

Desarrollo de un panel de marcadores moleculares con cobertura a genoma completo en girasol

Filippi Carla^{1,2}, Aguirre Natalia^{1,2}, Merino Gabriela³, Rivarola Máximo^{1,2}, Montecchia Juan^{1,2}, Vera Pablo¹, Muñoz Marianne¹, Puebla Andrea¹, Heinz Ruth^{1,2,4}, Lia Verónica^{1,2,4}, Paniego N^{1,2}

1 Instituto de biotecnología, CICVyA INTA Castelar; 2 CONICET; 3 Universidad Nacional de Córdoba; 4 FCEN, Universidad de Buenos Aires

Pese a la importancia del cultivo de girasol a nivel global, son pocos los recursos genómicos públicos disponibles, al tiempo que el genoma de referencia para la especie se publicó muy recientemente. Dada la necesidad de contar con un panel de marcadores moleculares ampliamente distribuidos en el genoma de girasol para asistir a los programas de mejoramiento de INTA, se puso a punto la metodología de genotipificación por secuenciación (GBS) en la especie. GBS permite el descubrimiento de polimorfismos de nucleótido simple (SNP) a escala de genoma completo, aun sin tener genoma de referencia, y combina el descubrimiento de marcadores y el genotipado en un único paso, convirtiéndose en una herramienta rápida, procesiva y rentable para el análisis de colecciones de germoplasma.

Realizamos GBS en un conjunto de 135 líneas endocriadas de girasol seleccionadas entre los materiales pre-mejorados por INTA, identificando más de 150000 SNPs. Luego de descartar aquellos marcadores en baja frecuencia (<5%) y alto porcentaje de datos faltantes (>80%), conservamos un total de 18161 SNPs para estudios posteriores. La matriz de SNPs se completó utilizando un método de imputación basado en *random forest* con predictores, desarrollado para este conjunto de datos. Para estos marcadores, la probabilidad de identidad, así como la probabilidad de identidad entre hermanos, fue virtualmente 0. El contenido medio de información polimórfica se estimó en 0.31, variando de 0.05 a 0.74. La heterocigosis esperada fue de 0.36. Observamos una distribución uniforme de los marcadores SNP en el genoma del girasol.

En resumen, el GBS se utilizó con éxito para el genotipado *de novo* en girasol. Los altos niveles de diversidad genética capturados por los marcadores moleculares generados, sumado a la flexibilidad y el costo relativamente bajo de GBS, proporcionan un enfoque ideal para lograr la cobertura genómica para asistir a programas de mejoramiento del cultivo.