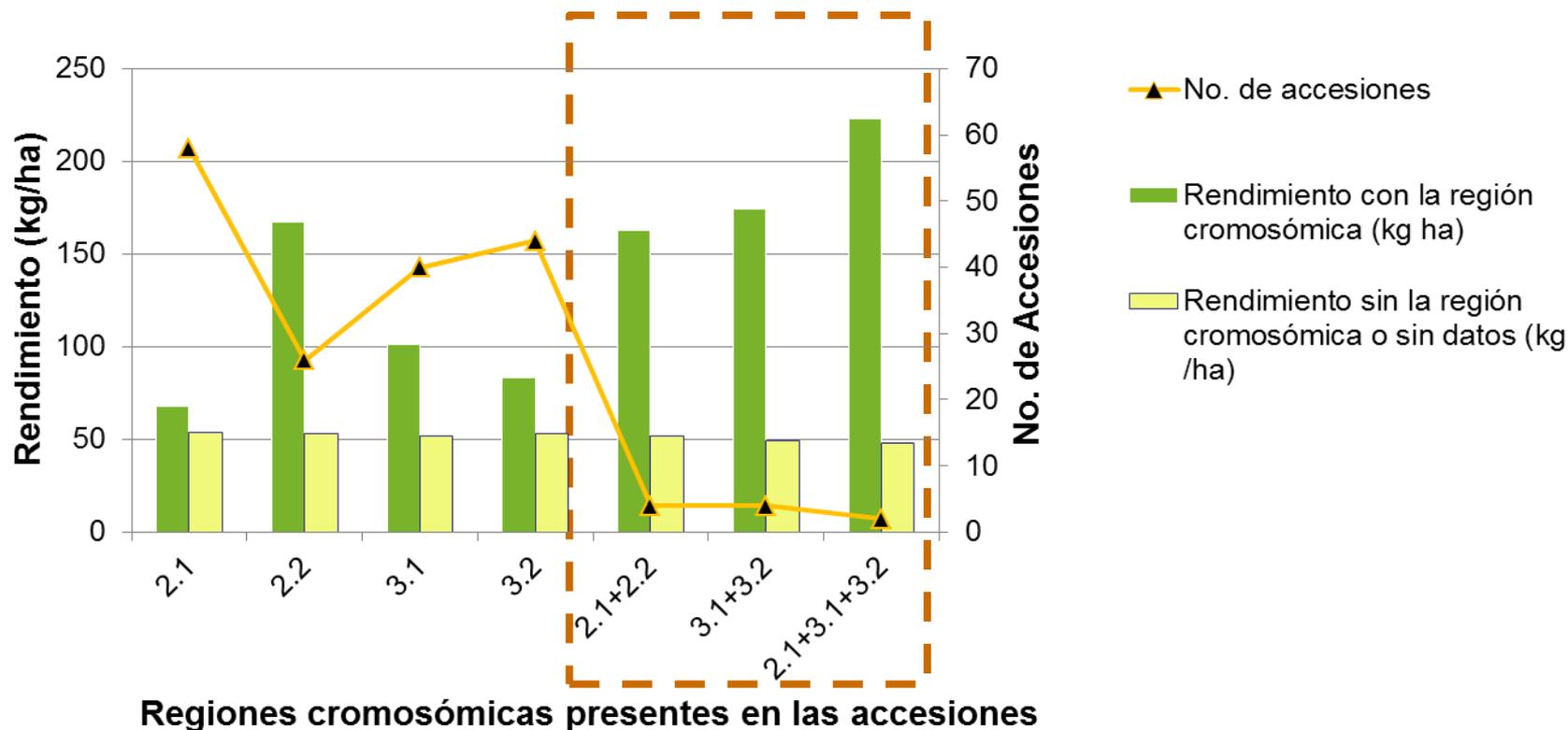
- Revisar si los alelos “nuevos” están o no en el germoplasma mejorado
 - ▶ CML, líneas públicas y particulares (privadas)



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

Propuestas potenciales

- Seleccionar accesiones con el número más grande de alelos favorables



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

Propuestas potenciales

- Identificar accesiones del banco de germoplasma con alelos favorables
 - ▶ Es una gran fuente de resistencia a las enfermedades pero tiene grano harinoso, se acama y tiene 4.5m de altura.
 - ▶ Encontrar otras accesiones con los mismos alelos favorables pero que estén mejor adaptadas
 - ▶ Encontrar un maíz **Pepitilla** como este que los agricultores usan en la localidad X y que además tenga alelos de tolerancia a la Mancha de Asfalto

