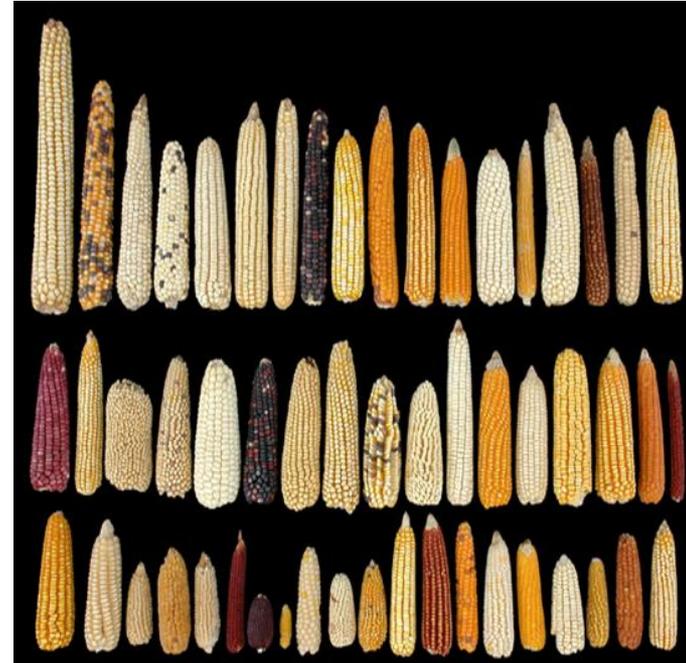


# “Identificación, Exploración y Utilización de la Diversidad Genética en los Procesos de Fitomejoramiento”

César Petrolí - CIMMYT

[c.petroli@cgiar.org](mailto:c.petroli@cgiar.org)

# Diversidad Genética



# Seeds of Discovery

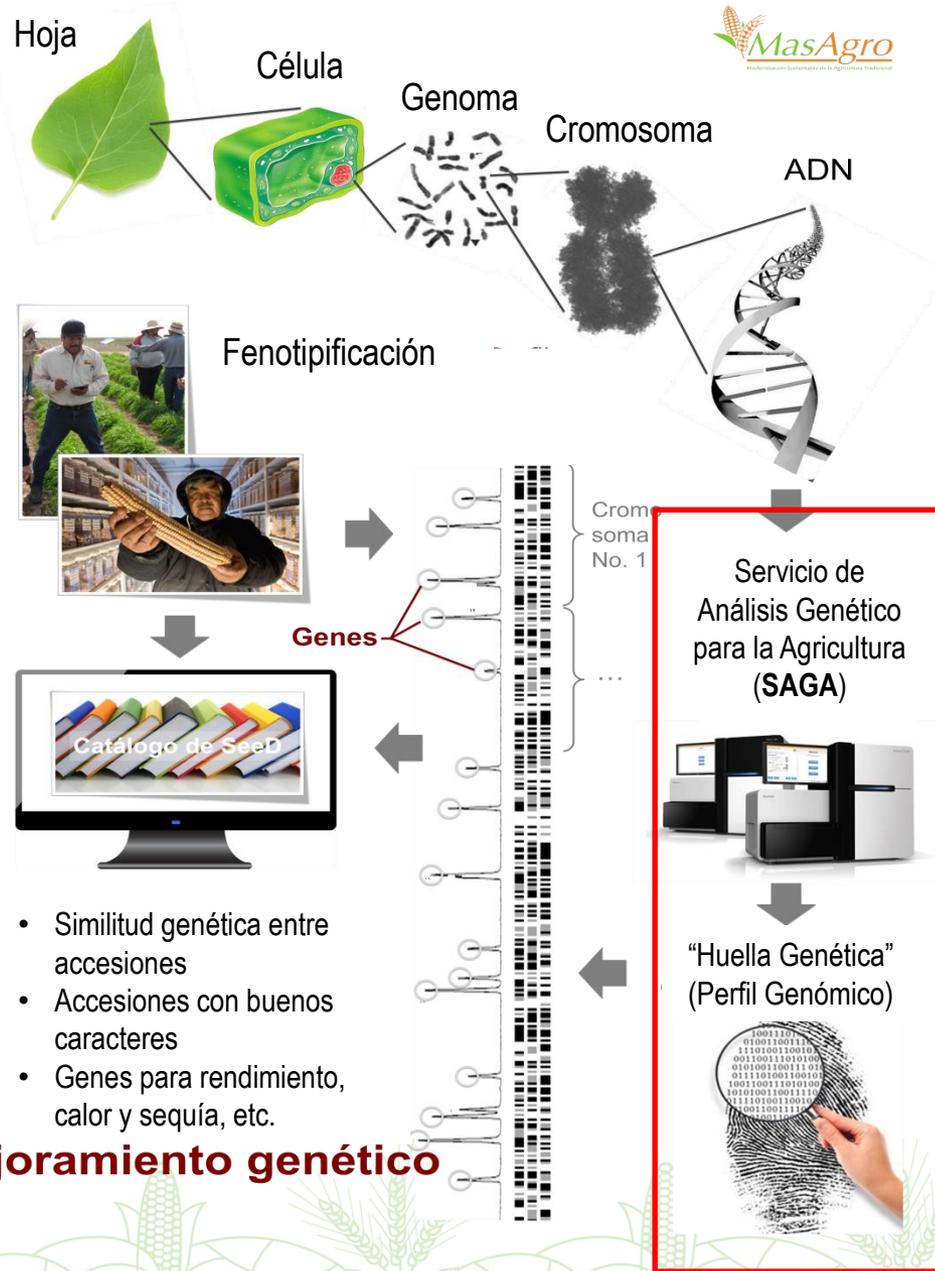
## "Buscando agujas en un pajar de diversidad genética"

Antes  
SeeD



Después  
SeeD

# Caracterización Genómica – MasAgro Biodiversidad



- Similitud genética entre accesiones
- Accesiones con buenos caracteres
- Genes para rendimiento, calor y sequía, etc.

