

# Genómica como herramienta para mejorar los cultivos frutícolas

**Lee A Meisel, Ph.D**

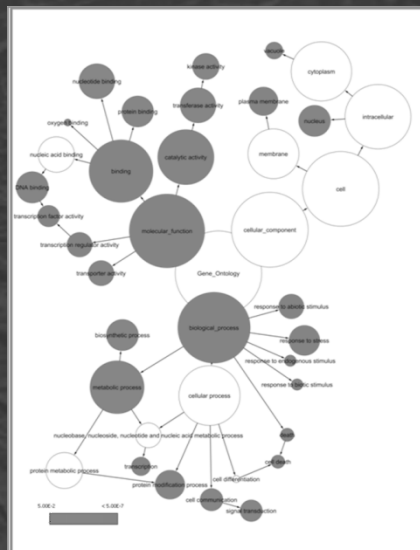
*lmeisel@gmail.com*

*http://blog.unab.cl/leemeisel/*

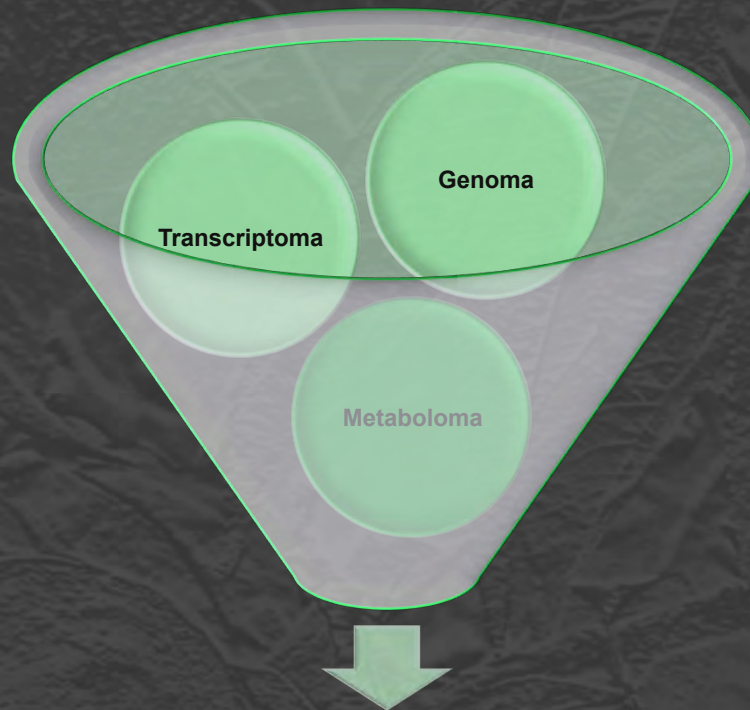
Directora  
Centro de Biotecnología Vegetal  
Universidad Andrés Bello  
Santiago, CHILE



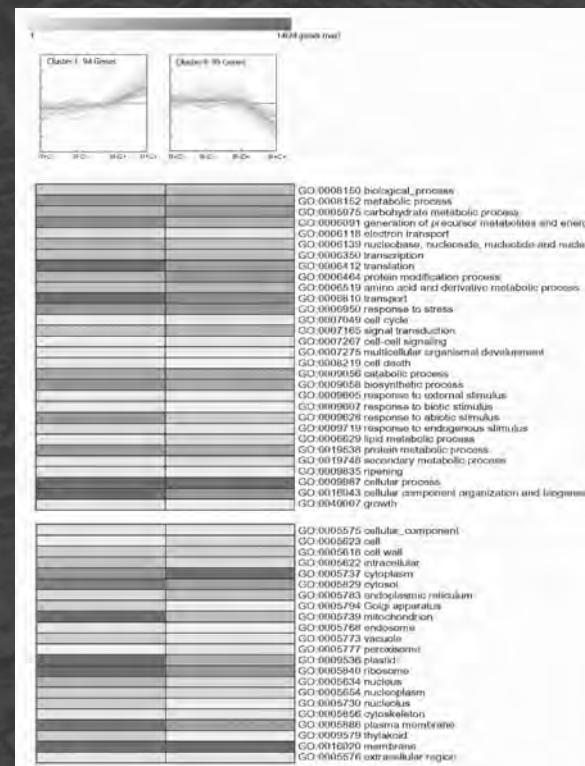
# ¿Cómo la industria frutícola puede ser beneficiada por estudios genómicos?



