

SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES (SAM) PARA APILAMIENTO DE GENES DE RESISTENCIA A LA ROYA ASIÁTICA EN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE SOJA

Bioq. Miori Uno

Instituto de Biotecnología Agrícola – INBIO
Programa de mejoramiento genético de soja



6 y 7 Agosto 2025

SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES (SAM) PARA APILAMIENTO DE GENES DE RESISTENCIA A LA ROYA ASIÁTICA EN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE SOJA

Es una enfermedad más importantes que afectan a la soja ocasionando pérdidas de hasta 80%

**POR QUE APILAR
GENES DE
RESISTENCIA A LA
ROYA?**



Disminución de sensibilidad a fungicidas químicos

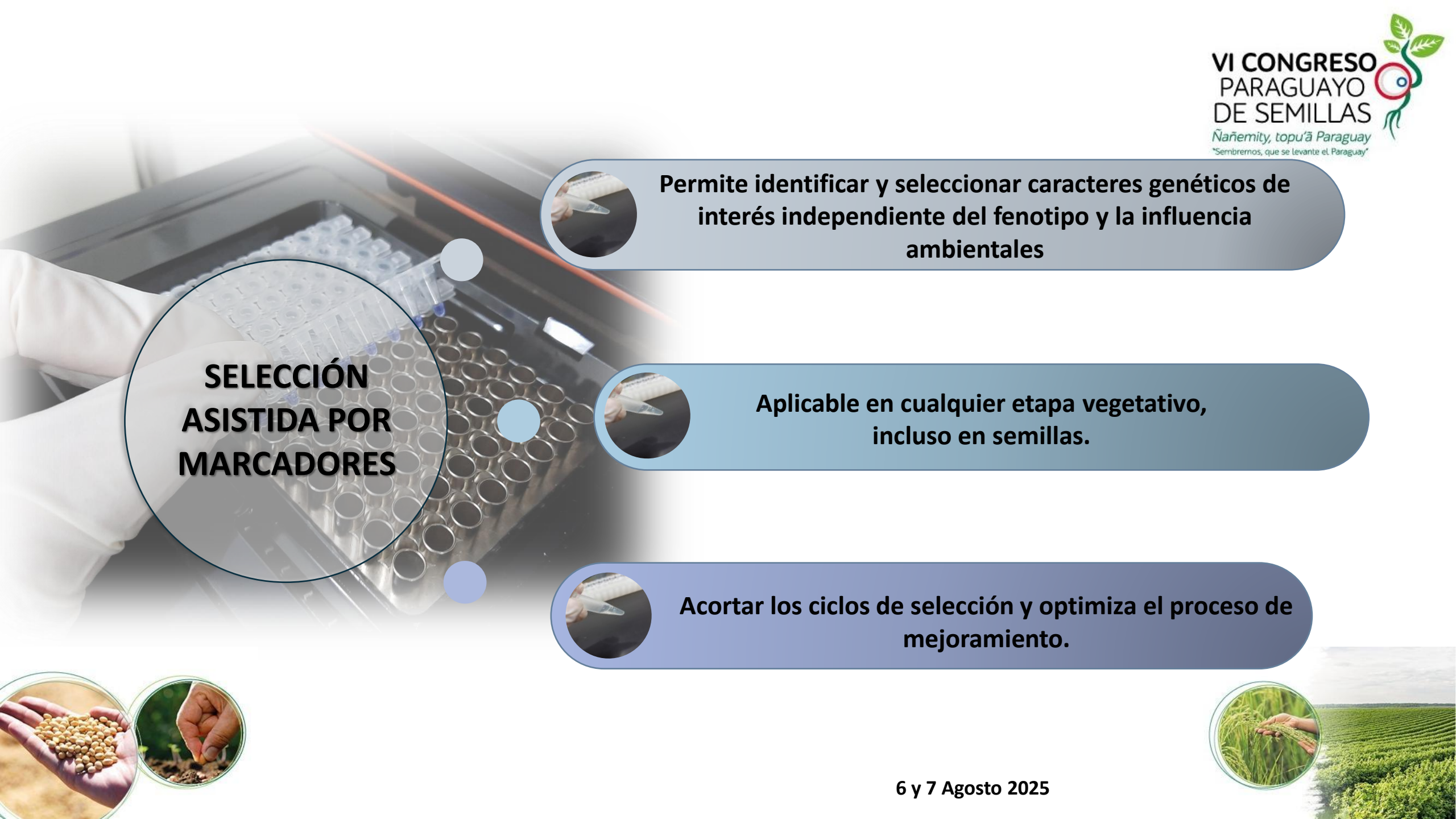


Quiebra de resistencia conferida por un único gen



Aumenta el nivel de resistencia y ampliar el espectro frente a la diversidad patogénica de roya





SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES



Permite identificar y seleccionar caracteres genéticos de interés independiente del fenotipo y la influencia ambientales



Aplicable en cualquier etapa vegetativo, incluso en semillas.



Acortar los ciclos de selección y optimiza el proceso de mejoramiento.

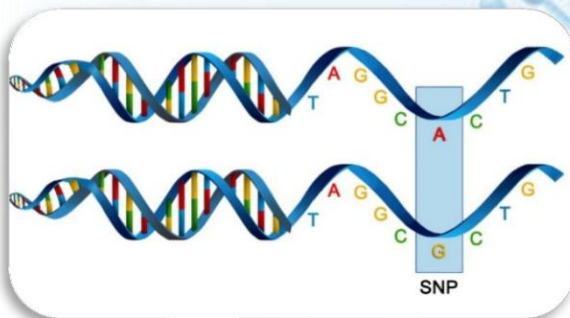


MARCADORES MOLECULARES

Un **segmento de ADN** con una ubicación física identificable en un cromosoma. Un gen, o alguna sección del ADN sin función conocida.

Se usan para **"marcar"** la **posición de un gen o la herencia** de una característica particular

Una **forma indirecta de rastrear el patrón hereditario** de un gen que todavía no ha sido identificado, pero cuya ubicación aproximada se conoce.



TTGCCAGCAGCAGATCGAATGTC...
TTGCCAGCAGCAGCAGCAGATCGAATGTC...

STRP

TTGCCAGCAGCAGCAGCAGATCGAATGTC...
TTGCCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGATCGAATGTC...

