

AGRIGENÓMICA Y SU IMPORTANCIA EN EL DESARROLLO DE LA AGRICULTURA.

Natasha Gómez.

Lic en Biología. ROCHEMBIOCARE Panamá.S.A,
email: natasha.gomez@rochembiocarepanama.com

La agrigenómica es el estudio integral del funcionamiento, el contenido, la evolución y el origen de toda la información genética contenida en los cultivos agrícolas y ganaderos. Es una rama que está teniendo mucho auge y crecimiento en los últimos años.

Las instrucciones que determinan todas las características y funciones de un organismo se encuentran en su material genético: el ADN (ácido desoxirribonucleico). El ADN tiene la función de “guardar información”. Además, a través del ADN se transmiten esas características a los descendientes durante la reproducción, tanto sexual como asexual. Todos los seres vivos tenemos ADN en cada una de nuestras células.

La agrigenómica ha tenido un importante auge en los últimos años, sobre todo gracias a las tecnologías avanzadas de secuenciación de ADN, a los avances en bioinformática, y a las técnicas cada vez más sofisticadas para realizar análisis de genomas completos, totalidad del material genético que posee un organismo.

Los genomas que han sido secuenciados han sido muy útiles para la humanidad, pero son una mínima parte del total de genomas existentes. La secuenciación de estos genomas está aportando una información muy valiosa para el tratamiento de enfermedades, la agricultura y la biotecnología. Las secuencias genómicas completas de mamíferos ayudarán al entendimiento de la evolución y función del genoma, mejoramiento de especies, prevención de enfermedades, entre otros. La implantación de la genómica en el mundo de la agricultura ha venido a mejorar especies, aumentar producciones y, también, a tener un mayor control sobre los productos hortofrutícolas al conocer mucho mejor su composición.

Para lograr estos avances en el sector agrícola es necesario contar con las herramientas necesarias para poder obtener toda esa información genética de todas las plantas y animales involucradas en el rubro agrícola y construir una base de datos para que se pueda comparar y analizar toda esa información y lograr tener respuestas valiosas que nos puedan ayudar a resolver problemas de interés. Esta herramienta principal para poder obtener toda esta información genética se llama secuenciación. La secuenciación del ADN es un conjunto de métodos y técnicas bioquímicas cuya finalidad es la determinación del orden de los nucleótidos (A, C, G y T), el código genético. La secuencia de ADN constituye la información genética heredable que forman la base de los programas de desarrollo de los seres vivos. Hasta la fecha, cientos de especies han sido secuenciadas con alta cobertura, y estos datos están disponibles en bases de datos públicas.

Aunque un alto porcentaje del genoma es el mismo para la mayoría de los individuos que pertenecen a la misma especie, hay algunas posiciones en las que existe variabilidad interindividual. Estas posiciones se llaman polimorfismos o variaciones de ADN. Los

polimorfismos pueden implicar sustituciones de bases, inserciones, deleciones o repeticiones. Es decir, un polimorfismo es una variación en la secuencia de un lugar determinado del ADN en los cromosomas (locus) entre los individuos de una población.

Un polimorfismo puede consistir en la sustitución de una simple base nitrogenada (por ejemplo, la sustitución de una A (adenina) por una C (citosina) o puede ser más complicado (por ejemplo, la repetición de una secuencia determinada de ADN, donde un porcentaje de individuos tenga un determinado número de copias de una determinada secuencia).

Los cambios poco frecuentes en la secuencia de bases en el ADN no se llaman polimorfismos, sino más bien mutaciones. Para que verdaderamente pueda considerarse un polimorfismo, la variación debe aparecer en al menos el 1% de la población.

Un uso importante de los polimorfismos es la creación de perfiles genéticos. Para este cometido son especialmente útiles aquellos polimorfismos que se basan en patrones repetidos un cierto número de veces.

Los avances en las tecnologías de secuenciación de ADN ahora nos permiten aislar el ADN (o ARN) de múltiples tipos de muestras, amplificar y secuenciar regiones del genoma y secuenciar genomas completos. La agricultura es uno de los muchos campos en los que la genómica está teniendo un impacto sustancial.

Desde principios de la década de 1990, los esfuerzos para mejorar estos métodos han sido intensivos, pero su implementación ha sido limitada y, por lo tanto, la mejora genética general de las especies criadas ha sido limitada.

Los avances en las tecnologías genómicas, el desarrollo de matrices de genomas y el advenimiento de plataformas NGS han impulsado la capacidad de los investigadores para buscar mutaciones que subyacen a la variación en rasgos complejos. Los resultados obtenidos a partir de estudios a gran escala en grandes poblaciones se pueden utilizar para dirigir a los mejoradores de animales y plantas en la implementación de la selección genómica (GS).