Shulaev et al Nature Genetics 2011



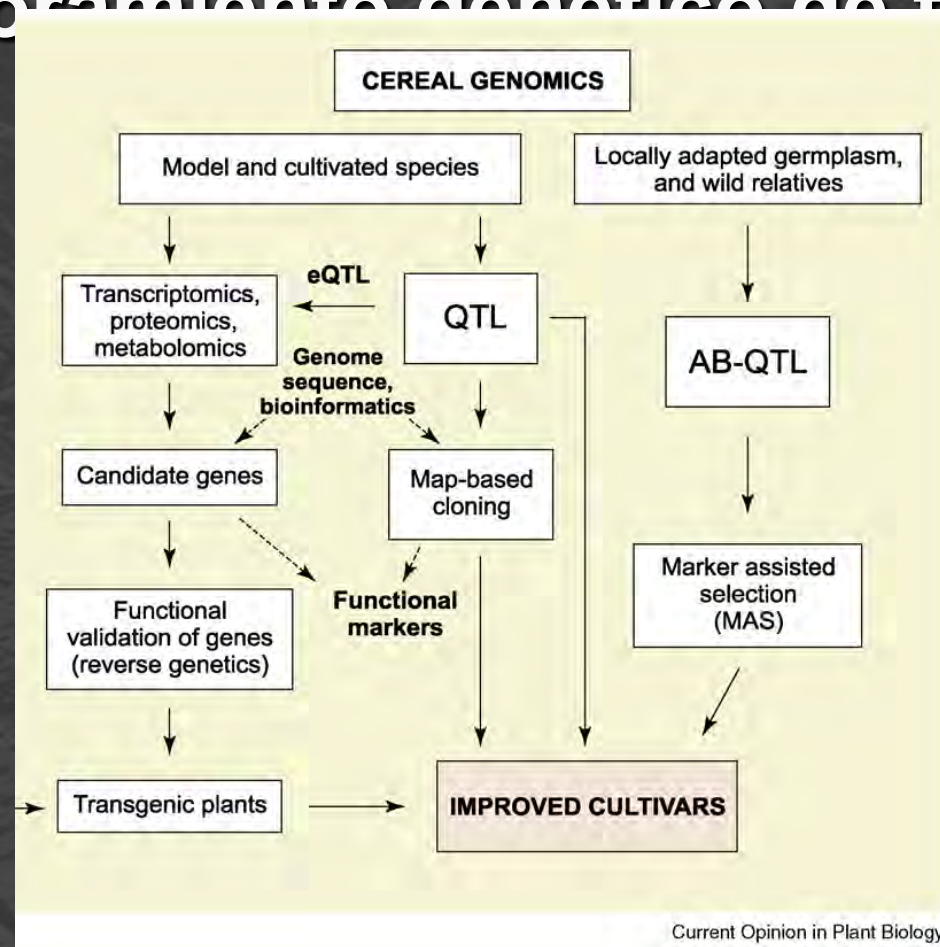
**MEJORAR CULTIVOS  
FRUTÍCOLAS**



Vizoso et al BMC Genomics 2009

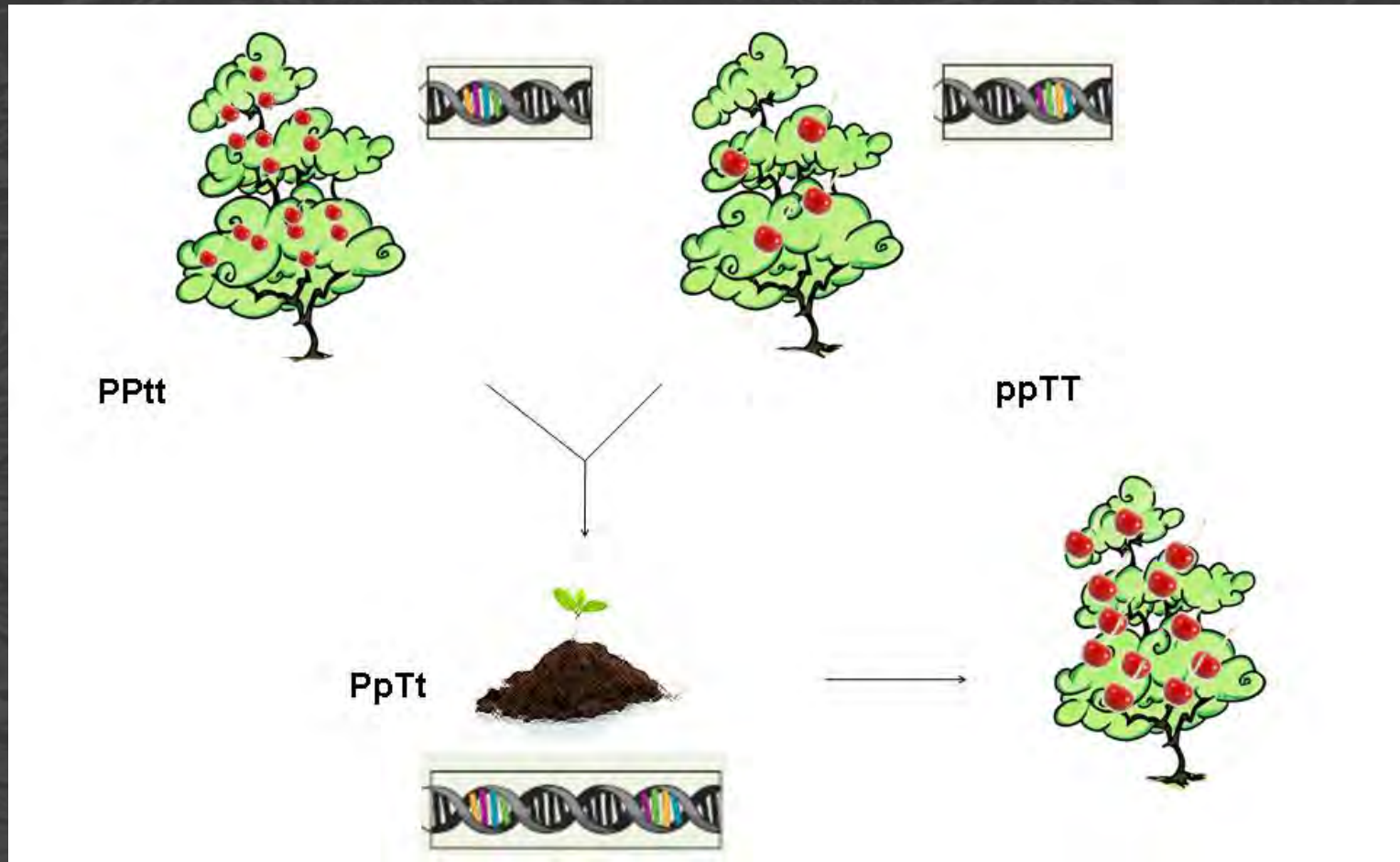
# ¿QUE SE PUEDE APRENDER DE LOS CEREALES?

## Integración de tecnologías genómicas para mejoramiento genético de frutales



# Mejoramiento genético asistido por marcadores

Si tenemos un marcador relacionado a una característica en especial, podemos buscar su presencia en un organismo y predecir su fenotipo.



