

Herramientas bioinformáticas como apoyo a mejoramiento genético y desarrollo de bioinsumos

Silvia Garaycochea

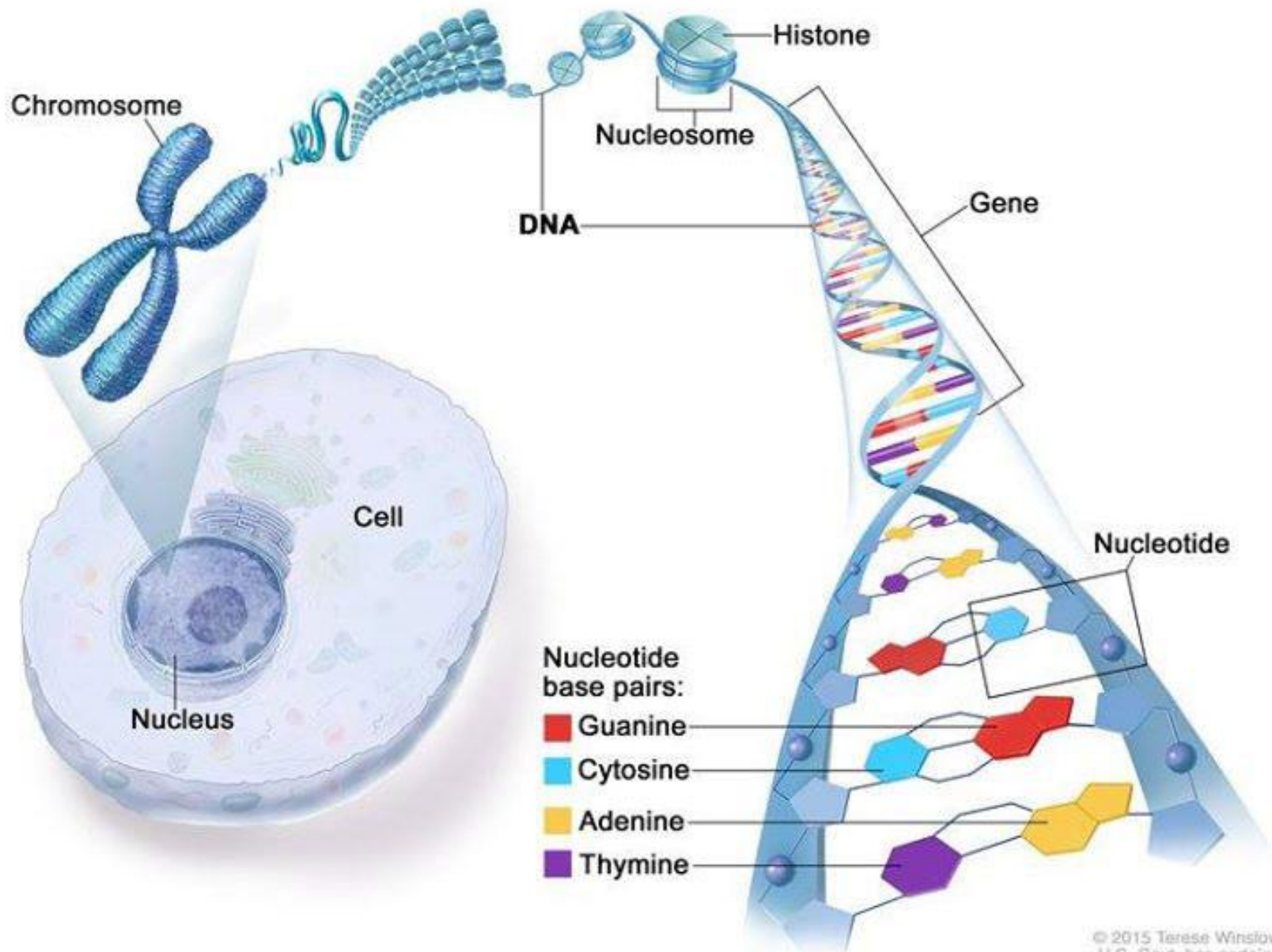
Jornada de Agrobiotecnología INIA Salto Grande
4 de Mayo, 2016

