

“CARACTERIZACIÓN FENO-GENOTÍPICA DE UNA POBLACIÓN DE LÍNEAS RECOMBINANTES ENDOCRIADAS PARA IDENTIFICAR Y POSICIONAR EN EL GENOMA, GENES DE RESISTENCIA A CARBÓN DEL MANÍ”

Avances y Resultados 2016 - 2017



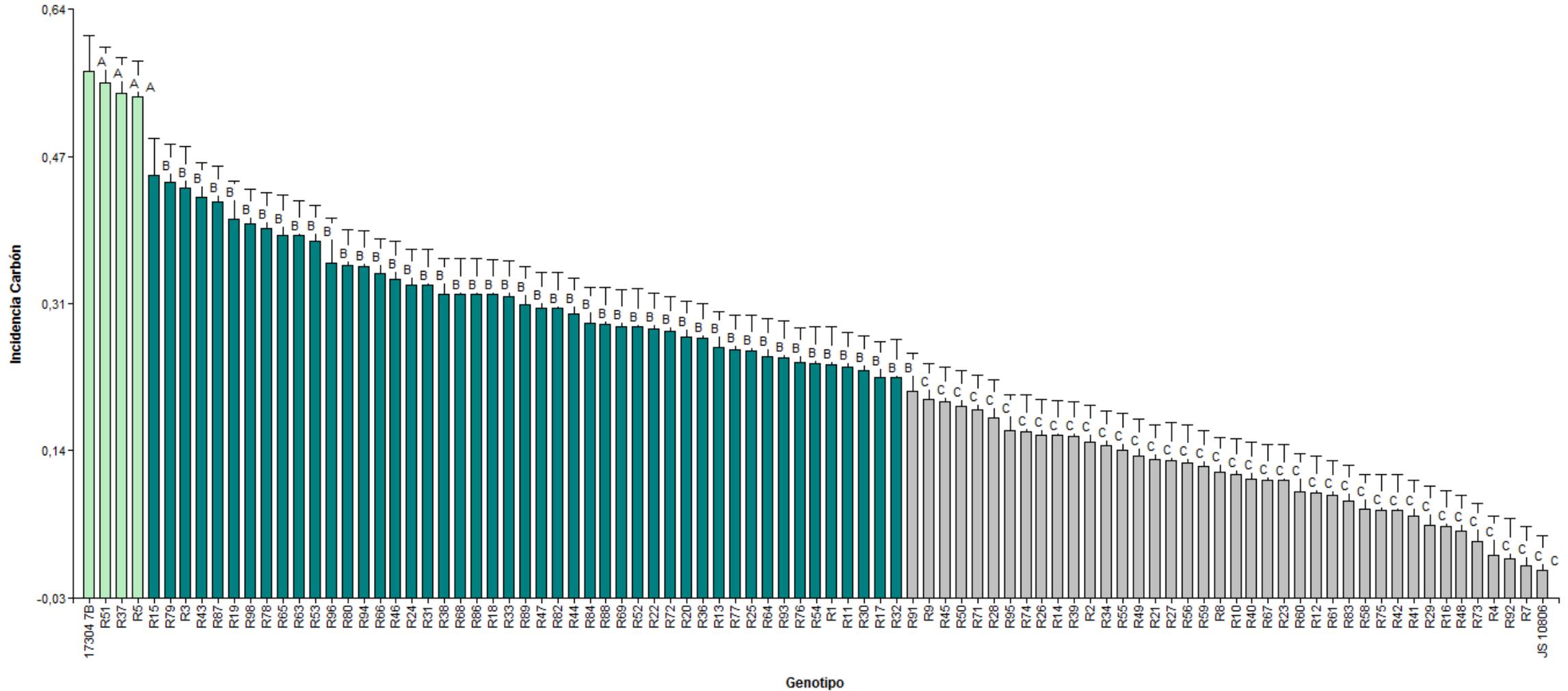
Introducción



- La caracterización fenotípica de la población en estudio tiene como objetivo diferenciar aquellas líneas con comportamiento **TOLERANTE** vs **SUSCEPTIBLE** y se realiza desde el año 2014 con diseño experimental de bloques completos al azar.
- La caracterización genotípica se basa en ensayos con secuencias de ADN de 20 bases aproximadamente sobre el ADN genómico de cada línea.
- Se han caracterizado los progenitores de la población de RILs en estudio con 384 marcadores microsatélites
- Se seleccionan 70 marcadores microsatélites para los 93 individuos que componen la población de RILs y sus progenitores.
- El análisis se concluye con 66 marcadores que generan la base de datos genotípicos para la asociación