Características de interés: cantidad, calidad, valor nutricional, resistencia a estrés biótica y abiótica y *otros de interes a ustedes*

# Familia ROSACEAE



*Malus domestica*



*Pyrus communis*



*Cydonia oblonga*



*Prunus cerasus*



*Prunus domestica*



*Fragaria x ananassa*  
*Fragaria vesca*\*



*Prunus persica*\*



*Prunus armeniaca*

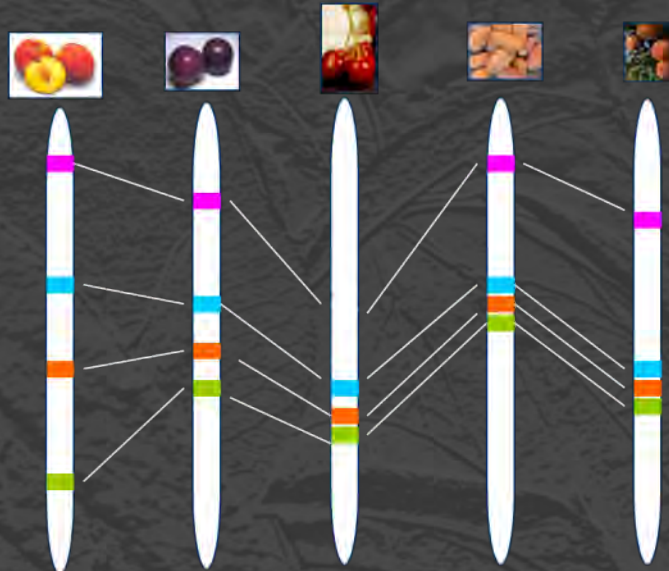


*Prunus dulcis*



*Prunus avium*\*

## International Peach Genome Initiative (IPGI)



## Sweet Cherry Genome Project

### Sweet Cherry Genome Sequencing Consortium

The blueprint for all biological processes in a sweet cherry is coded by its genome. However, due to its enormous size and complexity it is impossible to access this information all at once. The information can only be accessed in small increments, which necessitates piecing together the fragmented information. To solve the genomic puzzle we plan to capture its genome in about 12,000 manageable pieces called BAC clones. Each clone covers about 130,000 nucleotides each. In order to fit the genomic pieces in a continuum we plan to access additional genome information using 454 GS FLX Titanium technology. Random sequences generated de novo using this platform will be combined with sequences generated from BAC clones to develop a draft assembly of the sweet cherry genome.

We have initiated sequencing the Stella cultivar as it is the parent of most self-compatible sweet cherry varieties in production today. We plan to construct a 6X BAC library from this genotype by June 2010.

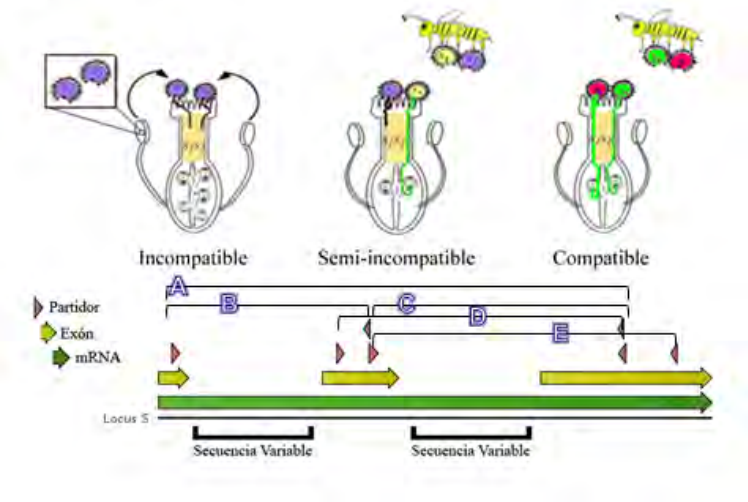
The sweet cherry consortium consists of WSU researchers Amit Dhingra, Nnadozie Oraguzie, Ananth Kalyanaraman and Matthew Whiting, Todd Einhorn, Oregon State University, Herman Silva, Universidad San Sebastián, Chile, Lee Ann Meisel.

## FUNDING PROVIDED BY



# Identificación molecular de grupos de compatibilidad en frutales

Locus S en cerezas.



VARIETIES	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
A																
B																
C																
D																
E																
F																
G																
H																
I																
J																
K																
L																
M																
N																
O																
P																

- Optimización de cruces para programas de selección de nueva variedades,
- Establecer modelos que optimicen la plantación de variedades compatibles en el campo.