sgaraycochea@inia.org.uy

RESUMEN

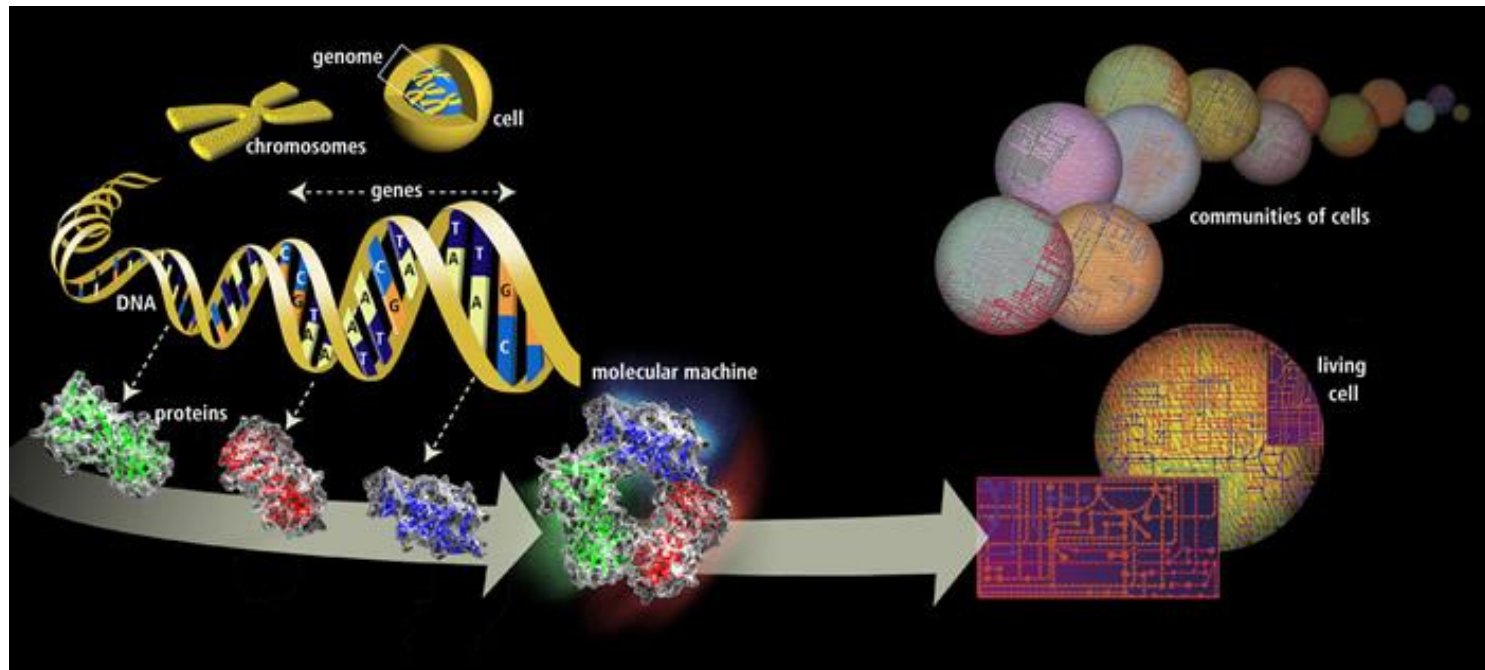
- Introducción a conceptos biológicos.
- Secuenciación masiva (NGS)
- Marcadores Moleculares
- Aplicaciones NGS:
 - Genotipado por secuenciación (GBS)
 - Metagenómica de suelos

DNA Structure



GENOMA

Es la totalidad de la información genética que posee un organismo o una especie. En eucariotas comprende todo el ADN contenido en el núcleo y en los organelos (mitocondria y cloroplastos).



GENÉTICA

Parte de la biología que estudia los genes y los mecanismos que regulan la transmisión de los caracteres hereditarios.

Estudio de genes específicos

GENÓMICA

Una revolución tecnológica cambio las escalas: Era genómica

12 años atrás: millones de clones generados (cientos de pb) en años de trabajo por billones de dólares.

HGP 13 años, 3 millones de dólares , cientos de laboratorios (2001)

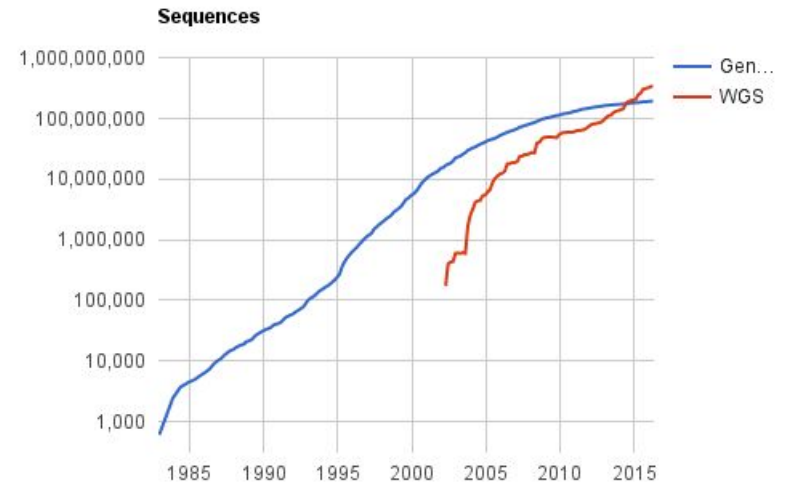
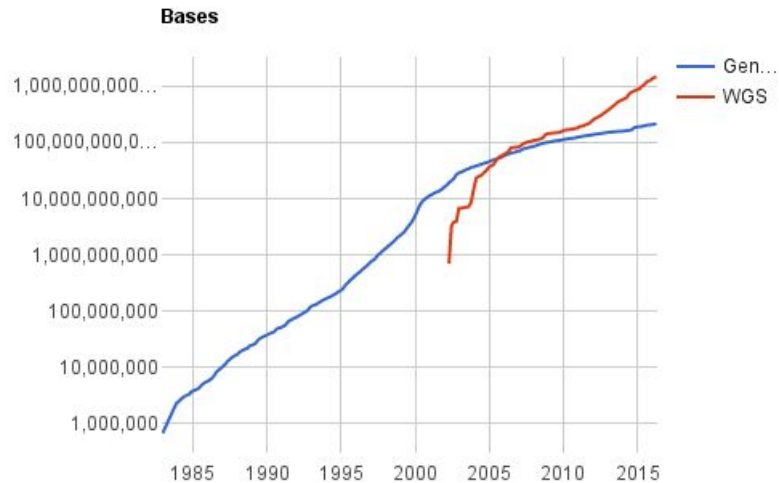
Hoy: Billones de secuencias cortas (35 – 400 pb) generados en una semana por cientos de dólares.

