

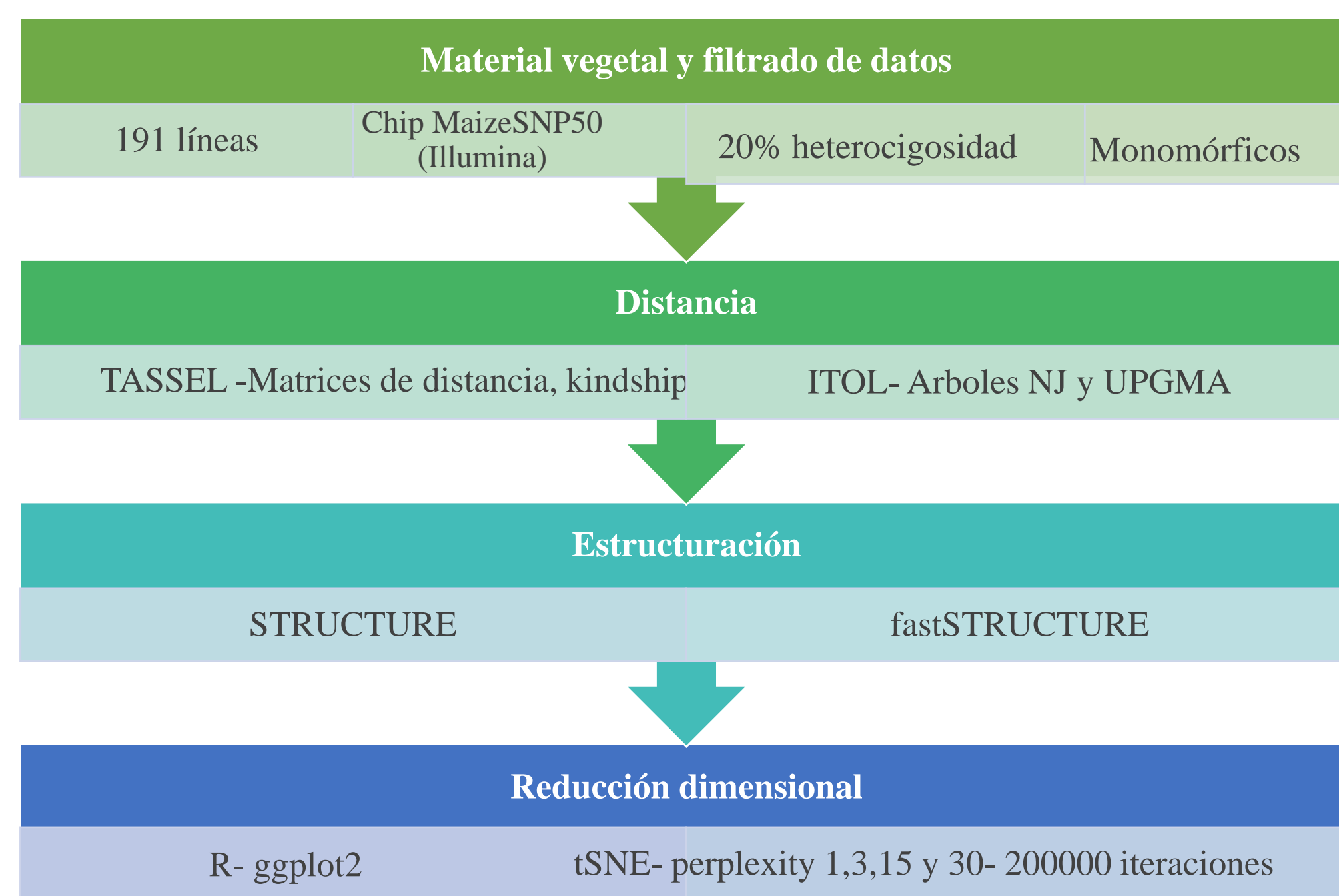
DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL EN MAÍZ TEMPLADO ARGENTINO A TRAVÉS DE MÉTODOS DE FILOGENÉTICA COMPUTACIONAL

Perdomo, S. I.¹, Baricalla, A.^{1,2} e Iglesias, J.^{1,3}
¹ UNNOBA ² CITNOBA - UNNOBA-CONICET. ³ INTA-EEA Pergamino

Objetivos

Evaluar la eficiencia de análisis y la obtención de información sobre la estructura genética de 191 líneas endocriadas, provenientes del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de INTA EEA Pergamino, mediante el uso de herramientas genéticas y de ciencia de datos.