Caracterización Fenotípica de las RILs

Cluster DGC 2015-2016-2017



De los 384 marcadores analizados 236 resultaron polimórficos lo que significa que han podido diferenciar genotípicamente al progenitor 17304_7B (AO) -*A. hypogaea*- del progenitor JS1806 -Anfidiploide sintético-

384	Total marcadores analizados
3	Sin Amplificación
43	Amplificación inconsistente.
102	Monomórficos
236	Polimórficos



JS 1806



173047-B

Caracterización Genotípica de las RILs

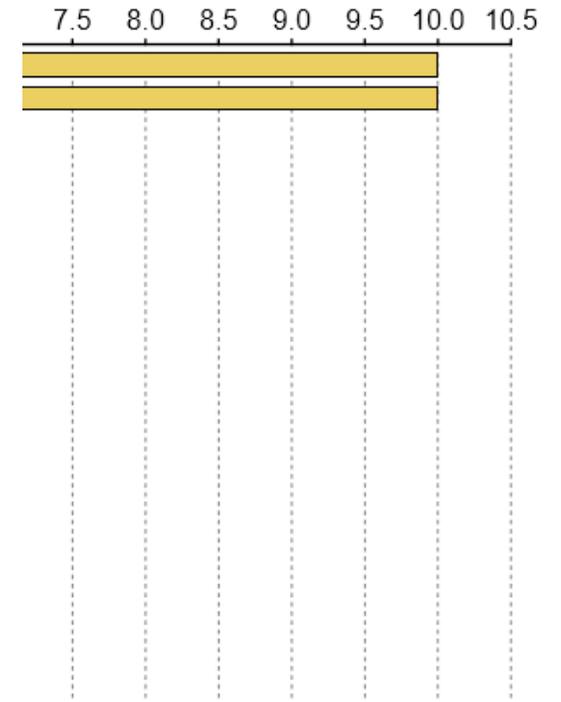
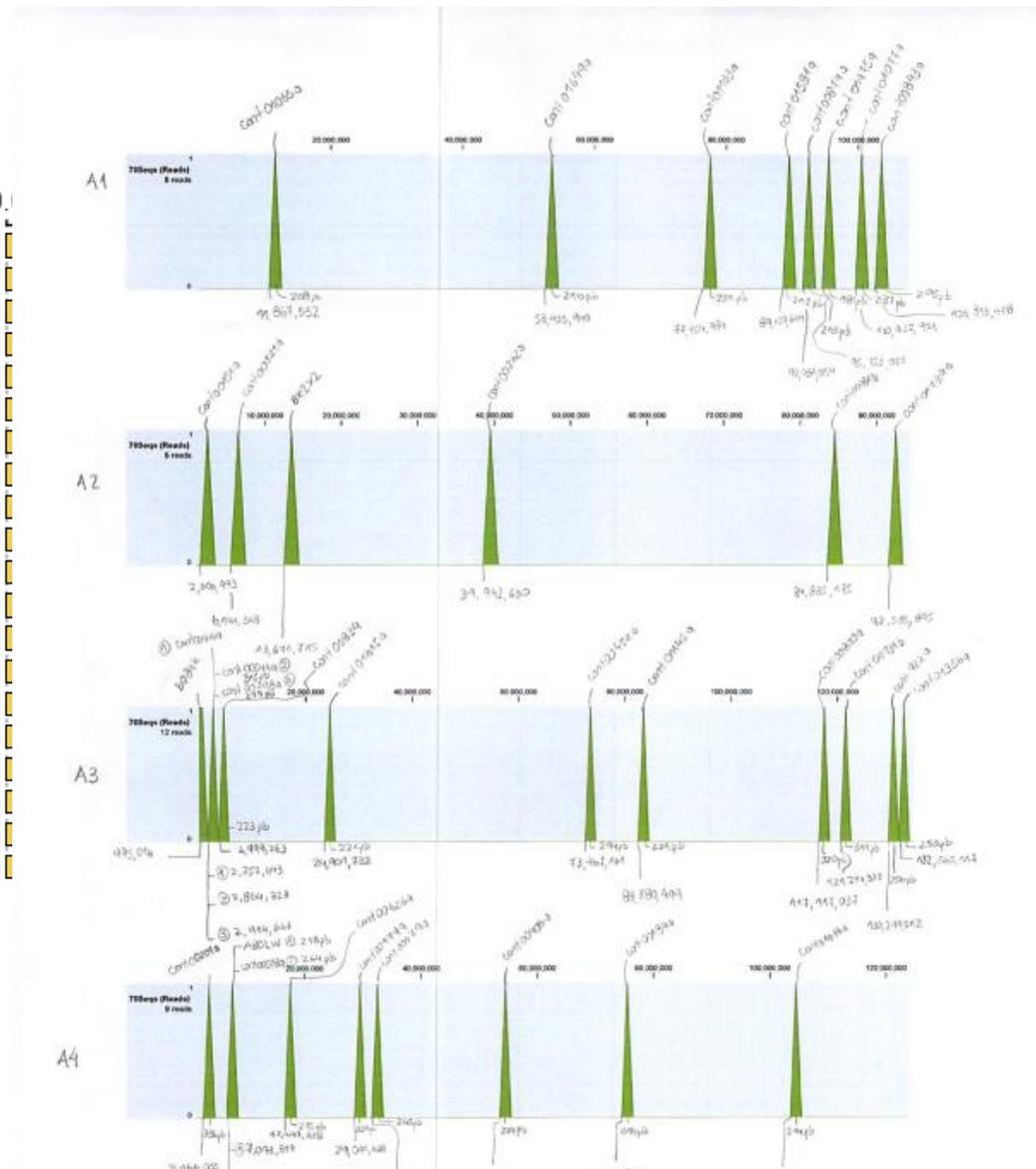
- Para la evaluación genotípica de los individuos que componen la población de RILs se hizo una selección de marcadores en base a los siguientes criterios y pruebas:
 - Buena amplificación y visualización de los fragmentos amplificados
 - Asociación de las secuencias de marcadores a regiones codificantes del genoma de maní publicado hasta el momento (BLAST2GO) Utilizando una computadora de alto rendimiento y un software disponible en el NPRL-USDA
 - Buena distribución de los marcadores en el genoma de referencia para asegurar la completa cobertura de los cromosomas