**Mejoramiento genético**

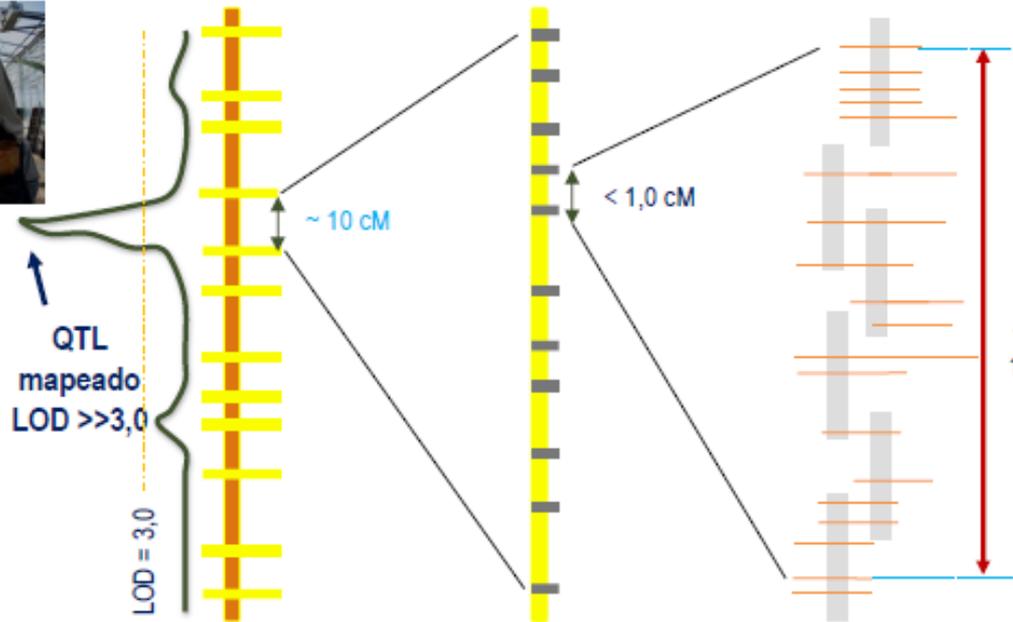
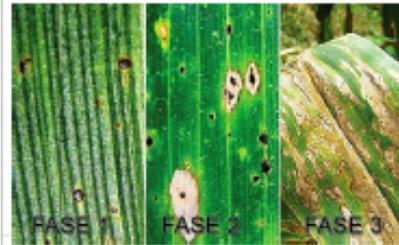
Fenotipado en población segregante

Mapa genético (SSR, AFLP, RAPD)

Mapa genético de alta resolución (DArT, SNPs)

Mapa físico trilla mínima (*Fingerprinting* de BAC)

Identificación y validación del gen-alvo



Mapeo de genes candidatos derivados de análisis de bioinfo o QTLs de expresión

Mapeo de asociación (*whole genome scan*, genes candidatos)

Sequenciación *shotgun* de baja cobertura y anotación

Tests funcionales vía transformación genética (complementación, superexpresión, silenciamiento)

# Abordaje de genética directa (*forward genetics*) de fenotipos a genes

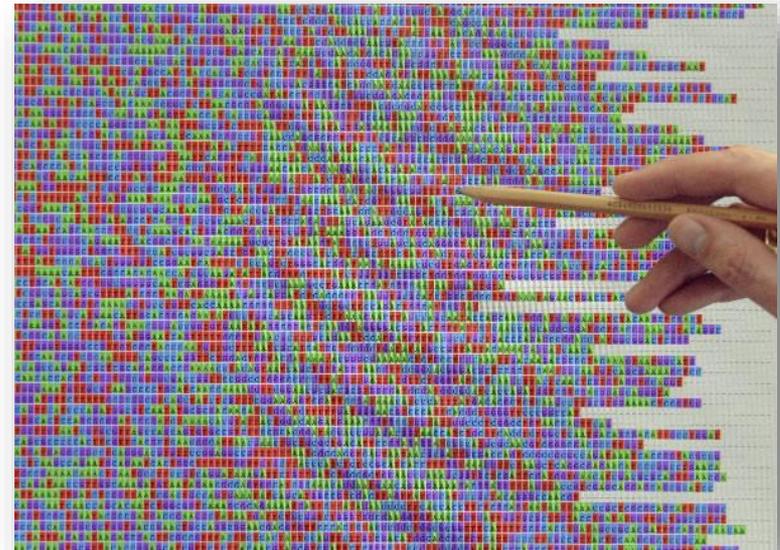
# Nueva visión: del gen individual a perfiles genómicos



- Los marcadores moleculares se usan para:
  - ◆ Entender la diversidad de plantas
  - ◆ Identificar, rastrear y seleccionar regiones genómicas que contribuyen a características de interés
  - ◆ Predecir fenotipos utilizando perfiles genómicos
- Tecnologías previas limitaban la captura de gran proporción de la variabilidad genética



- La rápida reducción de los costos de secuenciación NGS permitieron la evolución de nuevas plataformas de genotipificación, marcadores SNP de alta densidad, mapas genéticos, etc.



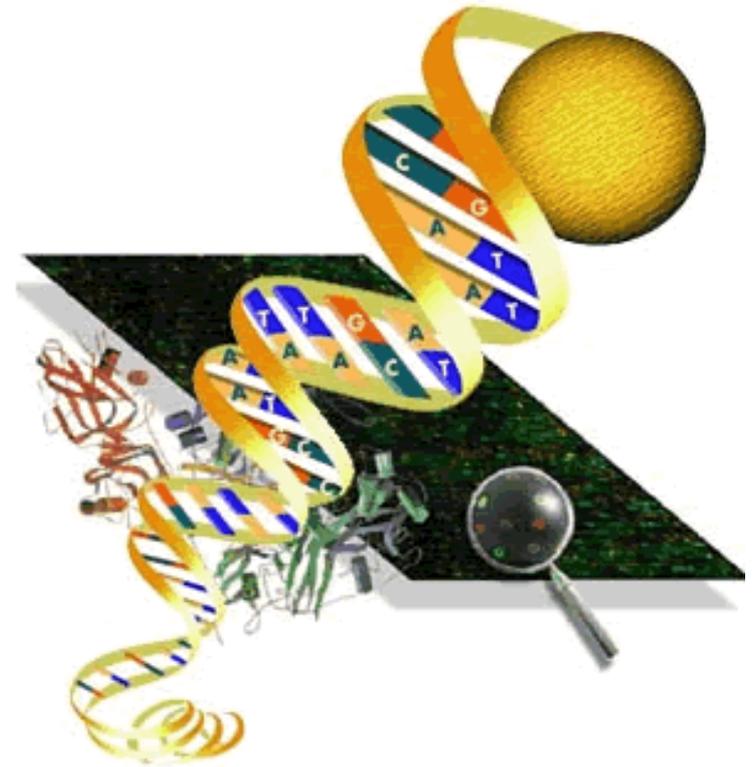
# SAM requiere tecnologías de genotipificación que sean:

- ✓ **ACCESIBLES:** Bajo Costo por *data point*, y por muestra
- ✓ **ROBUSTAS:** Reproducibles, Transferibles
- ✓ **COBERTURA GENÓMICA:** Flexible de acuerdo con la aplicación
- ✓ **ALTO RENDIMIENTO:** Miles de Marcadores para Miles de Muestras



# Qué es la Genotipificación usando Secuenciación?

Es un sistema altamente multiplexado que identifica decenas a centenas de miles de marcadores moleculares, a partir de representaciones genómicas reducidas y valiéndose de plataformas de secuenciación de última generación (NGS).