Hemos genotipificado el locus S de 52 variedades de cerezas y establecido un modelo de variedades compatibles

# Marcadores moleculares para diferenciar entre distintas variedades de frutales

- Confirmación molecular de la identidad de variedades registradas y no-registradas
- Identificación de diversidad génica entre variedades
- Herramientas para programas de Mejoramiento Genético Asistido por Marcadores para desarrollar nuevas variedades

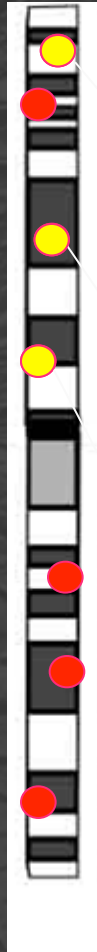
Summer Brite						
CBV50	Summer Sun					
CBV50	CBV30 (51)	Red Sun				
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	Rich May			
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	June Princes		
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	Saturno	
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	Neethling
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33
CBV50	CBV30 (51)	CBV48	CBV34 (51)	CBV33 (34, 50)	CBV27 (45)	CBV33

36 SSRs analizados en 47 variedades de cerezos

17 EST-SSRs en genes candidatos analizados en 19 variedades de durazno

# SNPs conservados entre Duraznos y Cerezas

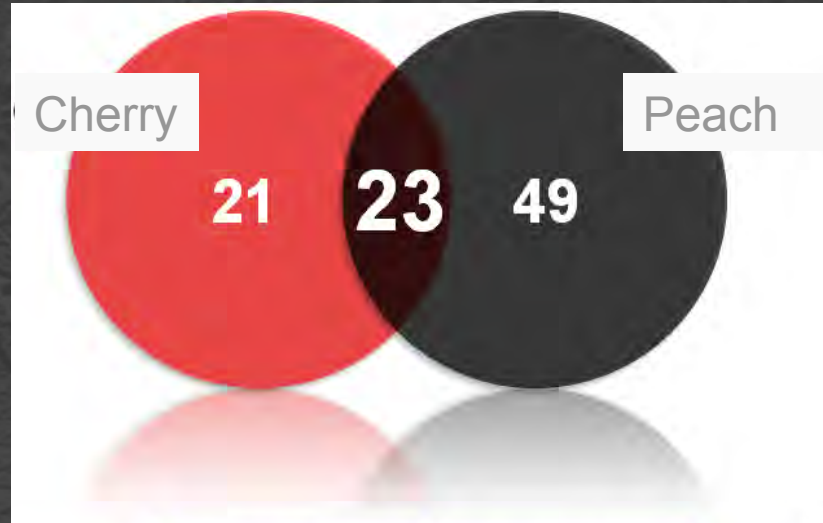
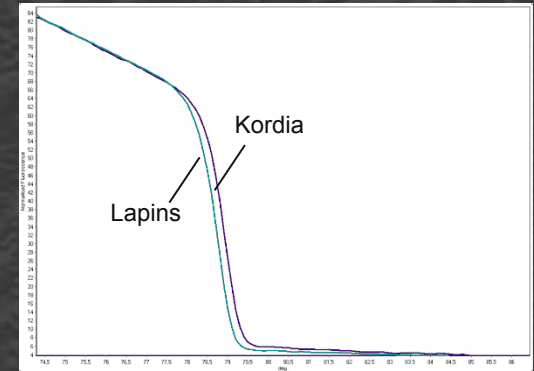
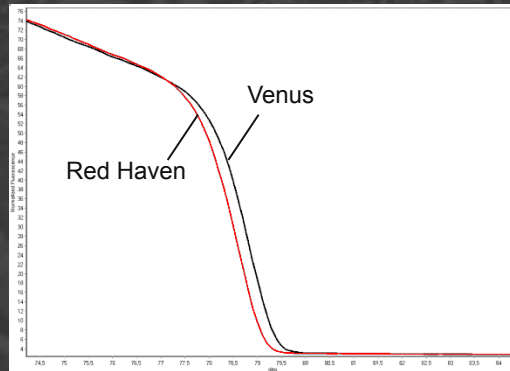
Individual A



