

Flujo de trabajo bioinformático para estudios de asociación de genoma completo en plantas de papa tetraploide.

Luis Garreta¹, Paula Helena Reyes-Herrera², Ivania Cerón-Souza

{lgarreta, phreyes, iceron}@agrosavia.co

Corporación colombiana de investigación agropecuaria, AGROSAVIA
Bogotá, Colombia

Resumen

Uno de las plantas de cultivo más importantes en el país y en el mundo es la papa (*Solanum tuberosum*), la cual es considerada como un alimento básico en la dieta colombiana, es rica en carbohidratos, y tiene un alto potencial para mejorar la seguridad alimentaria del país y la economía campesina. Sin embargo, los cultivos de papa al igual que el de otras plantas, enfrentan diversas enfermedades que pueden dañar parcial o completamente la planta. Y aunque muchas de estas enfermedades se pueden controlar usando fungicidas, estos pueden resultar inefectivos sin las condiciones ambientales favorecen su dispersión o si emergen genotipos resistentes a los mismos. Un modo efectivo de enfrentar estas enfermedades es a través de la generación de variedades resistentes a estas enfermedades, pero la producción de estas variedades mediante los medios tradicionales puede llevar varios años y se necesita utilizar otras estrategias que ayuden a acelerar este proceso.

En este sentido, los estudios de asociación de genoma completo (GWAS) se están convirtiendo actualmente en una herramienta muy importante para ubicar en los mapas cromosómicos las variantes genéticas relacionadas con rasgos complejos, tales como enfermedades causadas por distintos patógenos, que afectan a las plantas de cultivo de papa. Así, al identificar estas variantes se puede guiar de forma más precisa la generación de las nuevas variantes que tienen las características genéticas para resistir a esas enfermedades.

En esta presentación, vamos a mostrar una propuesta de flujo de trabajo bioinformático para realizar estudios de asociación de genoma completo (GWAS) que permite realizar el proceso de GWAS para el caso de las plantas de papa tetraploide. Para realizar el estudio, vamos a utilizar los datos de fenotipo-genotipo obtenidos de la Colección Central Colombiana de papa (CCC), administrada por la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA). Esta colección es considerada la segunda más biodiversa del mundo, con más de 2.000 accesiones provenientes de diversas regiones del país, estas accesiones cuentan hoy en día con una excelente base de datos de caracterización genómica y fenotípica. El flujo de trabajo estará dividido en diferentes etapas correspondientes al proceso general de GWAS. En cada etapa se tendrá una o más técnicas que pueden seleccionarse para realizar esa etapa del proceso. El flujo de trabajo se ejecutará en modo línea de comandos, ya sea completamente o etapa por etapa. Para la implementación se utilizarán diferentes tipos de software entre programas, librerías y scripts en diferentes lenguajes, disponibles gratuitamente y que son de amplio uso en proyectos GWAS. Este software se cubrirá sobre otra capa de software que oculta los detalles y pondrá una interfaz de comandos muy simple de usar para personas no expertas en computación.