# SAGA – Servicio de Análisis Genético para la Agricultura

Plataforma de Genotipificación de Alto Rendimiento usando la tecnología DArTseq

para cualquier cultivo

- Proyectos colaborativos maíz
- Proyectos colaborativos trigo
- Demanda creciente

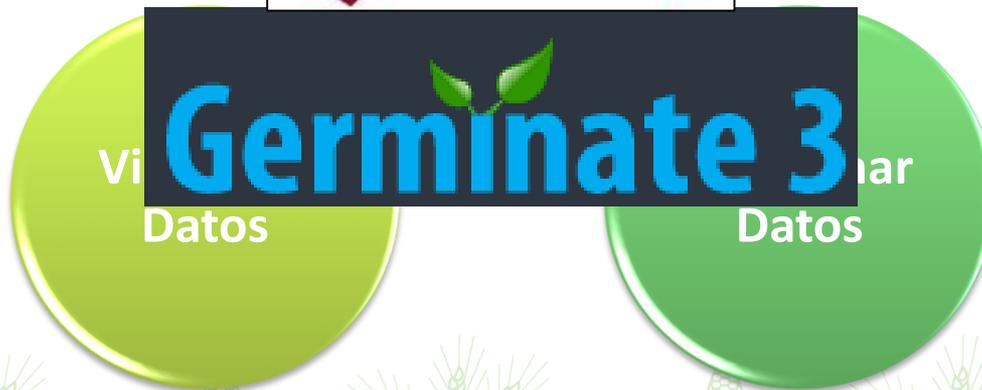
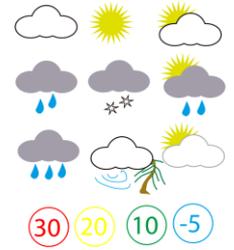
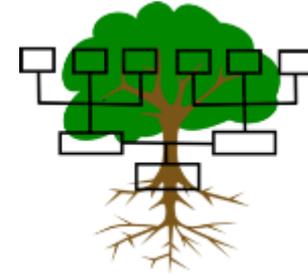
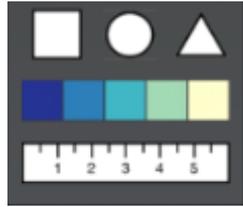
**Más allá del servicio de genotipado, un servicio de Colaboración:**

- ✓ Alta calidad de marcadores DArTseq (SNP's) y SilicoDArT (PAV's)
- ✓ 20% de replicas técnicas (sin costo extra)
- ✓ Tiempo de entrega de datos: ~ 3-4 semanas
- ✓ Soporte o asesoramiento en el diseño de genotipos y la interpretación de datos
- ✓ Blast en diferentes genomas y posición en mapas genéticos de consenso