Materiales y Métodos



Resultados

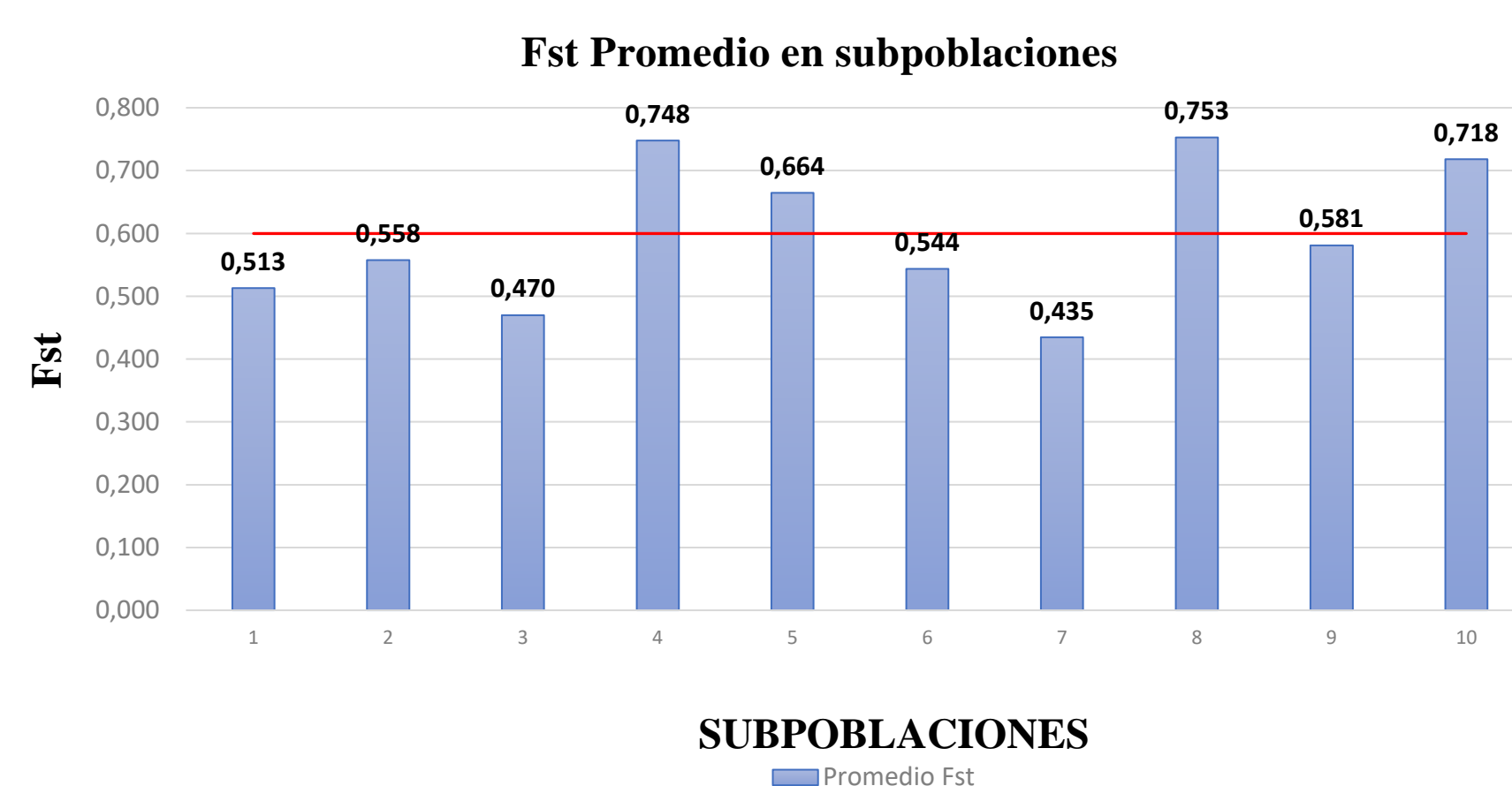


Fig. 1. Gráfico de los promedios de Fst (Índice de variación genética entre subpoblaciones) para cada subpoblación obtenida.

