BV37

**Desarrollo de metodologías genómicas de alto desempeño (Genotyping by Sequencing, GBS-ddRADseq) para el mejoramiento genético de ciruelo japonés (*Prunus salicina* Lindl)**

Acuña, C.1; Filippi, C. 1,3; Aguirre, N. 1,3; Gutierrez, A. 2,3; Servici, MF.1; Tosto, D. 1,3,4; Marcucci Poltri, S. 1; Hopp, E. 1,4

1. Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA. 2. Laboratorio de Investigaciones Botánicas. Universidad Nacional de Salta. 3. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. 4. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Email: acuna.cintia@inta.gob.ar

El ciruelo es una especie con distintas calidades y modalidades de adaptación a diversos ambientes, lo que lo hace un sistema interesante para valorizar diversidad genética. La mayoría de los ciruelos comerciales pertenecen a unos pocos cultivares introducidos, sin embargo, en el Delta del Río Paraná (Buenos Aires, Argentina) se seleccionaron diferentes cultivares de ciruelo japonés obtenidos durante décadas de cruzamientos que incluyeron a *Prunus salicina* e híbridos interespecíficos. En este contexto se destaca la importancia de un mayor conocimiento de la variabilidad existente en estos cultivares adaptados al clima templado-húmedo de la región, sumado al desarrollo de herramientas genómicas para el estudio y conservación de este recurso único.

El objetivo del trabajo fue poner a punto la metodología de GBS-ddRADseq en ciruelo japonés para su posterior utilización en la obtención de nuevos marcadores moleculares para la especie.

La puesta a punto de la metodología se realizó mediante la secuenciación de fragmentos de 310 a 410 pb, obtenidos mediante la digestión con las enzimas SphI y MboI, a partir del ADN genómico de dos individuos de fruto con pulpa amarila y roja, respectivamente. La secuenciación se realizó en equipo Miseq (Illumina), con lecturas paired-end (2x250 pb).

Las *reads* obtenidas fueron mapeadas contra el genoma de referencia de *P. persica* (Ppersica\_298\_v2.0), utilizando el software Bowtie-2 y los parámetros default. En promedio, el 65,55% de las *reads* mapearon al menos una vez contra la referencia. Para la detección de SNPs se utilizó el software Stacks y el módulo rxstacks para eliminar posibles falsos SNPs. Se consideraron sólo aquellos marcadores que fueron exitosamente genotipificados en ambos cultivares, obteniéndose 8849 SNPs en 4753 regiones secuenciadas (1,86 SNP por región polimórfica). Dichos SNPs se distribuyeron en los 8 grupos cromosómicos del genoma de referencia*.*

Mediante Blast2go, se asignaron posibles funciones biológicas al 68% de los fragmentos secuenciados, permitiendo la búsqueda de SNP en genes candidatos para calidad de fruto y otras características de interés en el cultivo.

En este trabajo se logró poner a punto la técnica de GBS-ddRADseq en *P. salicina.* El análisis de dos variedades de pulpa de diferente color permitió el desarrollo de una gran cantidad de nuevos marcadores moleculares en la especie. La información generada servirá como insumo para el desarrollo de un programa de conservación y mejoramiento genético de la especie.