Permitir el uso  
efectivo de los  
recursos genéticos







Fuente: <http://thelasttemptationofthejota.mx>

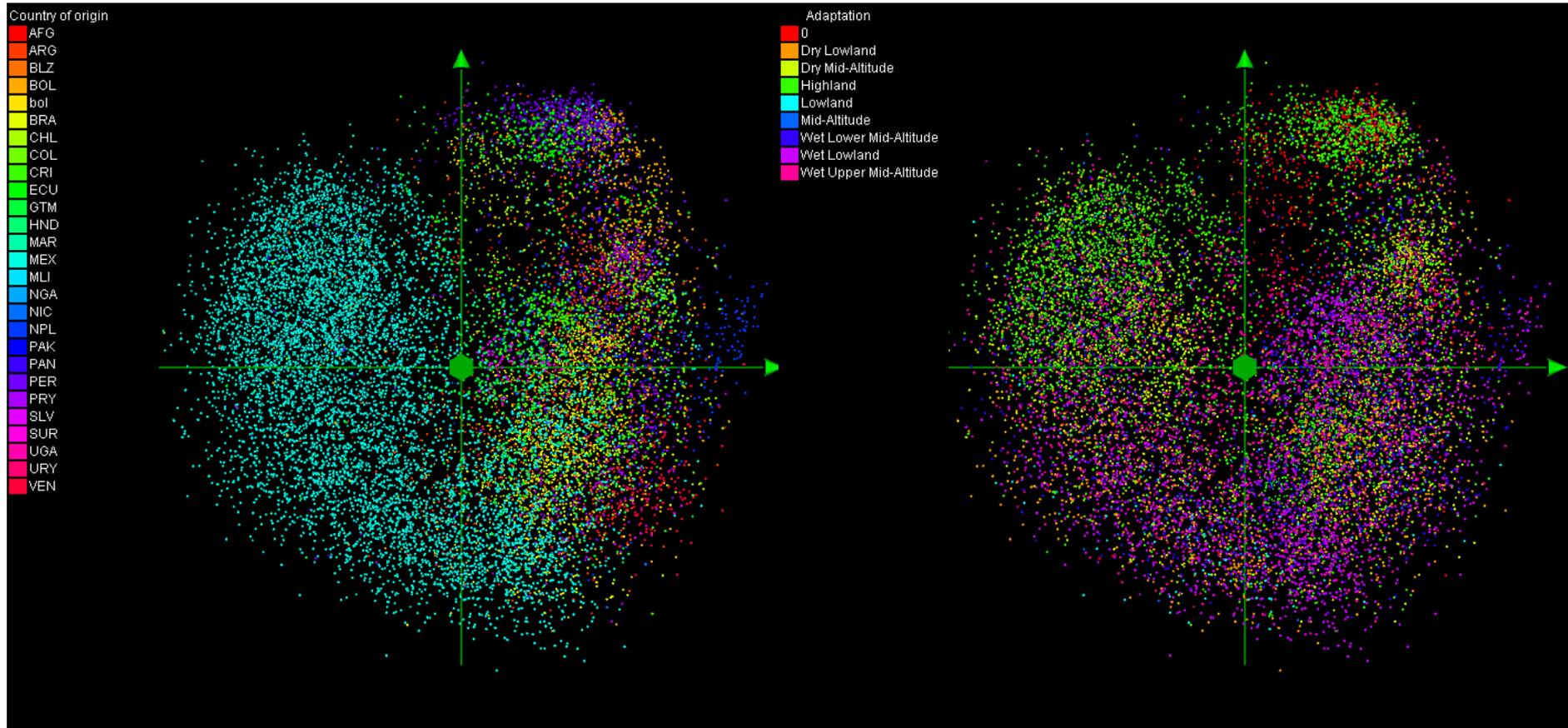


Fuente: <http://www.fogonazos.es>





# Diversidad dentro del Banco de Germoplasma de Maíz de CIMMYT



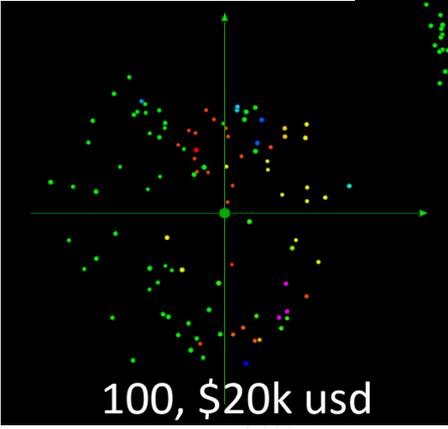
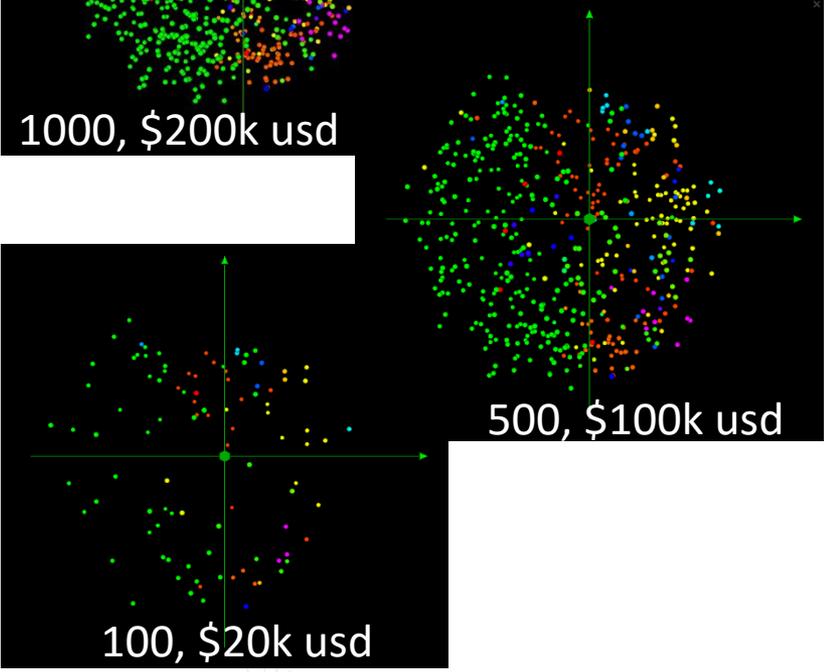
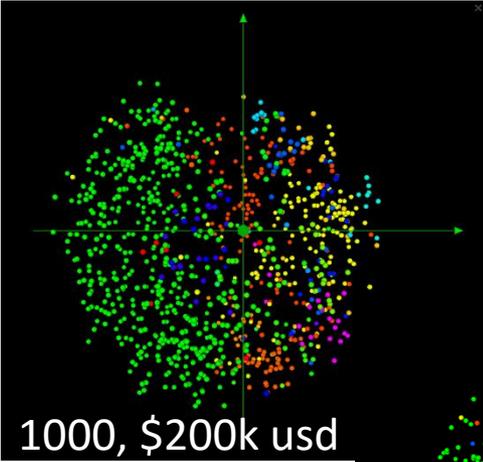
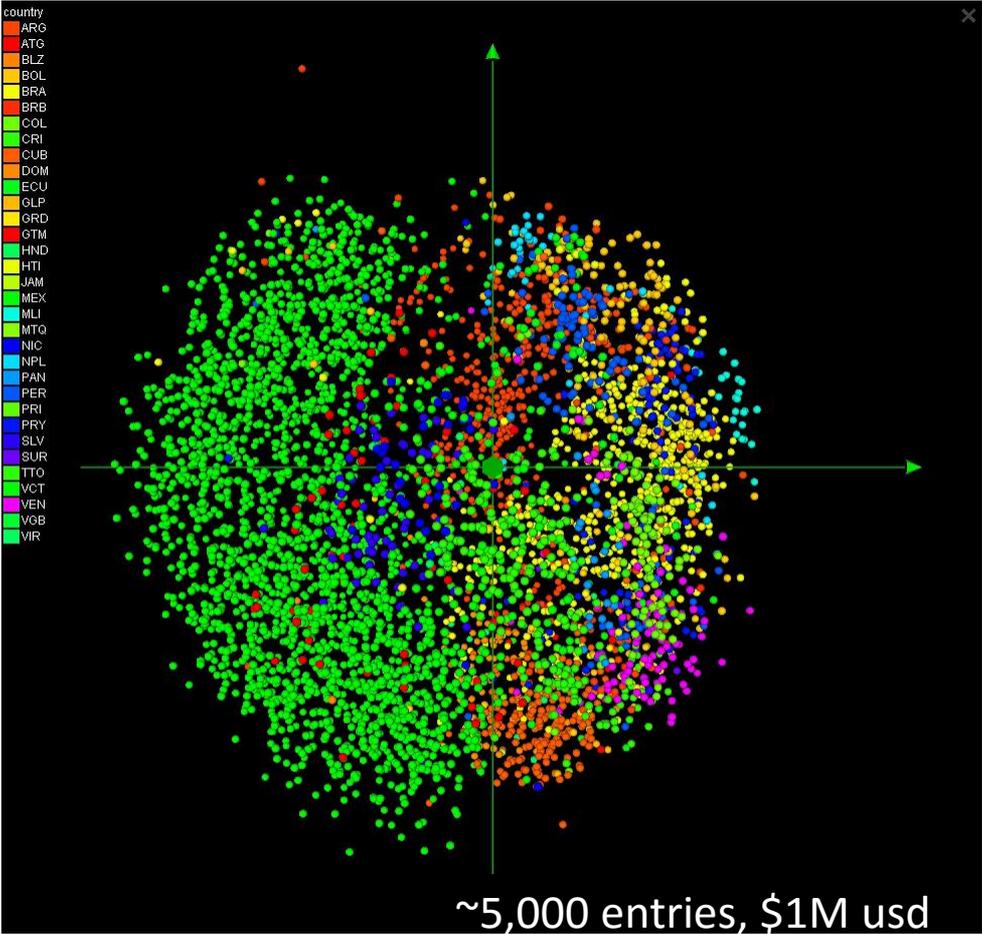
17,353 accesiones (razas criollas) con datos derivados de SIG (15,384 presentados)



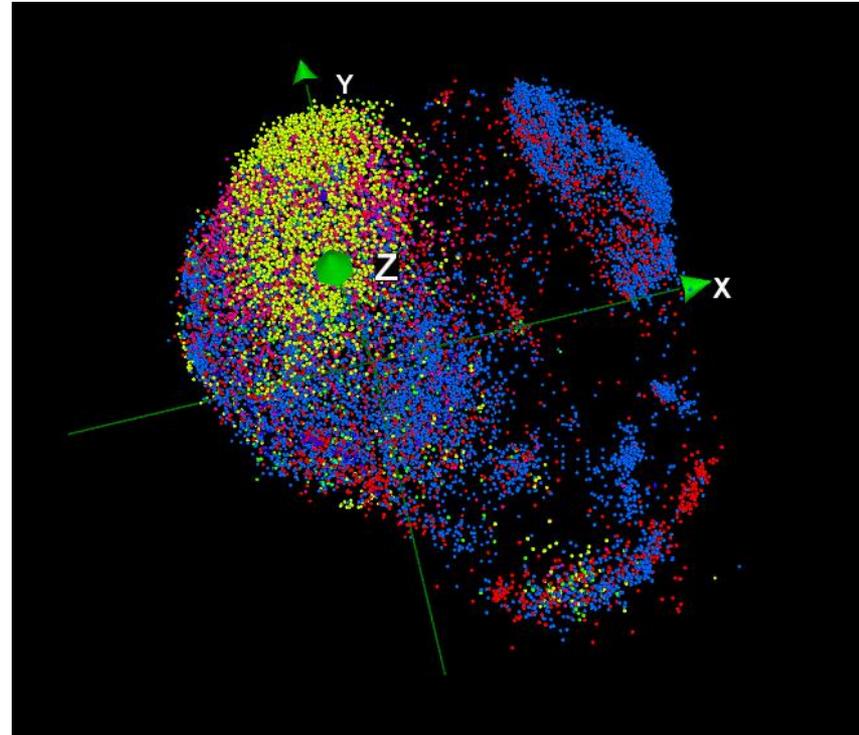
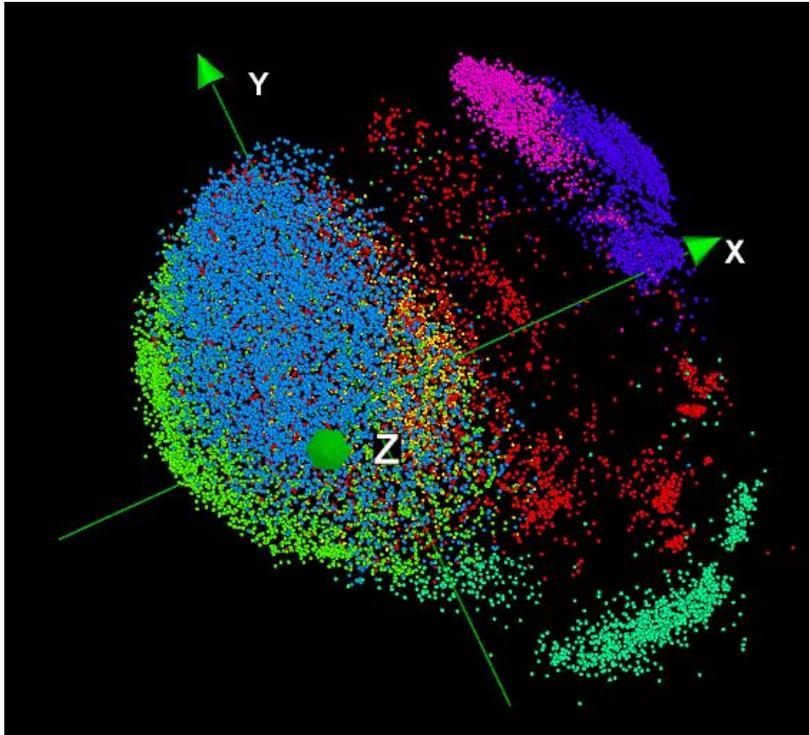
Análisis de Diversidad e identificación de alelos exóticos