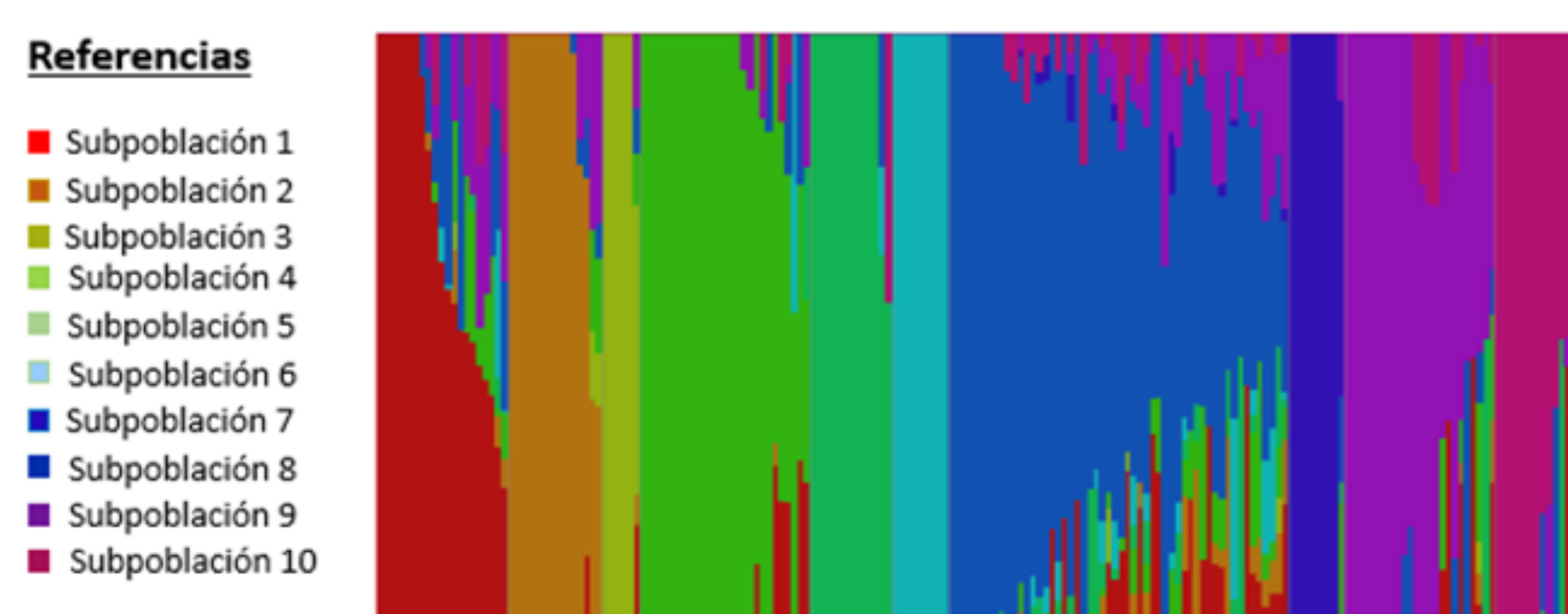


Fig.2. Representación gráfica de la matriz Q ajustada de K=10 generada con 44820 SNPs mediante fastSTRUCTURE a partir de un panel de 191 líneas endocriadas de maíz de INTA Pergamino.