NUEVAS TECNOLOGÍAS de SECUENCIACIÓN (Secuenciación masiva NGS)

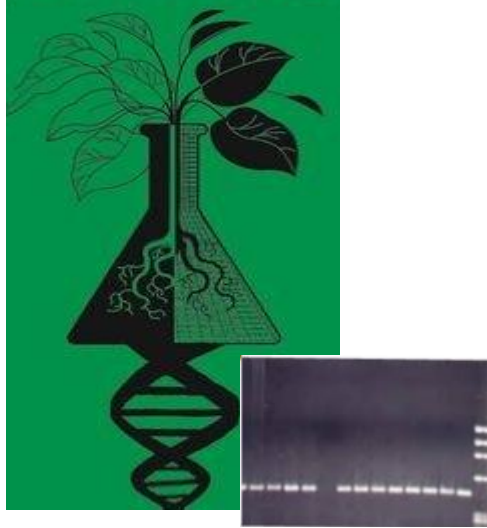


NUEVAS TECNOLOGÍAS de SECUENCIACIÓN (Secuenciación masivaNGS)

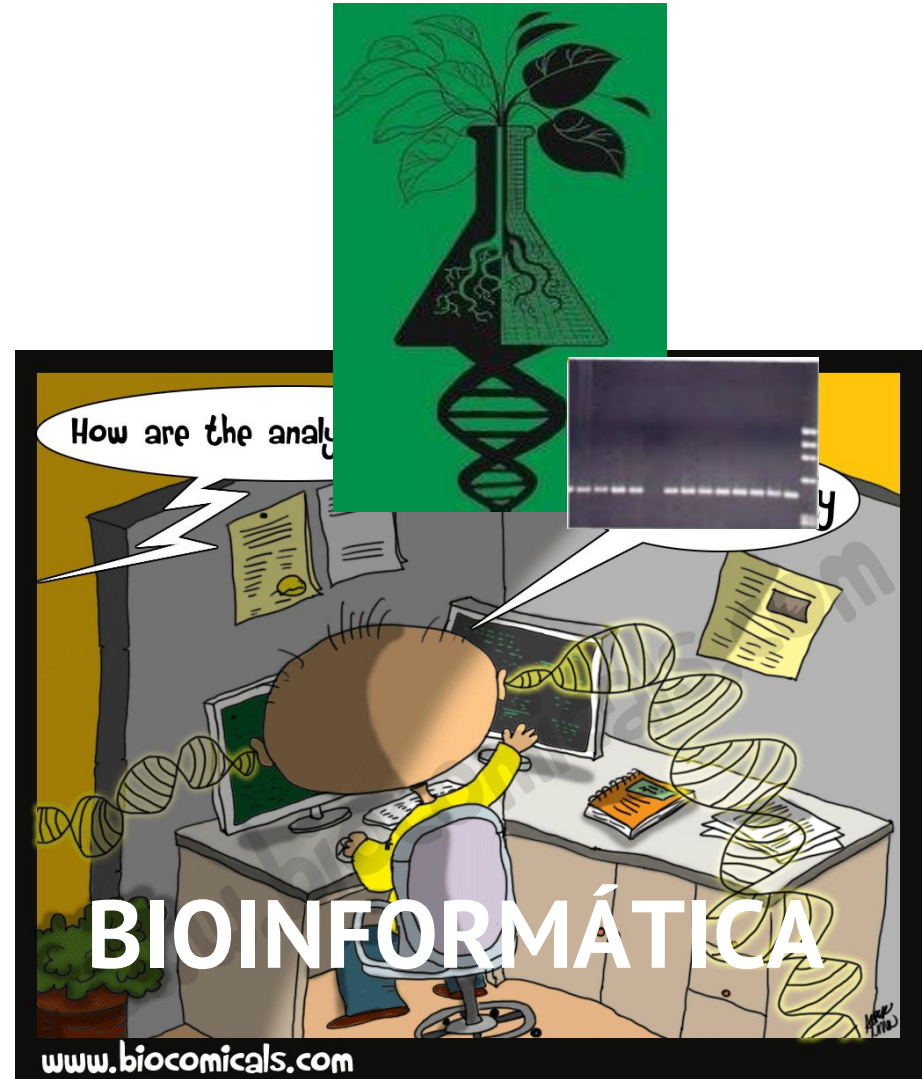
GenBank and WGS Statistics



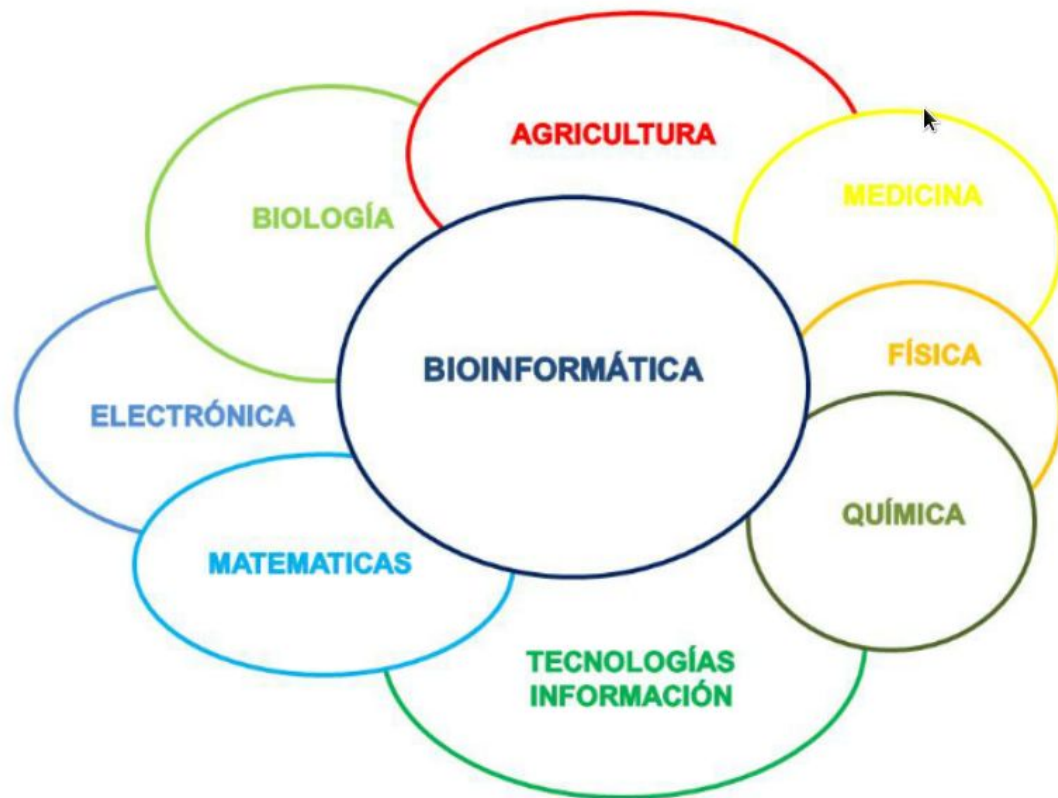
ANTES de NGS



DESPUÉS de NGS



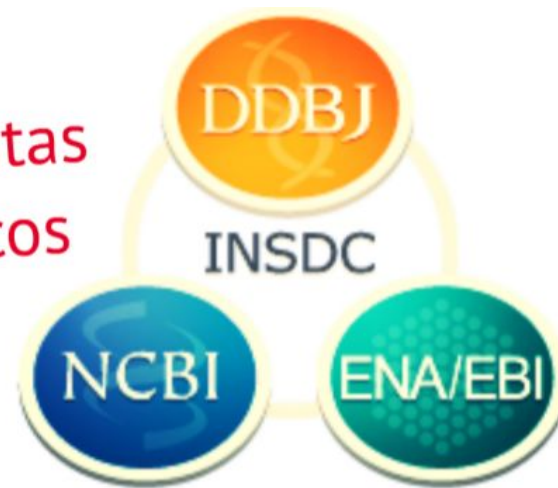
[Que es la Bioinformática]



DESAFÍO

Manejo de grandes cantidades de datos.
Encontrar el sentido biológico a los datos generados

Desarrollo de herramientas
Bases de datos biológicas



Bioinformática en Investigación Biológica

Almacenamiento

Recuperación

Análisis

Anotación

Visualización de los resultados.

Comprensión de los sistemas biológicos

Genómica

Transcriptómica

Proteómica

Información metabólica



Herramientas Bioinformáticas

Genética comparativa

Similitud entre genes de distintas especies, número de genes, localización y orden.

Análisis de secuencia

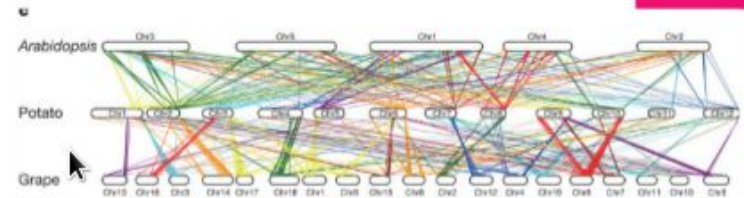
Alineamientos de secuencias BLAST

Biología Molecular

Diseño de primers, PCR in silico.