# Paneles para Mejoradores



# Diversidad dentro del Banco de Germoplasma de Trigo de CIMMYT



65,000 accesiones

7 grupos

41,000 SNP's

<input type="radio"/>	Samp2	19811/19811
<input checked="" type="checkbox"/>	-	3684/3684
<input checked="" type="checkbox"/>	Advanced Cultivar	10/10
<input checked="" type="checkbox"/>	Breeder Line	2486/2486
<input checked="" type="checkbox"/>	Cultivar	615/615
<input checked="" type="checkbox"/>	Genetics stock	12/12
<input checked="" type="checkbox"/>	Landrace	11076/11076
<input checked="" type="checkbox"/>	Unknown	168/168
<input checked="" type="checkbox"/>	Unreleased breed...	1760/1760

# Proyectos Colaborativos

## Elote Occidental



Banco de Germoplasma  
CIMMYT (1960s)



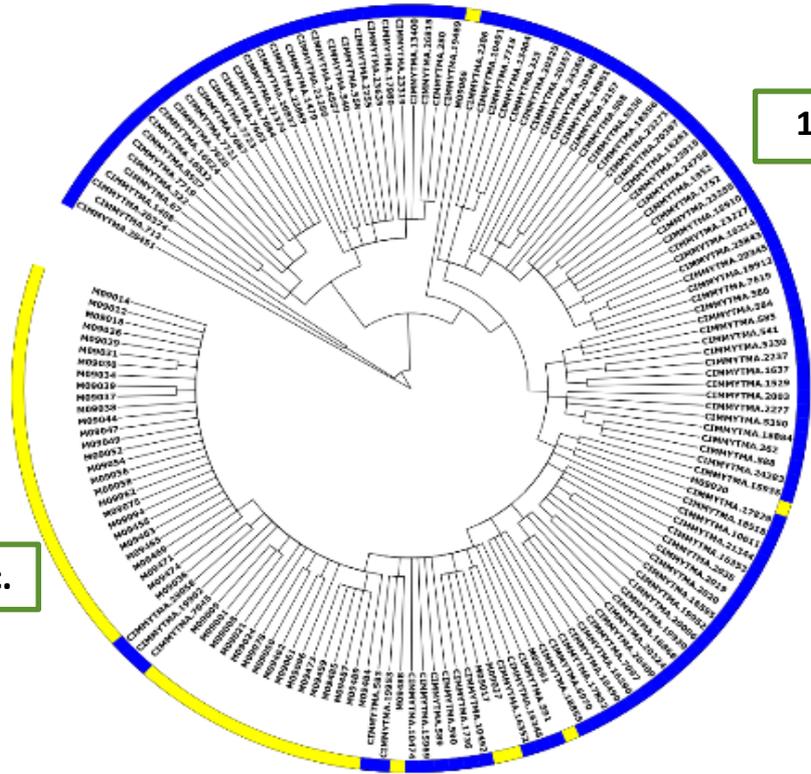
Banco de Germoplasma  
CUCBA (2009-2010)



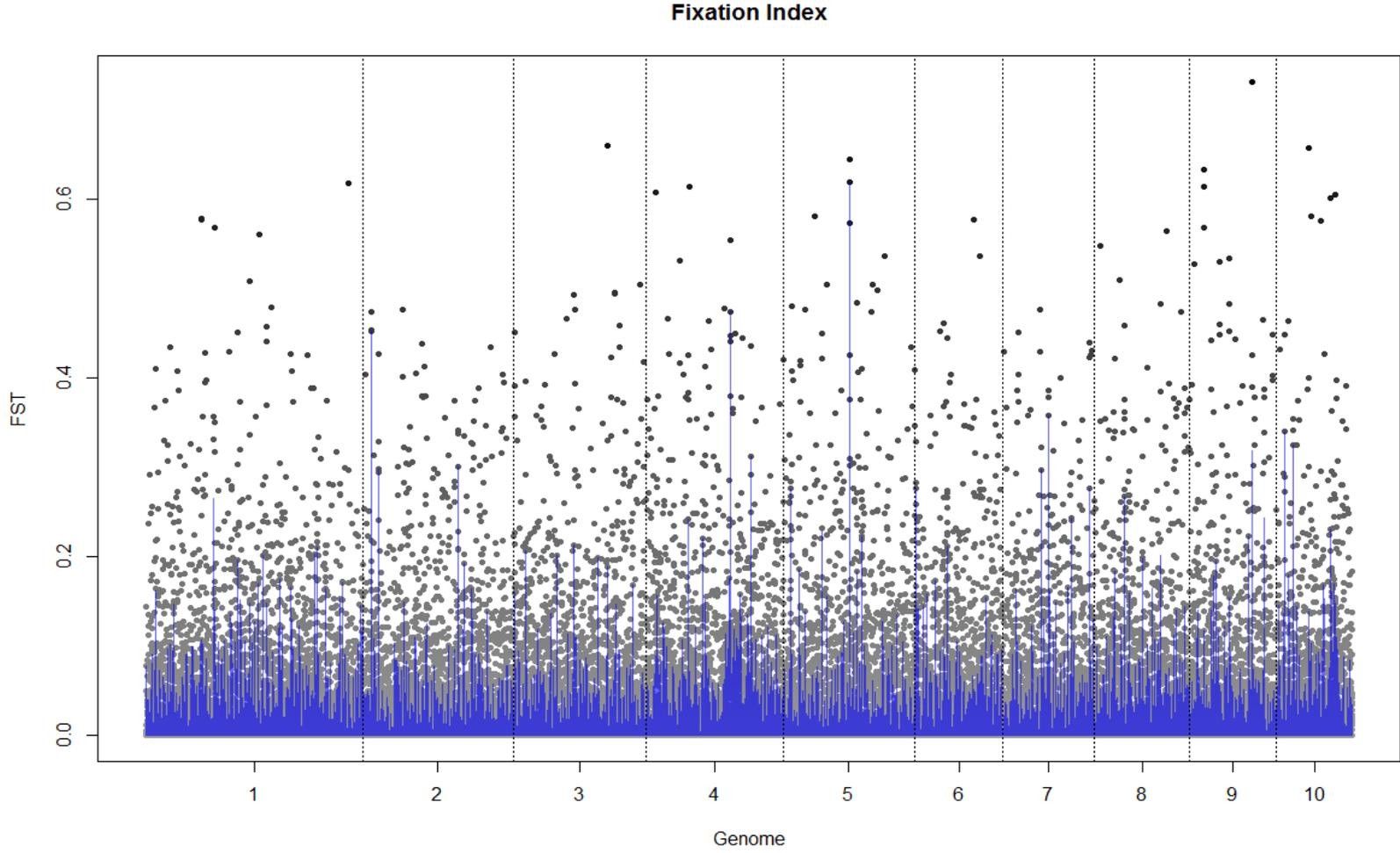
Mazorcas con 8-10 hileras; granos largos; harinoso y purpura