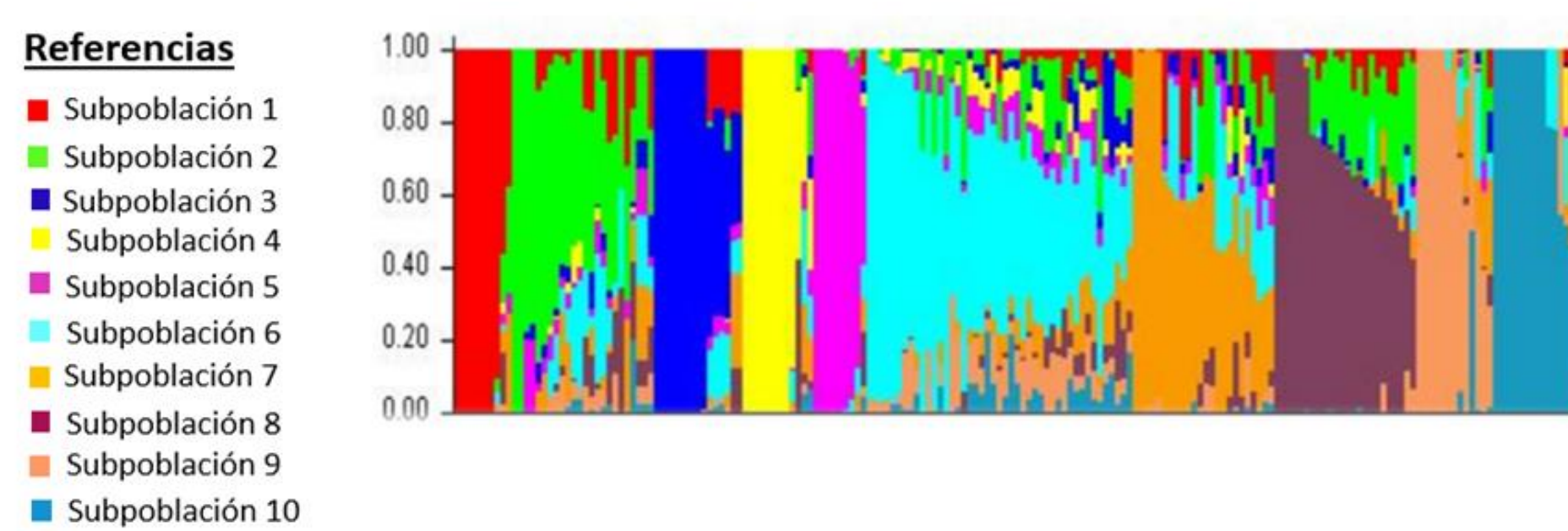


Fig.3. Representación gráfica de la matriz Q ajustada de K=10 generada con 44820 SNPs mediante Structure a partir de un panel de 191 líneas endocriadas de maíz de INTA Pergamino. Vista de las 10 sub-poblaciones.

