

CONFERENCIA Sociedad Argentina de Genética

DESARROLLO DE NUEVAS HERRAMIENTAS GENÓMICAS PARA ZANAHORIA Y SU IMPACTO EN LA INVESTIGACIÓN Y EL MEJORAMIENTO

Cavagnaro P.¹. ¹CONICET- INTA EEA La Consulta, Fac. Cs. Agrarias, UNCuyo, Argentina.

cavagnaro.pablo@inta.gob.ar

En la última década se han desarrollado herramientas moleculares y genómicas para asistir la investigación y el mejoramiento en zanahoria y especies relacionadas. Inicialmente, el desarrollo de librerías génicas (EST) y genómicas (BAC) permitió el anclaje de mapas genéticos de zanahoria a sus respectivos cromosomas, el desarrollo de cariotipos basados en hibridación *in situ* fluorescente (FISH), mapas citogenéticos comparativos entre especies de Apiaceae, y el desarrollo de grandes cantidades de marcadores moleculares SSRs y SNPs. La inclusión de estos marcadores basados en secuencias en diversos mapas de ligamiento (puntos de anclaje) construidos en diferentes acervos genéticos de zanahoria permitió abordar estudios de mapeo comparativo y la integración de los principales mapas que contenían caracteres de herencia simple y QTL de importancia agronómica, nutricional y económica. El desarrollo de plataformas de secuenciación masiva (*Next Generation Sequencing*), sumado a los recursos anteriores, facilitó la secuenciación y ensamblado de los genomas nuclear, plastídico y mitocondrial de zanahoria, revelando particularidades evolutivas y estructurales de los mismos. Desde su publicación en el 2016, la secuencia del genoma ha facilitado y acelerado la identificación de genes candidatos para caracteres claves, incluidos genes que controlan carotenogénesis y pigmentación con antocianos, caracteres asociados al sabor, y resistencia a estreses bióticos y abióticos. Se espera un gran impacto de estas nuevas herramientas en los programas de mejoramiento de zanahoria.