50 Acc.

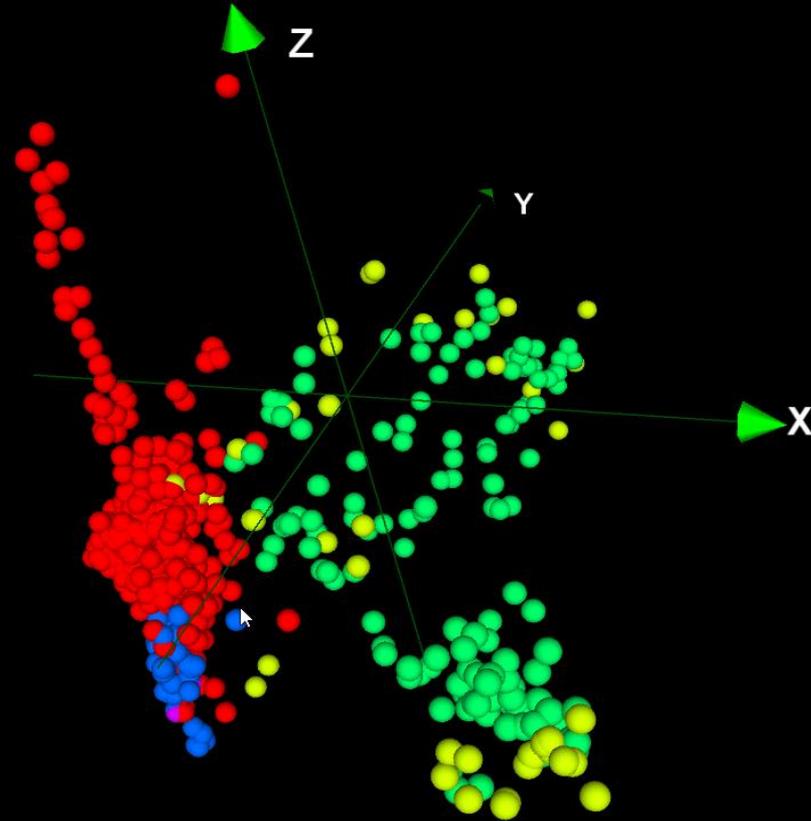
112 Acc.



Indice de Fijación (Fst) a través del genoma. Cada punto gris representa el valor Fst para cada marcador individual. Valores altos de Fst podría indicar que un alelo particular contribuyó a la diferenciación genética entre los grupos de accesiones.



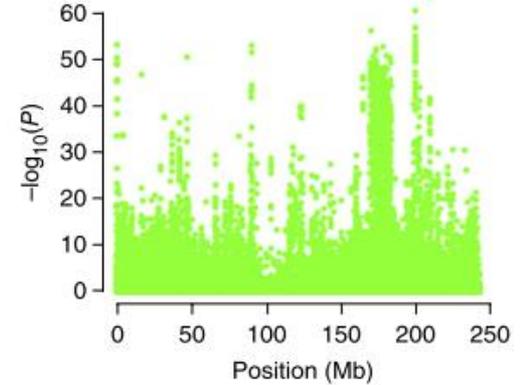
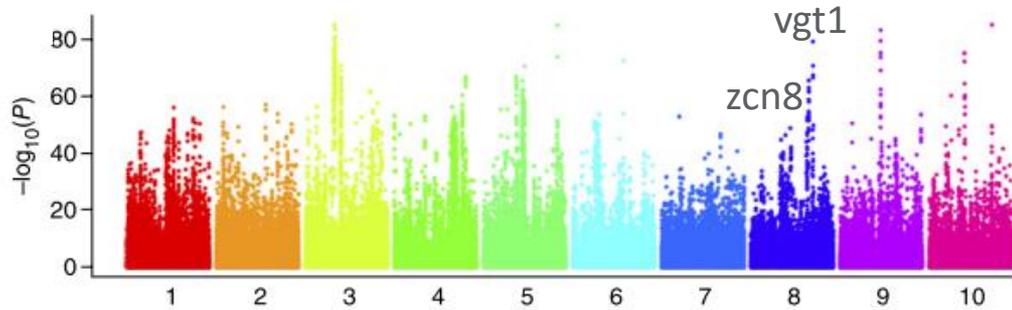
# Proyectos Colaborativos



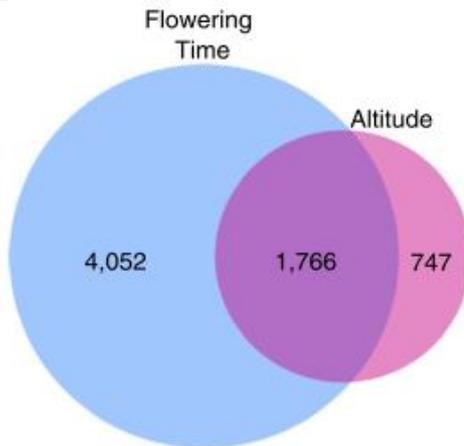
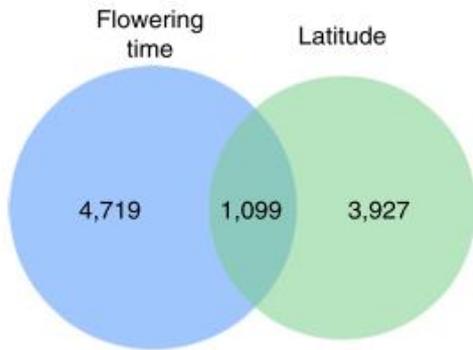
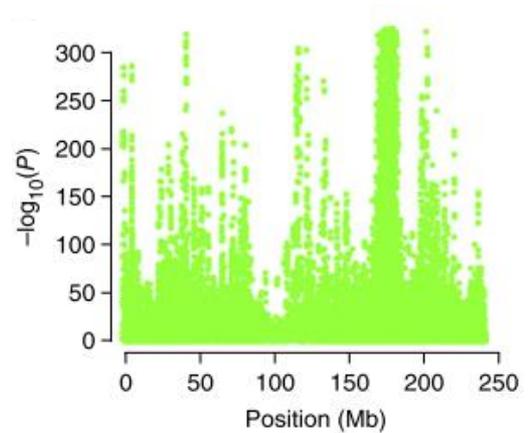
- Origin
- CML
- ExPVP
- NVS
- POP21
- POP43