Identificación de marcadores moleculares

SSR, SNP, INDEL



Anotación genómica

KEGG, Gene Ontology

Herramientas NGS

Ensamblado y mapeo de genomas

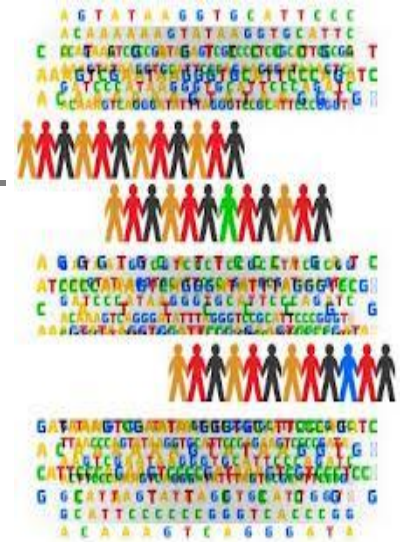
Ensamblado y mapeo de transcriptomas

Análisis metagenómicos

Variantes entre genomas

Diferencias entre la secuencia de ADN de 2 individuos.

Éstas diferencias pueden ser detectadas utilizando técnicas químicas y moleculares adecuadas.



Marcadores Moleculares

RFLP: **R**estriction **F**ragment **L**enght **P**olymorphism

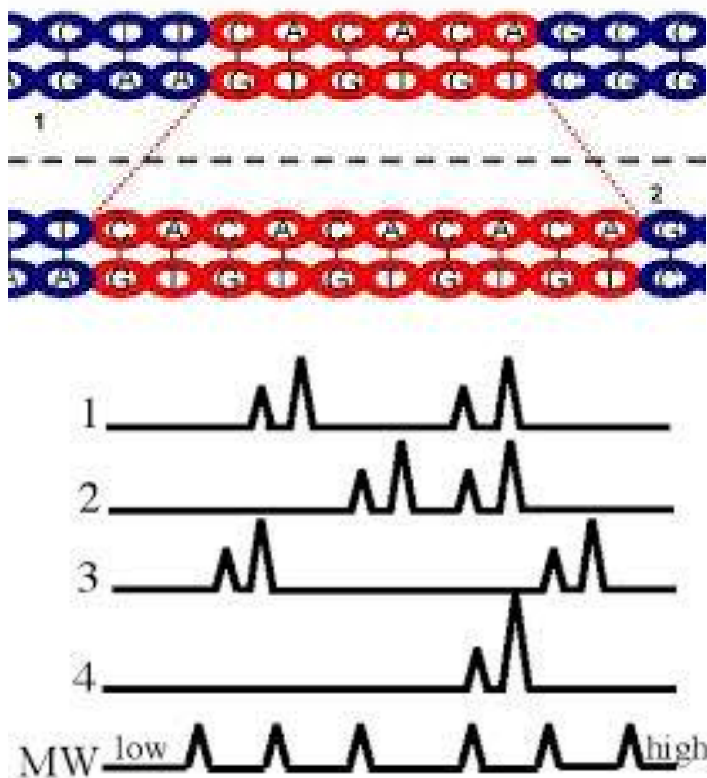
AFLP: **A**mplified **F**ragment **L**enght **P**olymorphism

SSR: **S**imple **S**equences **R**epet

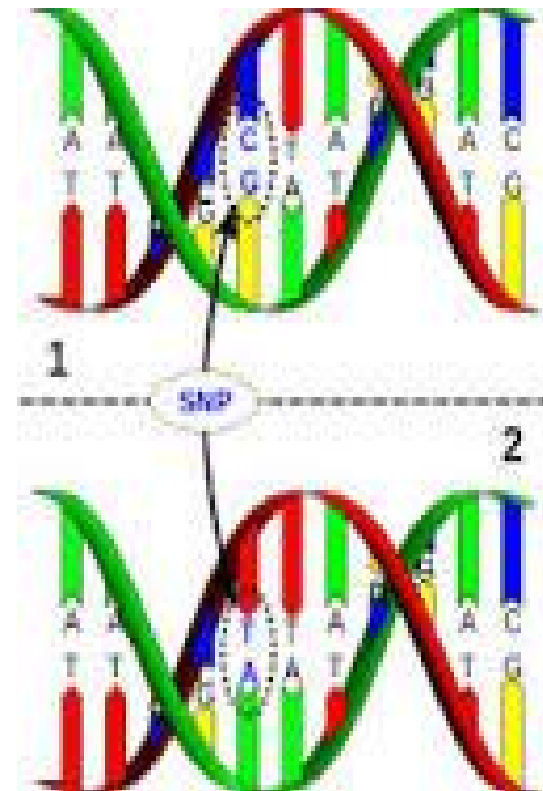
SNP: **S**ingle **N**ucleotide **P**olymorphism

Basados en polimorfismos en la secuencia

SSR



SNP





Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria
U R U G U A Y



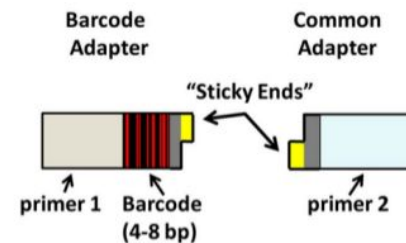
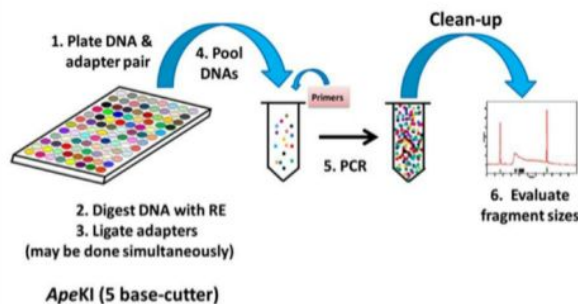
Programa de Mejoramiento Genético de Arroz

