

## PROGRAMA DE VINCULACIÓN DE CIENTÍFICOS Y TECNÓLOGOS-Convocatoria 2019

Análisis de la Yerba Mate en el Servicio de Análisis Genético para la Agricultura (SAGA) del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT)

Facultad de Ciencias y Tecnología – Universidad Nacional de Itapúa

Liliana Noelia Talavera Stefani, [li\\_talavera@hotmail.com](mailto:li_talavera@hotmail.com)

### RESUMEN

Esta estancia fue realizada con el fin de adquirir destrezas en el manejo de la técnica DArTseq (Diversity Arrays Technology) y su aplicación para el genotipado de muestras de yerba mate (*Ilex paraguariensis*). Las tecnologías de Secuenciación de ADN de Nueva Generación (NGS) son herramientas poderosas en la evaluación de genomas, aunque es imperativo contar con estrategias que faciliten el abordaje de la complejidad genómica, que permitan un análisis de datos adecuados. La metodología DArTseq, permitió la selección inteligente de marcadores polimórficos ubicados en regiones representativas del genoma de *Ilex paraguariensis*, reduciendo la complejidad genómica para su análisis como así también los costos de genotipado de los individuos. Esta fracción representativa del genoma corresponde predominantemente a genes activos, por lo cual podrán convertirse en marcadores de interés para el mejoramiento y generación de variedades de yerba mate.

#### OBJETIVOS

Adquirir destreza en el manejo de la técnica DArTseq (Diversity Arrays Technology) y análisis de los datos generados para el genotipado de yerba mate.



#### APORTES DE LA ESTANCIA

Capacitación en el genotipado por la técnica DArTseq, incluyendo preparación de librerías para reducción de la complejidad genómica, secuenciación NGS con la metodología Illumina y análisis de los datos generados.

Aplicación de esta técnica para el genotipado de muestras de yerba mate. Participación en curso de entrenamiento para análisis de datos DArTseq, selección de marcadores polimórficos y estimación de parámetros de diversidad genética.

Puesta a punto de la metodología para yerba mate y obtención de marcadores polimórficos. La estancia ha permitido adquirir destrezas en la preparación de librerías



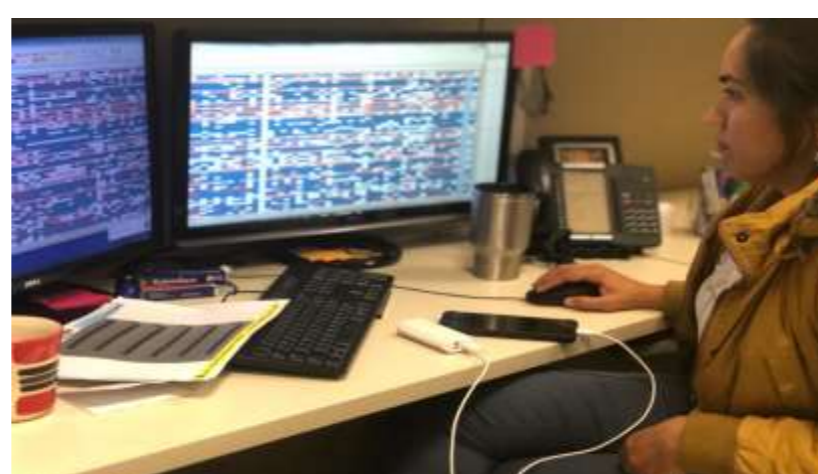
#### ACTIVIDADES REALIZADAS

1. Participación del Workshop "A15 DArTseq Data Analysis", realizado del 26 al 31 de agosto. En el mismo se obtuvo un entrenamiento para análisis de datos DArTseq.
2. Extracción de ADN a partir de material foliar de muestras de yerba mate.
3. Control de calidad de la extracción de ADN.
4. Purificación del ADN extraído.
5. Genotipado de las muestras de yerba mate, preparación de librerías y secuenciación posterior.
6. Interpretación de los datos generados y aplicación de filtros para la selección de marcadores.



#### RESULTADOS OBTENIDOS

Se seleccionó la combinación enzimática para la reducción de la complejidad genómica en yerba mate, se identificaron marcadores de novo para yerba mate, tanto de tipo SNPs como SilicoDArt. Luego de realizar los filtrados de los datos se pudieron identificar más de 10000 marcadores SNPs informativos de novo. Se pudo determinar la variabilidad existente en las muestras analizadas, la cual fue calculada mediante la  $H_o$  promedio para cada individuo ( $H_o = 0,056$  a  $0,273$ ). Las distancias genéticas genéticas pudieron visualizarse mediante escalamiento multidimensional.



#### CONCLUSIÓN

La estancia de investigación me permitió capacitarme en el genotipado por la técnica DArTseq. Además de esto, permitió poner a punto la metodología en yerba mate, luego del filtrado se seleccionaron más de 10.000 marcadores polimórficos.

Se pudo genotipar muestras de yerba mate de diferentes procedencias, datos con los que se generará información acerca de la diversidad existente en estas poblaciones, los cuales serán publicados en una revista científica.

Además, me permitió crear vínculos con investigadores del laboratorio SAGA, intercambiar ideas y experiencias.

Esta estancia de Investigación fue realizada en México, Laboratorio SAGA (Servicio de Análisis Genéticos para la Agricultura) y financiada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología - CONACYT". Agradezco inmensamente a ambas instituciones, así como a mi Facultad y Universidad por el apoyo.

#### VISIÓN Y PLANES FUTUROS

Publicación de los resultados obtenidos, aplicación de lo aprendido para el fortalecimiento de las líneas de investigación de nuestra institución.

**"Esta estancia de Investigación, fue cofinanciada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología - CONACYT con recursos del FEEI"**