# Floración y adaptación amplia



Inv4m



Romero *et. al*, 2017

# Roya Común – *Puccinia sorghi*

## Resistencia cualitativa: Germoplasma Subtropical

Pop: 2616

Pop: 2618

Resistente (BS2016-71-18) X Susceptible (CML-122)

Resistente (CML-484) X Susceptible (CML-122)

Fenotipado



F1

Fenotipado



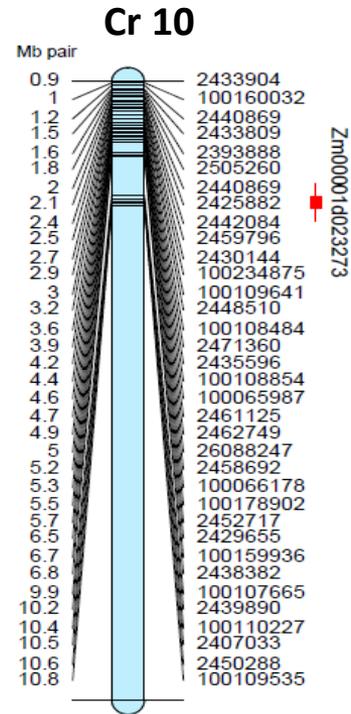
F2

Genotipado

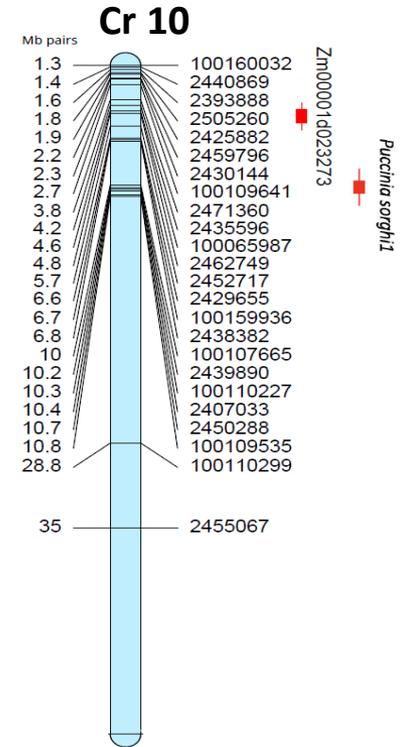
Fenotipado



F3



**Pop2616**



**Pop2618**

Pop	SNP or gene	Start Position	End position	Distance
2616	2505260 F 0-50:G>A-50:G>A	1,789,259	1,789,294	21,778 bp
	Zm00001d023273	1,811,072	1,815,334	NA
	2425882 F 0-11:G>A-11:G>A	1,812,810	1,812,875	blast against the gene
	2459796 F 0-33:T>G-33:T>G	2,062,931	2,062,999	250,056 bp



# Roya Común – *Puccinia sorghi*

## Resistencia cualitativa: Germoplasma Subtropical

Pop: 2616

Pop: 2618

Resistente (BS2016-71-18) X Susceptible (CML-122)

Resistente (CML-484) X Susceptible (CML-122)

Fenotipado



F1

Fenotipado



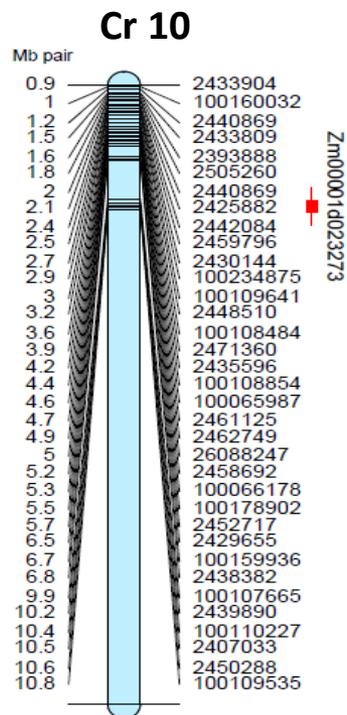
F2

Genotipado

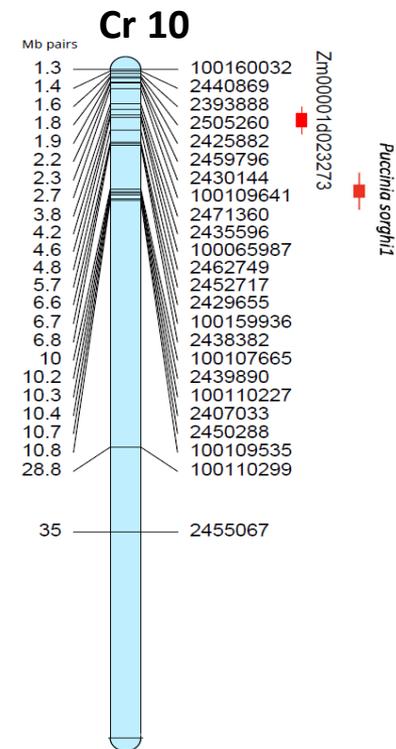
Fenotipado



F3



Pop2616

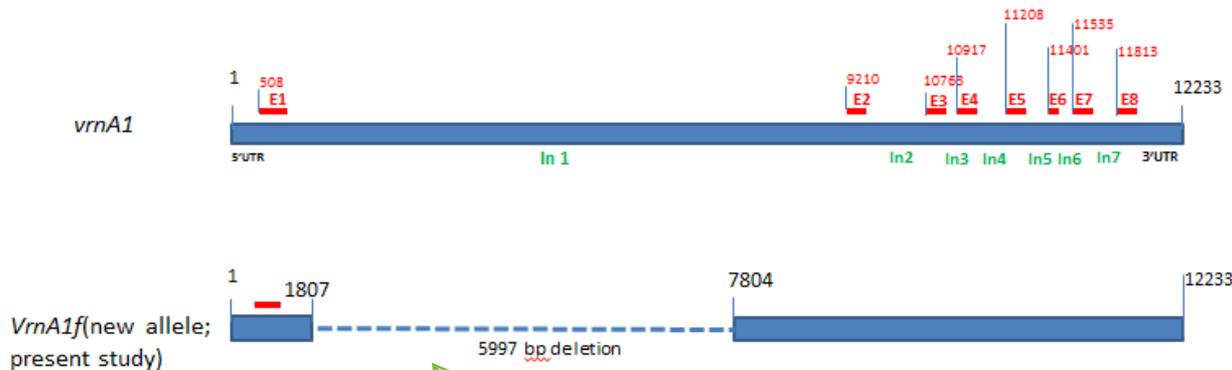


Pop2618

Pop	SNP or gene	Start Position	End position	Distance
2618	100109641 F 0-14:C>G-14:C>G	2,770,964	2,770,985	179,392 bp
	Zm00001d023318	2,950,377	2,954,949	NA
	2448510 F 0-26:G>T-26:G>T	2,954,651	2,954,710	blast against the gene
	100108484 F 0-17:C>T-17:C>T	3,623,288	3,623,341	668,578 bp
	Zm00001d023317	2861471	2865816	88,335 bp