Individual B



Peach Marker de **c1143** analyzed in peaches (left) and cherries (right)



...en 11 variedades de durazno y 4 de cereza

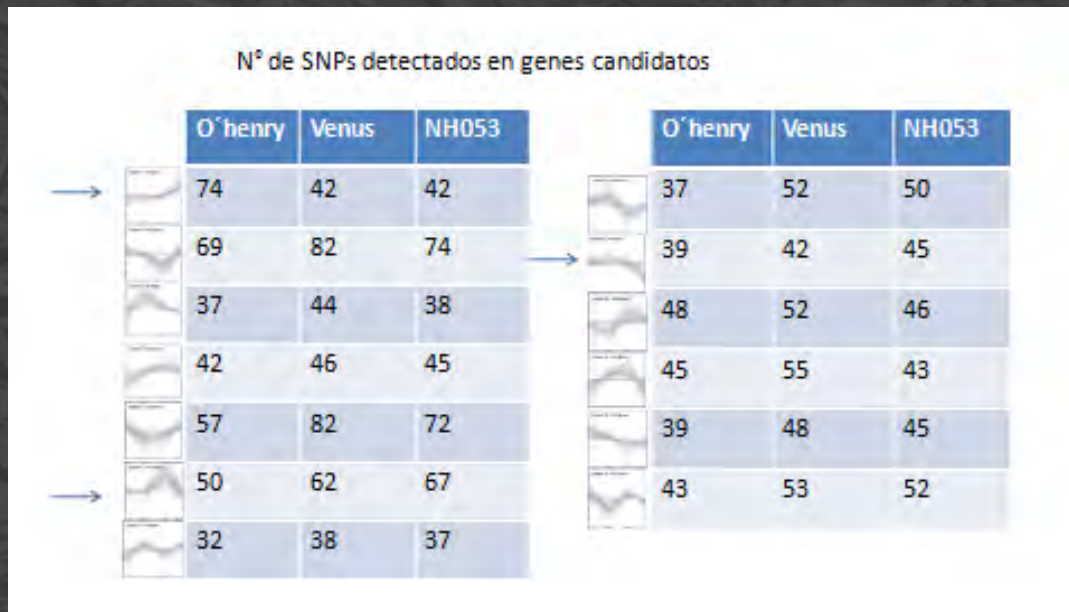


# Secuenciación tipo Illumina para identificar marcadores moleculares tipo SNP en genes candidatos en distintas variedades de duraznos

Coverage: Venus = 5X  
 O'Henry = 4X  
 NH053 = 4X

O'HENRY	NH-053	N° SNPs en el genoma de <i>P. persica</i>
Heterozygous	Homozygous	25,097
Homozygous	Heterozygous	33,566
Heterozygous	Heterozygous	22,738

**83,514 SNPs Heterozygous in Venus**



# Genotipificación masiva de poblaciones segregantes por SNPs utilizando beadchip

**6K Infinium Cherry Chip**

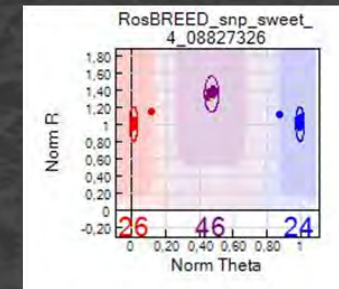
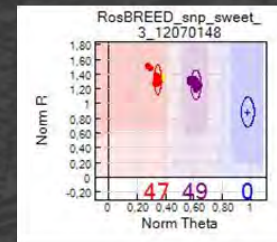
- Exonic SNPs
- Exclude Infinium I
- Sweet Cherry (4,180), tart cherry (1,551), RosCOS (227), candidate genes (2)