Proyecto INIA
“Mapeo Asociativo de Arroz”

A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species

Robert J. Elshire¹, Jeffrey C. Glaubitz¹, Qi Sun², Jesse A. Poland³, Ken Kawamoto¹, Edward S. Buckler^{1,4}, Sharon E. Mitchell^{1*}

¹ Institute for Genomic Diversity, Cornell University, Ithaca, New York, United States of America, ² Computational Biology Service Unit, Cornell University, Ithaca, New York, United States of America, ³ Hard Winter Wheat Genetics Research Unit, United States Department of Agriculture/Agricultural Research Service, Manhattan, Kansas, United States of America, ⁴ Plant, Soil and Nutrition Research Unit, United States Department of Agriculture/Agricultural Research Service, Ithaca, New York, United States of America

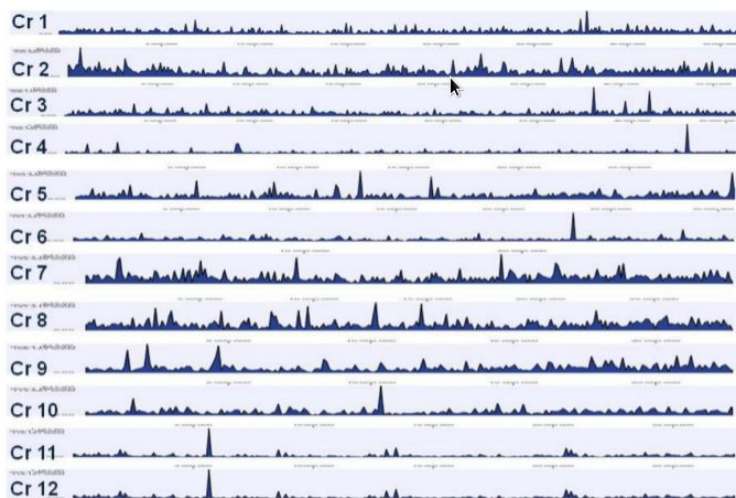


Método NGS para el desarrollo de marcadores moleculares a lo largo de todo el genoma y el genotipado usando enzimas de restricción para reducir la complejidad de los genomas en estudio

Población de mapeo

665 líneas avanzadas (indicas y japónicas)

Programa de Mejoramiento de Arroz



400 Gb de datos totales de secuencias
0.6X por muestra

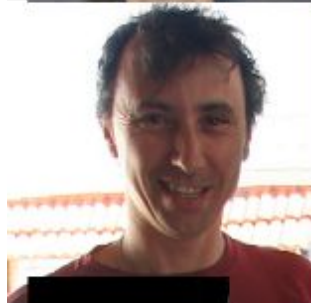
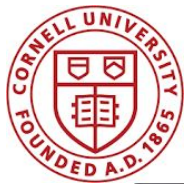
Total de SNPs por cromosoma (Tassel)

Cr Genoma de Referencia
JAPONICA

1	18397
2	15533
3	13896
4	13847
5	7696
6	12760
7	9057
8	11310
9	9010
10	8548
11	12953
12	8571

