



69

ACTAS DE HORTICULTURA

SEPTIEMBRE
2014

Comunicaciones Técnicas
Sociedad Española de Ciencias Hortícolas

VII CONGRESO DE MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS

ZARAGOZA 2014

XIX Jornadas de Selección y Mejora
de Plantas Hortícolas

VII Seminario de Mejora General Vegetal

Editores: José María Álvarez
Mayte Espiau
Ana Garcés
Cristina Mallor
María José Rubio
Rafael Socías i Company

Zaragoza
16-18 de septiembre de 2014

BARLEYMAP: LOCALIZACIÓN FÍSICA Y GENÉTICA DE SECUENCIAS NUCLEOTÍDICAS Y ANOTACIÓN DE LOS LOCI VECINOS

C.P. Cantalapiedra¹, R. Boudiar¹, A.M. Casas¹, E. Igartua¹, B. Contreras-Moreira^{1,2}

¹ Estación Experimental de Aula Dei (EEAD-CSIC), Avda. Montañana, 1005, 50059 Zaragoza.

² Fundación ARAID, calle María de Luna 11, 50018 Zaragoza.

Palabras clave: cebada, bioinformática, marcadores, secuencia

INTRODUCCIÓN

El acceso de los mejoradores a la gran cantidad de información de secuencias de ADN ofrece grandes promesas, pero también retos técnicos importantes. El proceso BARLEYMAP fue diseñado para mapear las secuencias de ADN genómico y transcritos contra marcos genéticos/físicos de secuencias, teniendo en cuenta las necesidades de los mejoradores de cultivos como los principales usuarios potenciales. Aunque se ha puesto a punto para la cebada, este recurso está libremente descargable y disponible para su uso con cualquier otra especie con recursos genómicos similares a los de la cebada.

MATERIAL Y MÉTODOS

BARLEYMAP es un proceso bioinformático que reúne varios pasos de programación propia y los recursos de búsqueda de identidad de secuencias Blastn:Megablast (Altschul et al., 1997) y GMAP (Wu y Watanabe, 2005). Este proceso ofrece los lugares más probables de localización de secuencias de ADN problema en una serie de recursos genómicos disponibles para la cebada, permitiendo explotar la información de diversidad procedente de experimentos de re-secuenciación. Además, la aplicación proporciona listas de genes anotados y marcadores localizados en las proximidades, facilitando análisis posteriores. Se pueden incorporar fácilmente conjuntos de datos de marcadores pre-computados, por ejemplo los de las plataformas más empleadas por los mejoradores, para facilitar las búsquedas y referencias cruzadas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El rendimiento de este proceso se ha evaluado mediante el mapeo de dos conjuntos de transcritos y localizando las posiciones físicas y genéticas de cuatro colecciones de marcadores utilizadas para la genotipación de alto rendimiento en cebada. Además, las posiciones del genoma asignadas por BARLEYMAP se han comparado con las posiciones resultantes de la confección de un mapa genético para una población de líneas consanguíneas recombinantes (RIL) de cebada. La precisión del orden de las posiciones predichas por BARLEYMAP fue del 96%. Estos resultados ponen de manifiesto las ventajas e inconvenientes del estado actual del arte para los análisis genómicos *in silico* en la cebada. Una aplicación web para hacer uso de los datos de secuencia de la cebada está disponible en <http://floresta.eead.csic.es/barleymap>. Sin embargo, el proceso se puede configurar para cualquier especie con recursos de secuencias similares, para lo cual se ofrece una versión independiente totalmente funcional que está disponible para su descarga.

REFERENCIAS

- Altschul, S.F., Madden, T.L., Schaffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., Lipman, D.J. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* 25:3389-3402.
- Wu, T.D., Watanabe, C.K. 2005. GMAP: a genomic mapping and alignment program for mRNA and EST sequences. *Bioinformatics* 21:1859-1875.