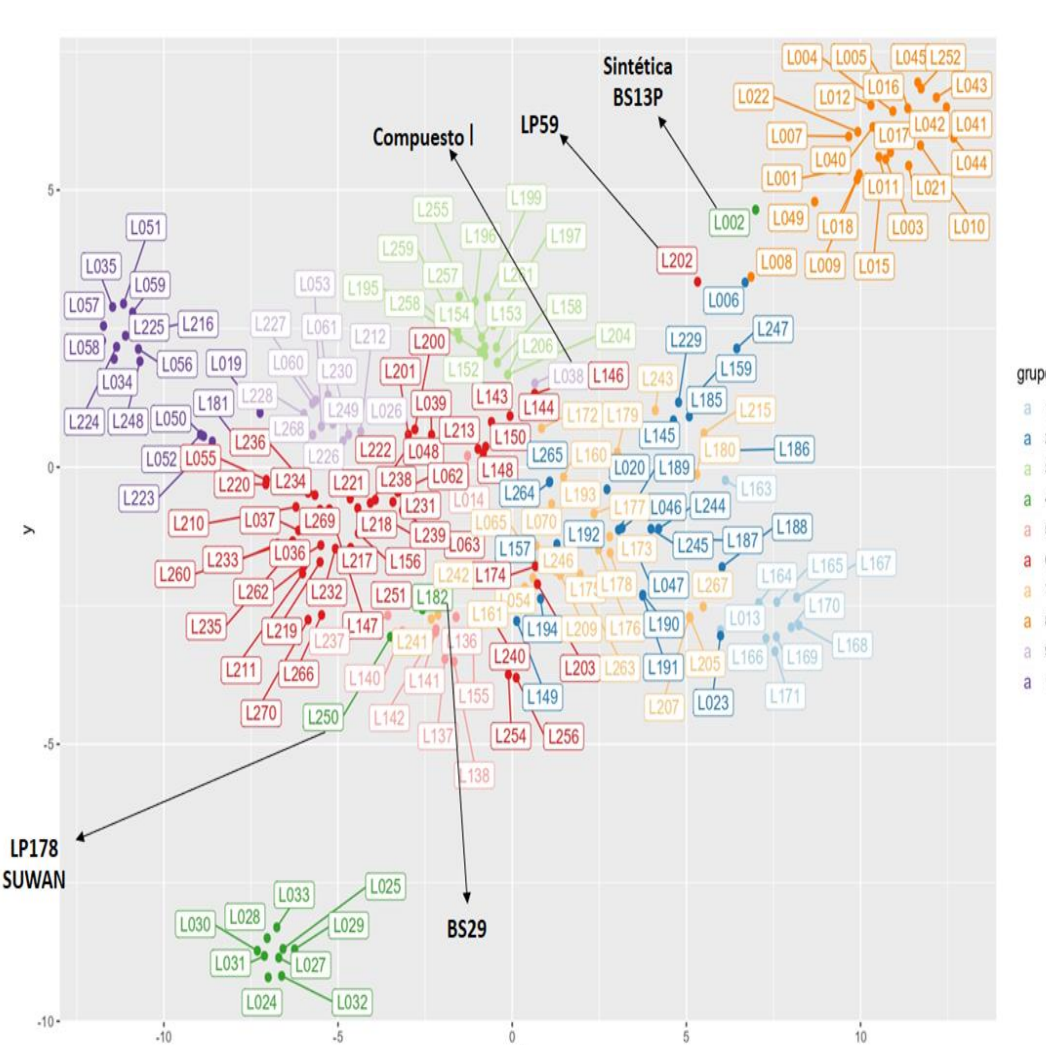


Fig.4. Representación gráfica de los agrupamientos en dos dimensiones realizado con t-SNE a partir de la matriz de PCA de un panel de 191 líneas endocriadas de maíz de INTA Pergamino. Perplexity=30, 200000 iteraciones.

Grupo	Orígenes de genotipos agrupados	N° de genotipos
1	Sintética BS13P (P11-0,513) (0411) F2 Híbrido AX888 F2	10
2	Sintética BS13P (P11-0,558) (LN23-073)-(N28-1999) Compuesto II Sintética líneas coloradas dura BSGA Rec. Set in P465/DJ F2 (CC209) F2 (CG271) F2 (DK638) (DK688) F2 (QJ03) B10A SR en P465 - DJ F2 (DK752-073) F2 - Fam. DK	24
3	Sintética Semientada Semprecor (P11-0,479) Sintética Semi Dentada Sintética de híbridos Pioneer Sintética de híbridos Pioneer - Fam. LP299-2 Compuesto Colorado Precor Flint-Dentada F2 - Fam. Arg-Canadá	15
4	Sintética BS13P (P11-0,748) Sintética 34 de INTA Leales (SR en Perg) B529 Suan	12
5	Sintética BS13P (P11-0,464) (LP581-LP562) F2 Sintética Semientada Semprecor B022-0,770	9
6	Compuesto I (P11-0,544) Población flint colorada LP122 x Learning Compuesto II LP126 Población SR2W Sya líneas coloradas dura BSGA Rec. Set in P465/DJ F2 (AX888) F2 (Híbrido x y a. 1000) F2 - Fam. LP111 (Híbrido sintético L 100) F2 (L1061201) F2 Compuesto Colorado Precor Compuesto Argentino Caribe Sintética Colorado Dura Compuesto BISS x Cuarentín Compuesto GSSS Sintética Colorado Dura - Fam. 125-r (LP125R x L196) F2 - Fam. 125-r Compuesto Argentino Caribe Sintética R4PC (A12 x L1571) F2 Comp. Práctico Flint x Microspemia SR en (L265 x DJ) F2 (S842 x LP125) x (P1338) F2 Compuesto Dentado 3-3-B Sintética de híbridos (ACA 2000) F2 LP123 Sintética Semientada (Sis Cuarentín) x (L1571 (Sis A))	45