# Clonación y secuenciación de alelos nuevos *Vrn*, alineación con alelos conocidos y sus efectos en floración



**Delección mas larga reportada hasta ahora en el gene *Vrn***

Nuevo alelo de vernalización (*Vrn-A1f*) identificado en razas nativas depositada en la base de datos NCBI con accession no. [KR824429](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KR824429)



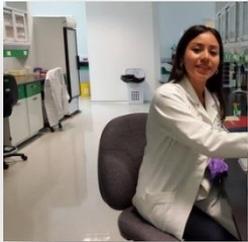
La accesión nativa cargando la delección *Vrn-A1f* (izquierda), flores siete días prematuras a la línea sin esta delección (derecha)

# Desarrollo de Capacidades



 **CIMMYT**  
Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo

PLANT BREEDING SYMPOSIUM MEXICO  
TRASCENDENCIA DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO EN LA AGRICULTURA:  
DESAFÍOS E INNOVACIONES  
6 Y 7 DE SEPTIEMBRE, 2018



# Seeds of Discovery

Unlocking the genetic potential of maize and wheat

[Acerca de SeeD](#) / [¿Cómo trabajamos?](#) / [Maíz](#) / [Trigo](#) / [Media](#)



Español

[Home](#) / Convocatoria Investigación MasAgro Biodiversidad

Search/ Buscar



## CONVOCATORIA INVESTIGACIÓN MASAGRO BIODIVERSIDAD

Mayo 12, 2017 · por [jajohnson](#) · en [Sin categorizar](#) · [Edit](#)



En el marco del programa de Modernización Sustentable de la Agricultura Tradicional (**Programa MasAgro**), desarrollado por la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (**SAGARPA**), y a través de su línea de acción MasAgro Biodiversidad liderada por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (**CIMMYT**) se convoca a las

Instituciones de Educación, Centros Públicos de Investigación, fitomejoradores e investigadores en general a presentar propuestas de investigación, que incluyan, de manera enunciativa más no limitativa, los siguientes temas:

- Genotipificación de líneas de importancia para programas de mejoramiento (hasta 100 líneas), evaluación de la diversidad y el perfil genético del material incluido en el programa y su comparación con líneas elite y/o materiales del banco de germoplasma del CIMMYT.
- Uso de datos para capacitación en el análisis GWAS (Genome-Wide Association Study: Estudio de Asociación del Genoma Completo), así como el desarrollo y prueba de modelos de Selección Genómica.
- Colaboración con especialistas en biometría, mejoramiento y genética molecular de CIMMYT, para planear procesos de descubrimiento con el carácter de interés para su institución; incluyendo selección de germoplasma, diseño experimental, análisis fenotípico y métodos de análisis de datos.



<http://seedsofdiscovery.org/es/convocatoria-investigacion-masagro-biodiversidad/>



# Seeds of Discovery

Unlocking the genetic potential of maize and wheat

[Acerca de SeeD](#) / [¿Cómo trabajamos?](#) / [Maíz](#) / [Trigo](#) / [Media](#)



Español

[Home](#) / [Convocatoria a Estudiantes MasAgro Biodiversidad 2017](#)

Search/ Buscar



CIMMYT



## CONVOCATORIA A ESTUDIANTES MASAGRO BIODIVERSIDAD 2017

Mayo 17, 2017 · por [cpetroli](#) · en [Sin categorizar](#)



En el marco del programa de Modernización Sustentable de la Agricultura Tradicional (**Programa MasAgro**), encabezado por la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (**SAGARPA**) y el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (**CIMMYT**), a través de su línea de acción MasAgro Biodiversidad la cual tiene por objetivo fomentar el aprovechamiento sustentable de recursos genéticos mediante tecnologías de punta y desarrollo de capacidades, para acelerar el desarrollo de variedades de maíz y trigo de alto rendimiento, estables y tolerantes al cambio climático.

El CIMMYT, convoca a estudiantes mexicanos de licenciatura que deseen realizar tesis, prácticas profesionales o servicio social y maestría de universidades mexicanas o extranjeras para desarrollar investigaciones en temas relacionados con el aprovechamiento de los recursos genéticos de maíz y/o trigo empleando datos, herramientas, germoplasma, métodos y/o servicios producidos por el proyecto. Las áreas disciplinarias de los proyectos incluyen: genética, genómica, bioinformática, fitomejoramiento, biometría/estadística y otras afines a los objetivos de MasAgro-Biodiversidad.



<http://seedsofdiscovery.org/es/convocatoria-a-estudiantes-masagro-biodiversidad-2017/>



## MAÍZ

---

- Variedades criollas de maíz con tolerancia putativa a la sequía
- Líneas semi-endogámicas de maíz tolerantes a la sequía
- Líneas semi-endogámicas tolerantes al complejo mancha de asfalto
- Variedades criollas de maíz con buena tolerancia putativa a altas temperaturas
- Líneas endogámicas de maíz azul

## TRIGO

---

- Líneas pre-mejoradas de trigo tolerantes a sequía
- Colección núcleo de variedades criollas mexicanas
- Colección núcleo de variedades criollas iraníes
- Líneas pre-mejoradas de trigo con buena tolerancia a altas temperaturas
- Líneas pre-mejoradas de trigo con buen rendimiento de grano

## SERVICIOS, TALLERES Y OPORTUNIDADES

---

- SAGA – Servicio de Análisis Genético para la Agricultura
- Taller – Uso del Atlas Molecular
- Taller – GWAS (Estudios de asociación del genoma completo)
- Taller – KDSmart
- Taller – Fenotipificación en Trigo

## HERRAMIENTAS

---

- 'KDSmart' – Captura digital de datos
- 'KDXplore' – Manejo de datos fenotípicos
- 'Flapjack' – Visualizador de datos genotípicos
- 'CurlyWhirly' – Visualizador de datos multi-dimensional
- 'AlphaSim' – Simulación y comparación de estrategias de mejoramiento
- 'Germinate' – Plataforma para almacenamiento y manejo de datos

## DATOS

---

- Datos genotípicos de maíz
- Datos genotípicos de trigo
- Datos fenotípicos de maíz
- Datos fenotípicos de trigo

## CONOCIMIENTOS (Proximamente)

---

- Publicaciones
- Folletos
- Presentaciones



SAGARPA  
SECRETARÍA DE AGRICULTURA,  
GANADERÍA, DESARROLLO RURAL,  
PESCA Y ALIMENTACIÓN



Modernización Sustentable  
de la Agricultura Tradicional

¡Gracias  
por su  
atención!

 CIMMYT<sup>MR</sup>  
International Maize and Wheat Improvement Center

Photo Credits (top left to bottom right): Julia Cumes/CIMMYT, Awais Yaqub/CIMMYT, CIMMYT archives, Marcelo Ortiz/CIMMYT, David Hansen/University of Minnesota, CIMMYT archives, CIMMYT archives (maize), Ranak Martin/CIMMYT, CIMMYT archives.