127.598 SNPs





Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria
URUGUAY



Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria
U R U G U A Y



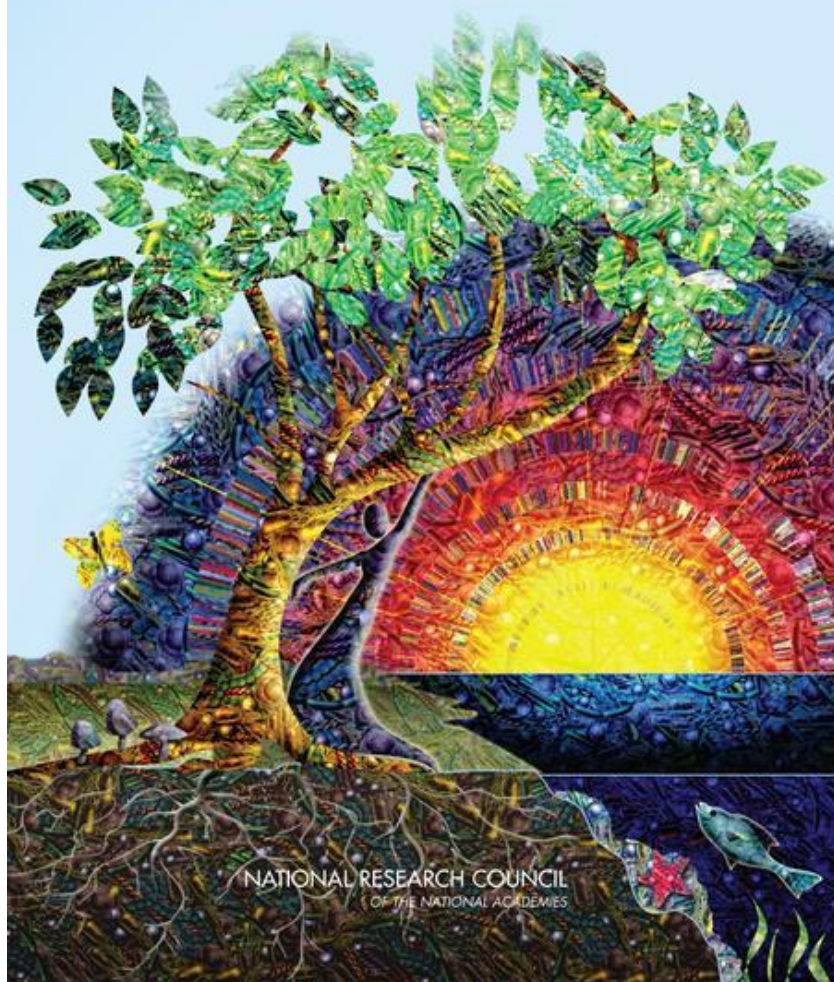
Proyecto INIA

“Identificación de microorganismos y genes asociados a la fitodisponibilidad del fósforo”

Doctorado en Ciencias Agrarias: “Estudio de la diversidad genética y funcional de las comunidades microbianas de suelos uruguayos con respecto a la fitodisponibilidad de fósforo.”

THE NEW SCIENCE OF **METAGENOMICS**

Revealing the Secrets of Our Microbial Planet



Metagenómica

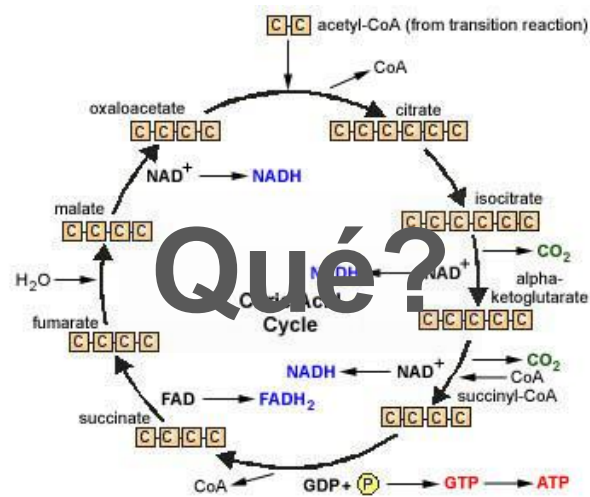
El estudio del conjunto de los genomas de un determinado entorno, directamente a partir de muestras de ese ambiente, sin necesidad de aislar y cultivar esas especies.

Porque ?

- o Puede dar noción de la riqueza y distribución de las comunidades microbianas.
- o Capacidad y funciones metabólicas.

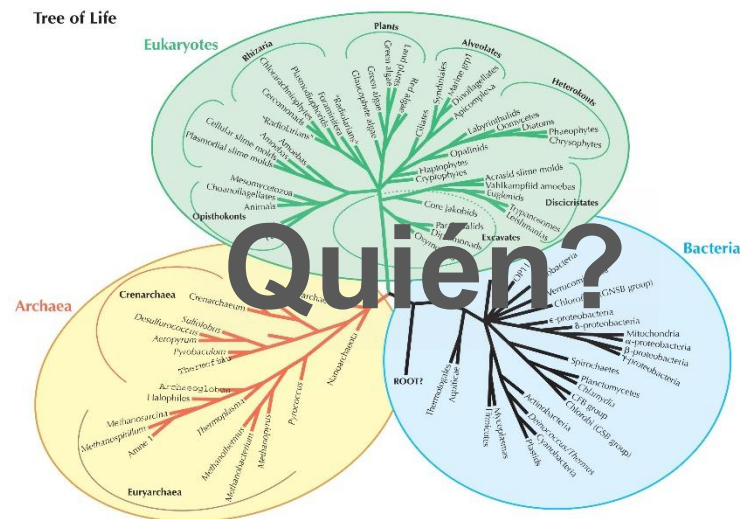
Metagenómica

Cómo?



Qué?