Grupo	Orígenes de genotipos agrupados	N° de genotipos
7	(Sintética Líneas Arg) x (Líneas Canadá) (P11-0,435) P578 x LP116 (Cargil 280) F2 Compuesto I (AX828) F2 (AX842) F2 (AX840) F2 (AX880) F2 (FESTIVAL) F2 Flint-Dentada F2 - Fam. Arg-Canadá (B23487) F2 Población base amplia EE. UU. Suan (AX888) F2 (Sintética Líneas Arg) x (Líneas Canadá)	25
8	Sintética BS13P (P11-0,753) (LP561-BS13BS13) Compuesto BS13	24
9	Sintética 34 de INTA Leales (SR en Pergamino) (P11-0,851) LP911 x LP913 Población SR2W SR en P465-DJ F2 (P465-DJ)* x ZN6J2 - Fam. P465 (LP662-LP611) F2 Lanónes Argentina	11
10	LP911 x LP909 (P11-0,718) L196-LP122 LP521-L28 B529 Compuesto II Compuesto Argentino Caribe (L178 x L196) F2 - Fam. 122 (LP199-L178) F2 - Fam. 122 (L28-LP521) F2 - Sim. Colorado Dura	16

Tabla 1: Descripción de los orígenes de las líneas que conforman cada subpoblación según K=10 obtenido por inferencia bayesiana. *Basado en Olmos *et al.*, 2014.