345	Total secuencias analizadas
110	Sin resultados en BLAST2GO y/o mala amplificación
235	Amplificaron satisfactoriamente y se asocian a regiones codificantes
203	Polimórficas
140	Secuencias seleccionadas por su distribución en el genoma

Resultados BLAST2 GO y Distribucion en el Genoma

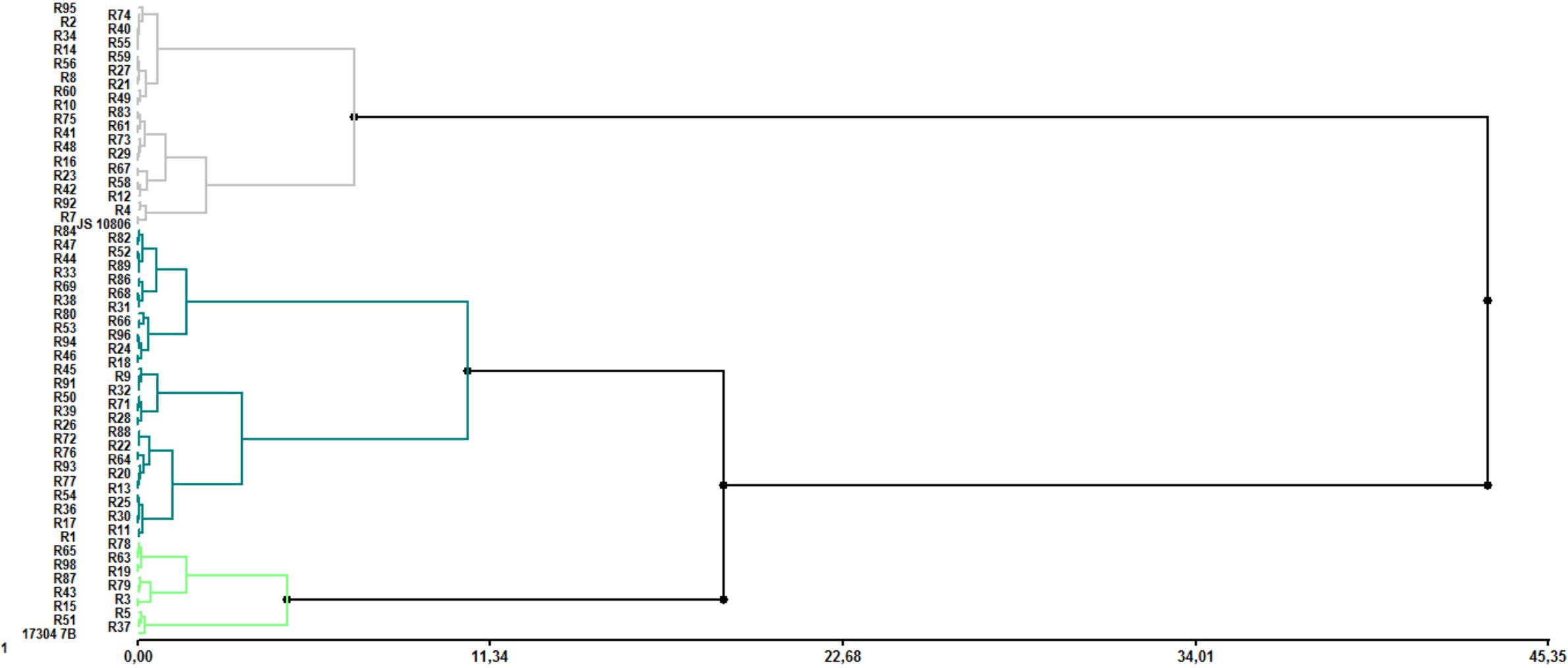
GO

- 0
- nucleus
- integral component of membrane
- cytoplasm
- plasma membrane
- membrane
- intracellular membrane-bounded organelle
- integral component of plasma membrane
- exocyst
- intracellular
- outer membrane
- vacuole
- cytosol
- chloroplast envelope
- ubiquitin ligase complex
- clathrin-coated vesicle
- chloroplast thylakoid membrane
- nuclear chromosome
- cytosolic large ribosomal subunit
- plasmodesma
- mitochondrial inner membrane