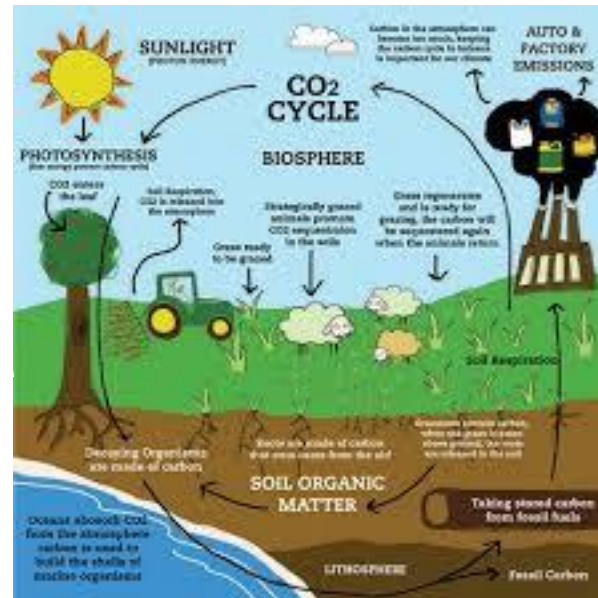
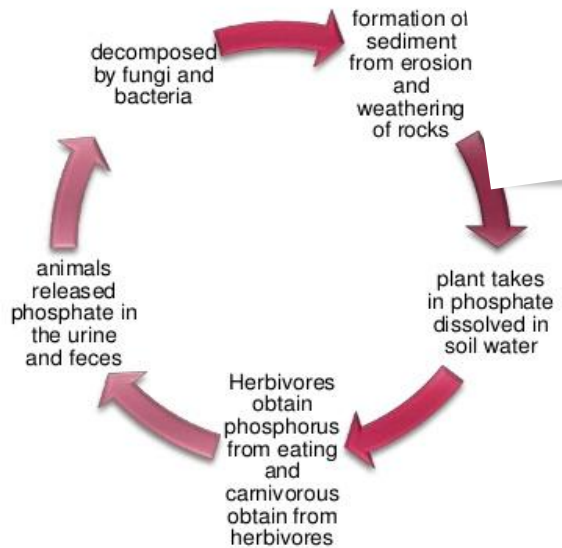
Tree of Life



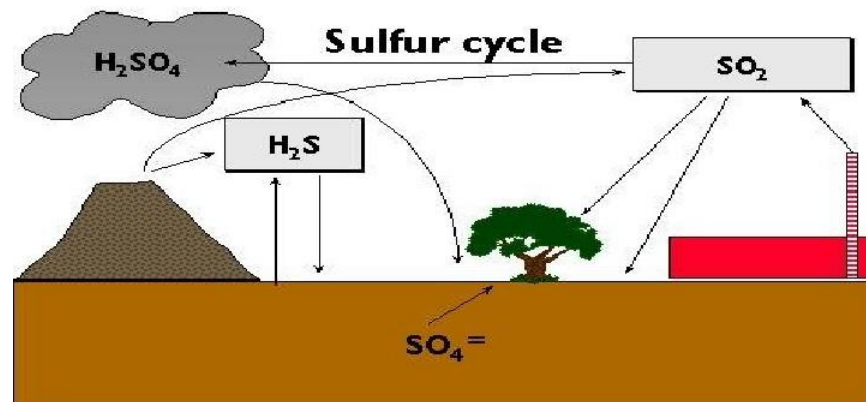
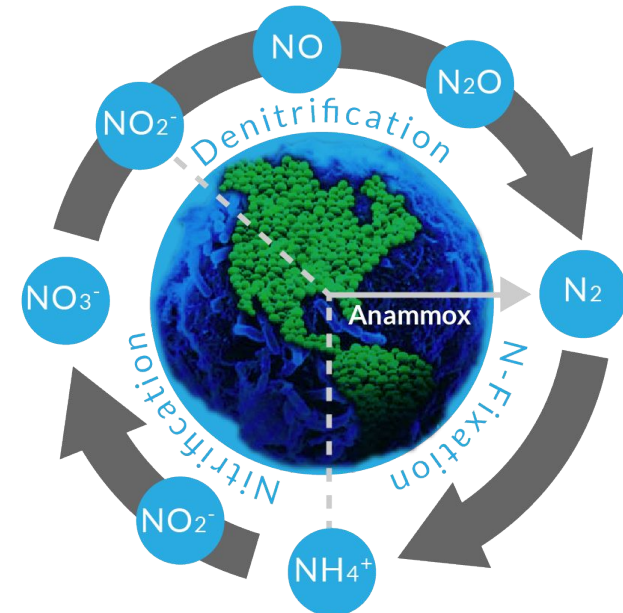
Quién?

Suelo

Ciclo P



Ciclo N

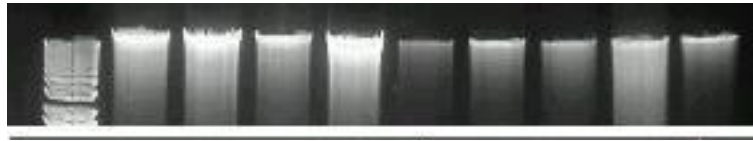


Diversidad Estructural

Selección y recolección de muestras de suelo



Obtención de ADN metagenómico



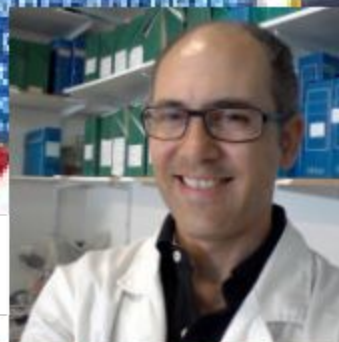
Análisis de la diversidad
microbiana en suelo

Análisis de diversidad
funcional



ADN Total metagenómico







© Can Stock Photo - csp743076



**MUCHAS
GRACIAS !!!**