GS se basa en el principio de que la información de un gran número de marcadores se puede utilizar para estimar los valores de reproducción sin tener un conocimiento preciso de dónde se encuentran los genes específicos. En GS, los EBV (también llamados gEBV) se calculan a partir del efecto acumulativo de un gran número de marcadores genéticos que cubren todo el genoma, y estos valores se utilizan para obtener nuevos candidatos potenciales de mejora genética.

Un método que permite a los investigadores obtener datos de secuenciación a un precio razonable y utilizarlos para fines de genotipado es el GBS (según lo definido por Buckler et al, 2010). Debido a que GBS no necesita un conocimiento a priori de la secuencia que se estudia, tiene algunas ventajas sobre los métodos basados en matrices en los casos en que el espaciamiento de los marcadores a lo largo de los cromosomas no está disponible. Se usa ampliamente en especies donde se desconoce el genoma de referencia. GBS reduce la complejidad del genoma mediante el uso de bibliotecas de representación reducida (RRL). Estas bibliotecas se construyen fragmentando el genoma en estudio mediante el uso de enzimas de restricción (RE). Como las RE cortan motivos de secuencia específicos, RRL se dirige a una región específica del genoma. Los fragmentos resultantes se pueden usar para la secuenciación de alta cobertura. El uso de adaptadores con código de barras también permite el estudio de múltiples secuencias al mismo tiempo, un proceso llamado multiplexación.

Actualmente en Panamá cuenta con la tecnología de NGS, la cual se está comenzando a implementar en el sector agropecuario, en donde se cuenta con el equipo MiSeq, secuenciador de próxima generación, en el cual ya se puede implementar un kit de genotipado bovino llamado TruSeq Bovino y cuenta con las siguientes ventajas:

- Contenido mejorado que aumenta el valor. El panel de secuenciación incluye todo el contenido
- recomendado por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG), además de rasgos económicamente significativos y asociados a enfermedades.
- Una solución sólida que controla los gastos Su diseño de contenido inteligente, alta precisión y fiabilidad eliminan la necesidad de realizar o repetir las pruebas, con su consiguiente gasto.
- Un software intuitivo que simplifica la interpretación de datos El software de análisis convierte los resultados de la secuenciación en llamadas de genotipos de manera automática sin necesidad de conocimientos bioinformáticos.

Contenido del panel de secuenciación de linaje bovino TruSeq:

- Descripción N.º de SNP
- SNP utilizados para evaluación de linajes
- Dianas de SNP principales de la ISAG 100
- Dianas de SNP adicionales de la ISAG 100
- Dianas variantes asociadas a enfermedades/trastornos genéticos
- Trastornos mortales prenatales/perinatales (HH1, HH3, HH4, MH1, etc.) 12
- Trastornos mortales postnatales/en adultos (citrulinemia, distonía muscular congénita, cardiomiopatía, mioclonía, etc.) 17
- Trastornos no mortales (síndrome de Marfan, raza Mulefoot, protoporfiria, hemofilia A, etc.) 19
- Dianas variantes asociadas a razas económicamente valiosas
- Fertilidad en machos 1
- Crecimiento y aspecto 4
- Calidad de la carne 4
- Calidad de la leche 6
- Número total de dianas de SNP/variantes 263

El panel de secuenciación de linaje bovino TruSeq es una solución de gran valor para pruebas de linaje de varias razas de ganado bovino lechero y cárnico. Al ofrecer más información en un solo ensayo que las pruebas de linaje por si solas, los laboratorios de servicios pueden utilizar el panel de secuenciación de linaje bovino TruSeq para realizar recomendaciones de gestión de ganado más informadas.

El panel de secuenciación de linaje bovino TruSeq facilita la transición a genotipados basados en SNP para la determinación de linajes en el ganado. Con todos los rasgos económicamente significativos, los marcadores asociados a enfermedades y el contenido recomendado por la ISAG, el panel de secuenciación de linaje bovino TruSeq maximiza la información obtenida desde una sola prueba. El contenido adicional económicamente valioso y asociado a enfermedades permite que los laboratorios de servicios realicen recomendaciones más informadas sobre la gestión de ganados. La alta precisión y fiabilidad de la secuenciación de Illumina reducen la cantidad de pruebas necesarias, así como el tiempo hasta obtener la respuesta, lo que redundará en una mayor eficiencia y unos menores gastos.