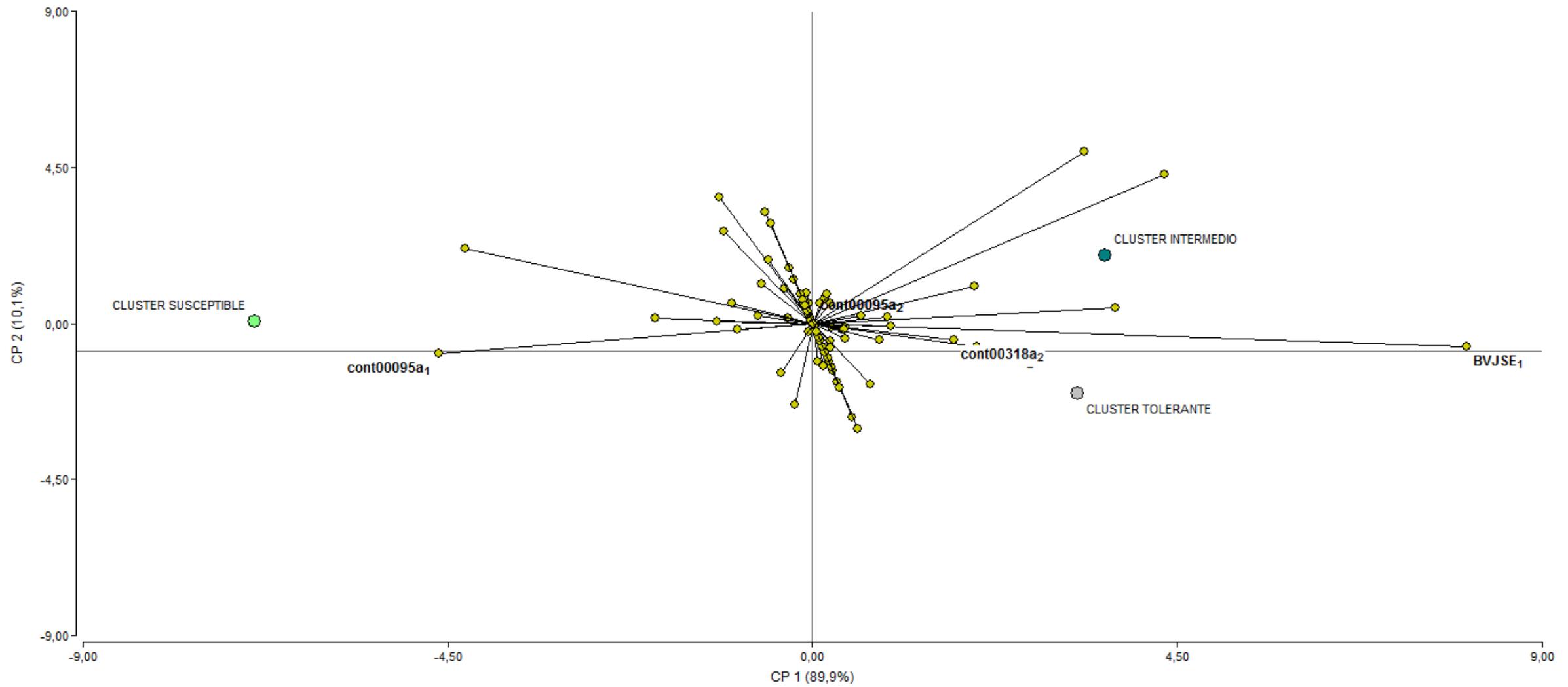


Conglomerados por Ward. Fenotipo

Distancia: (Euclidea)

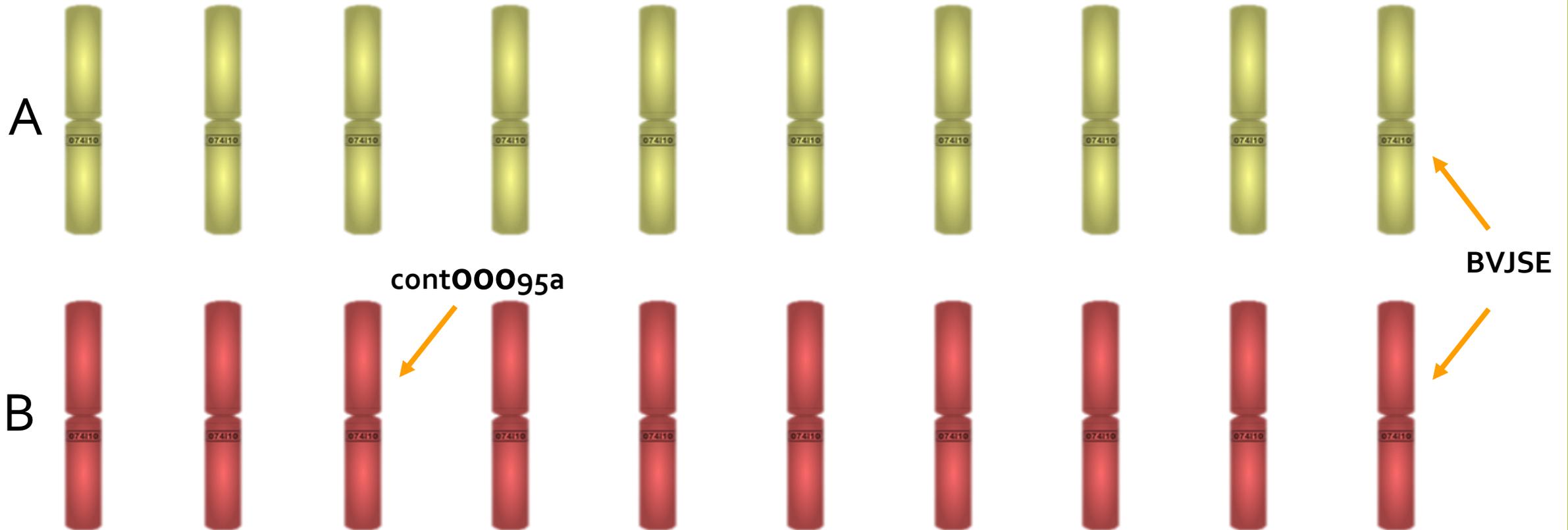


ACP Marcadores y Clusters



UBICACIÓN DE LOS MARCADORES EN EL GENOMA

Genome Browser PeanutBase and Other Bioinformatic Resources for Peanut (2016)



Conclusiones

- La identificación de las dos secuencias marcadoras que discriminan fenotipos contrastantes es el primer paso para determinar la región cromosómica y la ubicación de los genes que otorgan resistencia a la infección por *Thecaphora frezii*.
- El Marcador BVJSE está dentro de la región de genes ribosomales 6oS y la que codifica para la síntesis de Clatrina, una proteína que forma parte de las vesículas de endo y exocitosis de sustancias de síntesis celular.
- Para la secuencia conto0095a no se conocen secuencias codificantes.
- Es necesario en ambos casos secuenciar las regiones identificadas como marcadoras y determinar qué secuencias específicas de ADN son las que intervienen en la resistencia y luego desarrollar marcadores funcionales para asistencia al mejoramiento genético vegetal.