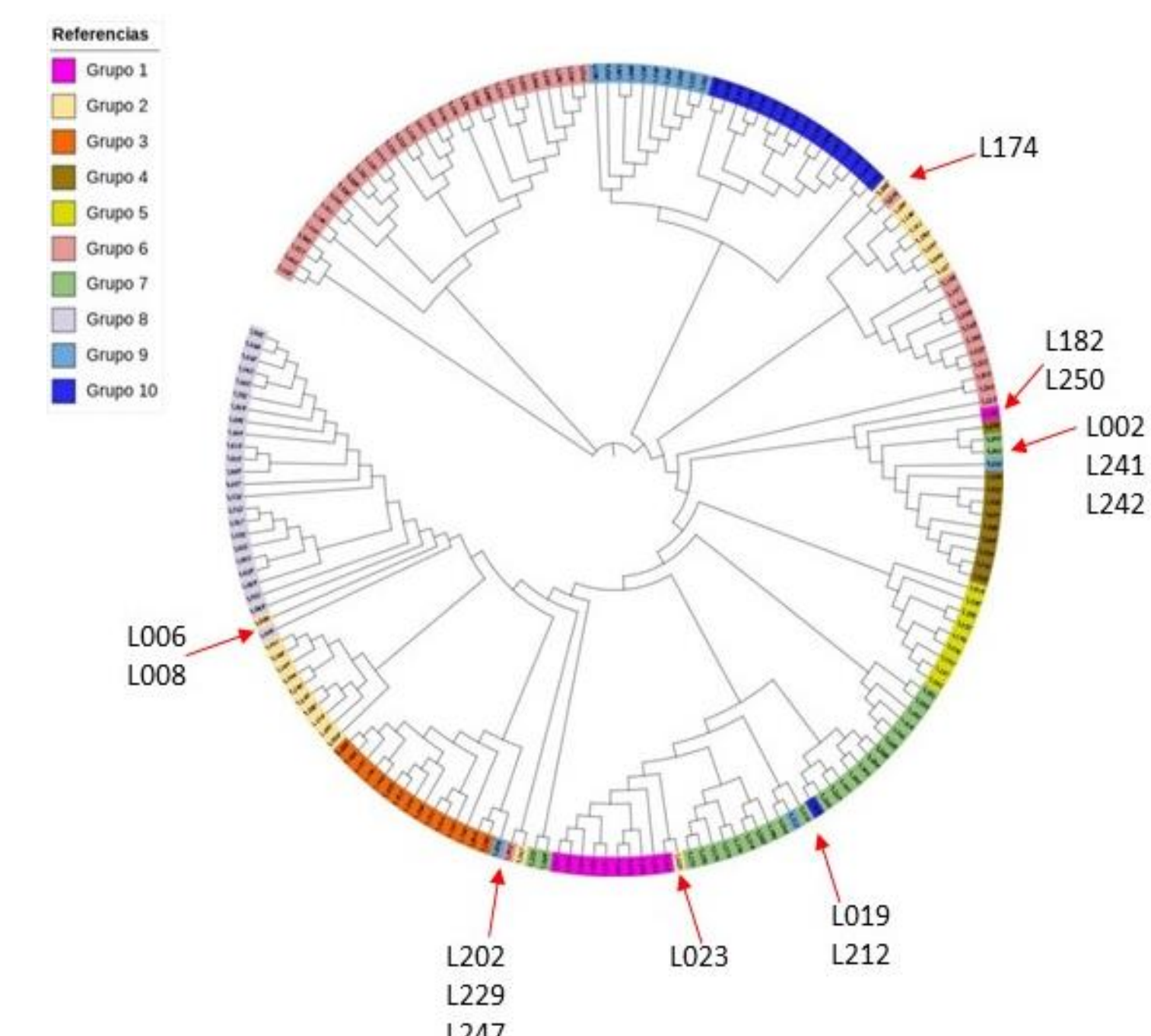
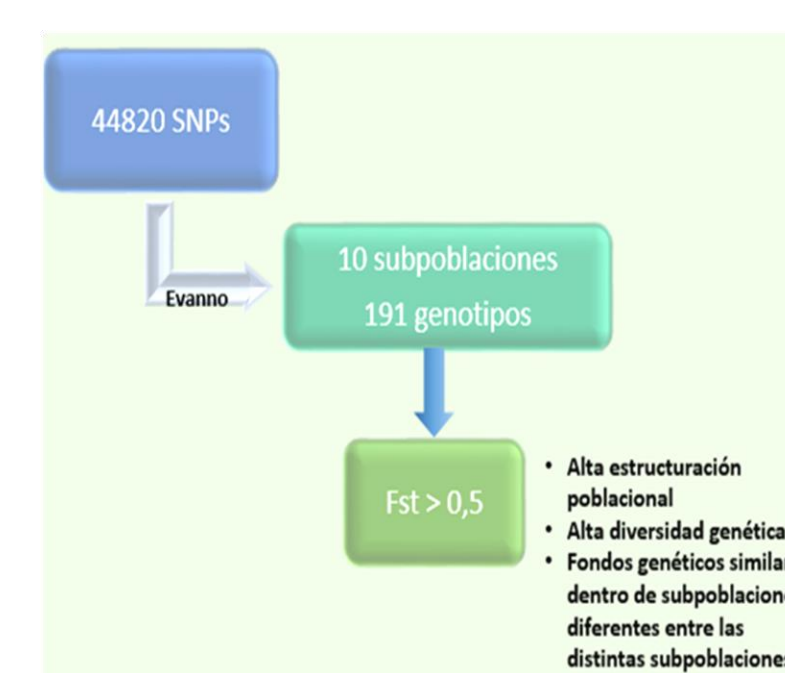


Figura 5. Representación gráfica del árbol de distancia NJ a partir de un panel de 191 líneas endocriadas del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de la EEA INTA Pergamino. Vista en colores de las 10 subpoblaciones. Las flechas señalan casos de líneas no agrupadas determinadamente en una subpoblación.

Conclusiones



	Softwares	
	STRUCTURE	fastSTRUCTURE
Servidor	Alto rendimiento	Servidor local CyVerse
Tiempo de ejecución	3 días	30 minutos
Determinación N° subpoblaciones	Calculo automático K=10	Calculo por método de Evanno a partir de STRUCTURE
Calidad de análisis	Igual precisión y potencia	

fastSTRUCTURE

1. Opción rápida de ejecutar y dinámica
2. Permite consolidar los agrupamientos obtenidos por STRUCTURE.
3. Requiere del soporte de otros métodos como es el caso de STRUCTURE Harvester.

tSNE

1. Mejor visualización de los datos espacialmente, ayudando a entender la distribución de los datos menos consolidados.
2. Dilucidar resultados obtenidos con facilidad, de manera práctica y con más detalle.

Finalmente, fue posible trabajar con una gran cantidad de datos, disminuyendo errores de cálculo, incorporando mayor relevancia y precisión en los análisis.