Downloadable excel file with direct link to GDR peach GBrowse

Index	Name	Address	Chr	Position	GenTrain Score
1553	RosBREED_snp_sweet_3_08421943	30788471	3	8421943	0,3567
5249	RosBREED_snp_tart_7_14097737	28714488	7	14097737	0,3602
12111	RosBREED_snp_sweet_2_20600176	61639330	2	20600176	0,4042
3965	RosBREED_snp_sweet_8_19869798	27601451	8	19869798	0,4232
3204	RosBREED_snp_sweet_7_01719690	19613493	7	1719690	0,4442
2634	RosBREED_snp_sweet_5_17099087	20748415	5	17099087	0,4457
5383	RosBREED_snp_tart_8_13959332	35642496	8	13959332	0,4457
2026	RosBREED_snp_sweet_4_10570155	62721407	4	10570155	0,4463
3860	RosBREED_snp_sweet_8_15592471	67673338	8	15592471	0,4469
975	RosBREED_snp_sweet_2_15090036	39707448	2	15090036	0,4471
1989	RosBREED_snp_sweet_4_08033698	11701473	4	8033698	0,4478
1059	RosBREED_snp_sweet_2_16733839	38614478	2	16733839	0,4481
3138	RosBREED_snp_sweet_5_25929687	16689467	5	25929687	0,4481
3692	RosBREED_snp_sweet_8_05588457	56753459	8	5588457	0,4481
4541	RosBREED_snp_tart_3_0531953	73628464	3	531953	0,4481
3671	RosBREED_snp_sweet_8_03811659	73607300	8	3811659	0,4483
874	RosBREED_snp_sweet_2_01435086	46607481	2	1435086	0,4489
1476	RosBREED_snp_sweet_3_03086237	18720491	3	3086237	0,4496
2185	RosBREED_snp_sweet_4_23720203	16749316	4	23720203	0,4536



Población segregante analizada (89 individuos y sus respectivos parentales)



Población segregante	SNPs no considerados	SNPs monomorficos	SNPs polimorficos	Total SNPs analizados
Cruza de dos variedades de cerezo	229	4527	940	5696

# RosBREEDs International Partners.



Plant Research Intl., NL  
East Malling Research, UK  
INRA - Bordeaux, Avignon & Angers  
CRA-FRU Rome

UNAB & U de Chile, Chile  
ARC, SA  
Plant & Food Research, NZ

# ~~ResB~~BREED bridges this chasm

## CHILE

Genomics  
Resources



**Genomics  
Research**



**Breeding  
Programs**



# Funding

- **Consorcio Bio-Frutales (PBCT)**
- **Genoma Funcional en Nectarines II (Iniciativa Genoma)**
- **Proyecto Bio-Cerezas (INNOVA-CORFO)**
- **Rosbreed**
- **Proyecto de colaboración con Finlandia (AKA/ CONICYT)**
- **Núcleo Milenio en Biotecnología Celular Vegetal (ICM)**
- **Proyectos REDES (ICM y PBCT)**
- **Proyecto Regular DI-UNAB**



# Lee A Meisel

Laboratorio de Genética Molecular Vegetal del  
Centro de Biotecnología Vegetal

## Present members:

Paula Vizoso – Alumna Doctorado - UNAB  
Carolina Klagges – Alumna Doctorado – UNAB  
Daniela Urbina – Alumna Doctorado – U de Chile  
Elena Barindelli - Bioquímico  
Fernanda Rodríguez – Bioquímico  
Nicolás Briceño –Bioquímico  
Ingrid Araya - Bioquímico  
Camilo Avendaño – Alumno Magister en Biotecnología  
Maira Rivera – Alumna Pregrado de Bioquímica  
Karen Mujica - Alumna Pregrado de Bioquímica  
Javier Cáceres - Alumna Pregrado de Biotecnología  
Valeria Robles – Alumna Pregrado de Bioquímica  
Sebastián Tapia – Alumno Pregrado de Biología

## Past members:

Ninoska Delgado – Bioquímico

## Colaboradores Internacionales:

Amy Iezzoni – Michigan State University (ROSBREED)  
Amit Dingra – Washington State University  
Yka Helariutta – Universidad de Helsinki, Finlandia

## Colaboradores Nacionales:

Herman Silva – U de Chile  
Rodrigo Infante – U de Chile  
Eduardo Gratacós – UCV