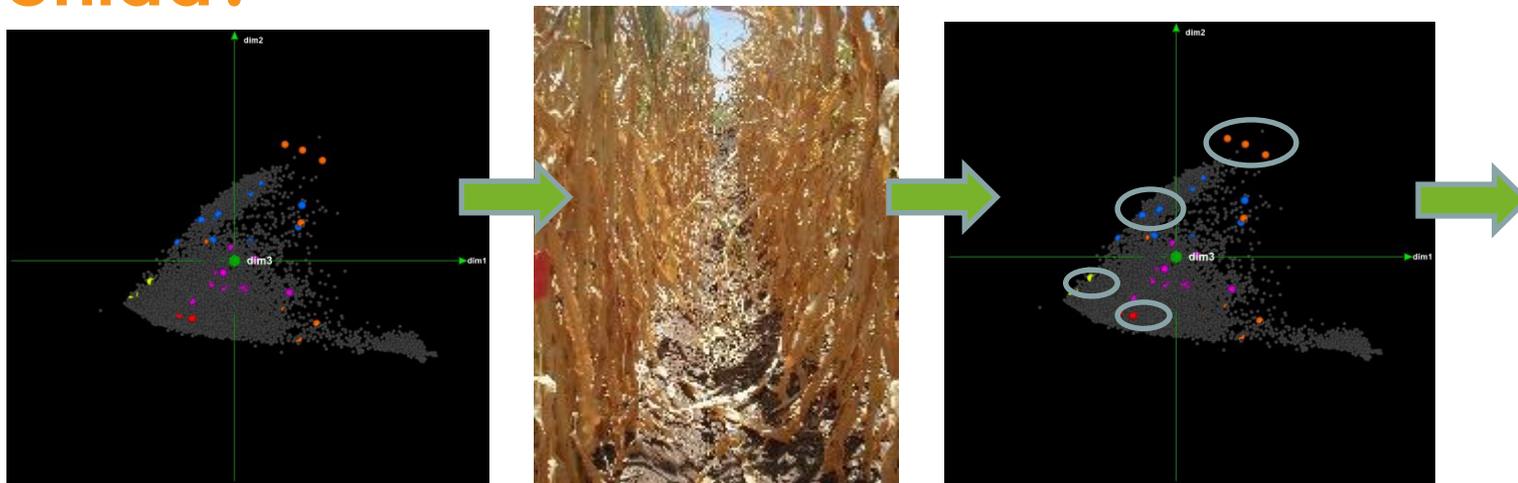


¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

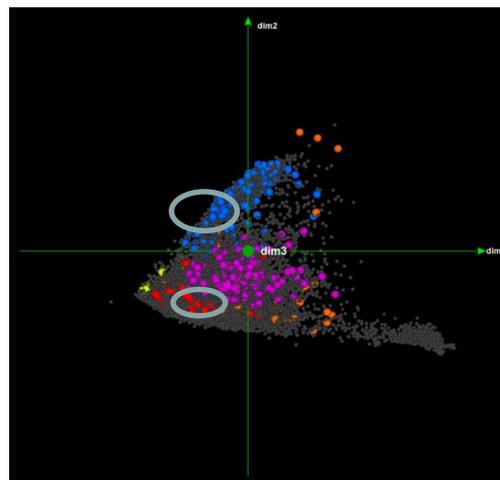
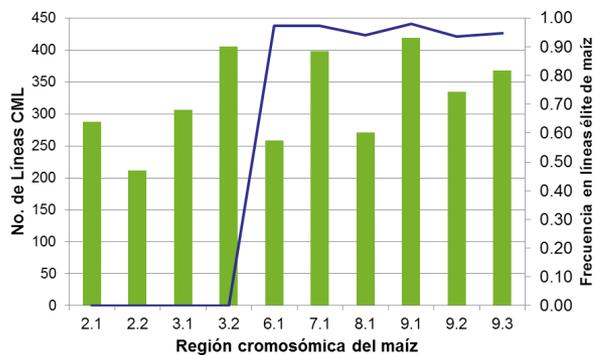
Propuestas potenciales

- Encontrar accesiones del banco de germoplasma de alto valor potencial
 - ▶ Para su ambiente objetivo en particular
 - ▶ Que contenga un conjunto de alelos con efectos conocidos en su carácter de interés
 - ▶ Similar a su *línea* favorita
 - ▶ Que tenga tolerancia a sequía
 - » e.g

¿Qué puede hacerse con la información obtenida?



Mejoramiento



¿Qué puede hacerse con la información obtenida?

Propuestas potenciales

- Encontrar materiales genéticos públicos (e.g. líneas endogámicas) con las características que necesito, y que inyecten diversidad “nueva” a mi programa de mejoramiento
 - ▶ No solo variedades nativas – líneas élite públicas y donadores
 - ▶ e.g. adaptación sub-tropical, madurez intermedia, grano cristalino, resistente a *turcicum*, resistente a sequía y diferente a mis líneas progenitoras
- Identificación de la raza de materiales “desconocidos”
- Otras

Atlas Molecular

“Un marco de referencia para permitir la identificación del mejor germoplasma”