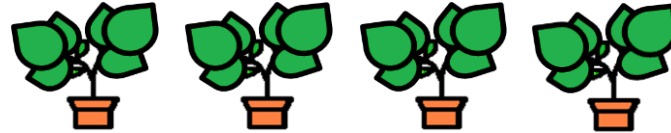
6 y 7 Agosto 2025



PROCESOS PARA LA SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES



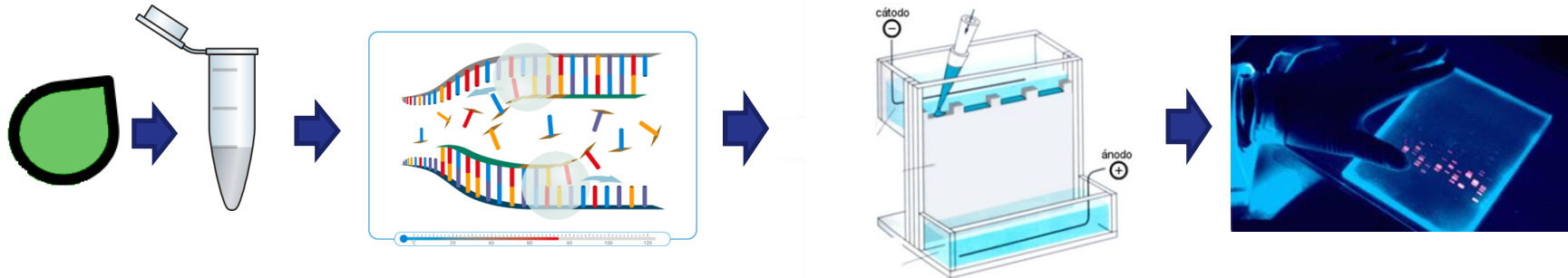
F1



F2



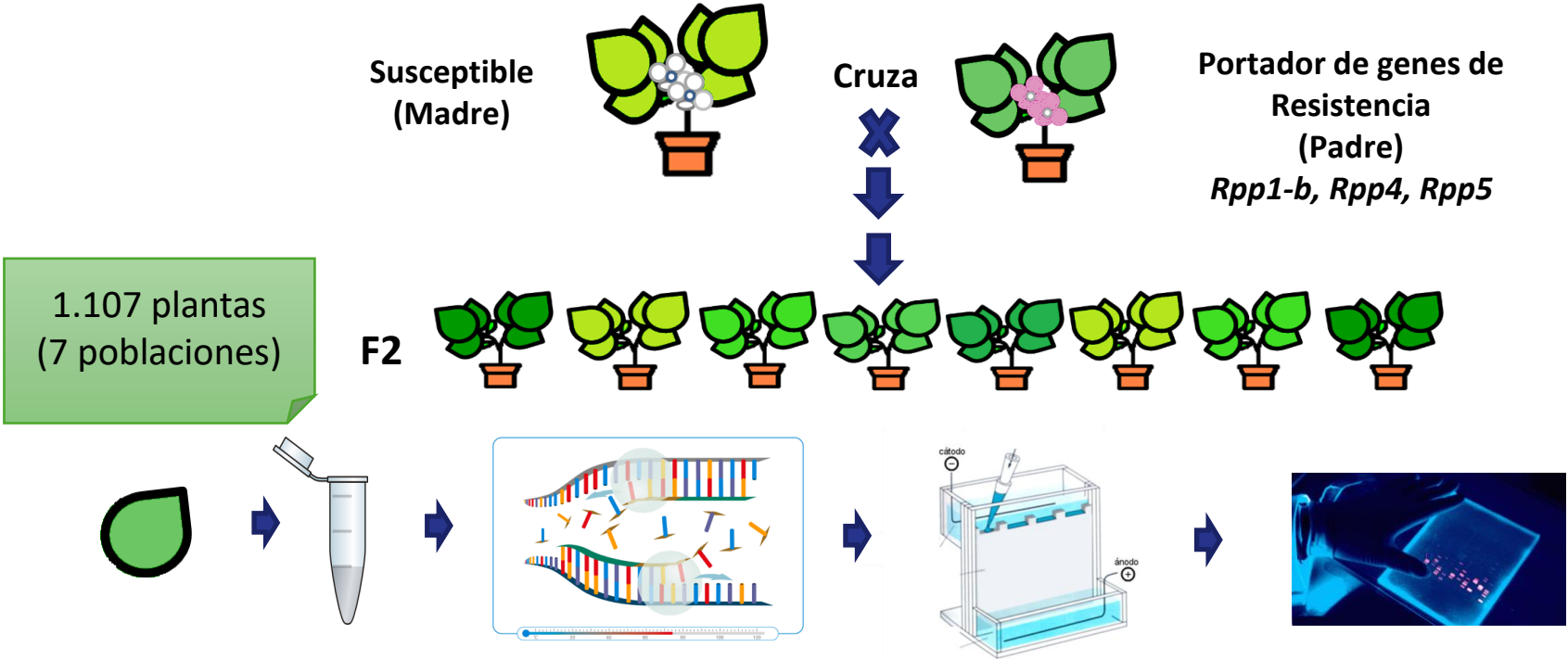
1.107 plantas
(7 poblaciones)



6 y 7 Agosto 2025



PROCESOS PARA LA SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES



Gen	Marcadores
<i>Rpp1-b</i>	SSR18_1863, SSR18_1864 y SSR24
<i>Rpp4</i>	Satt288, SSR18_1576 y SSR18_1580
<i>Rpp5</i>	Sat_280 y Sat_275

Pasos	Temperatura (°C)	Tiempo (min)
1. Precalentamiento	96	2
2. Desnaturalización	94	1
3. Hibridación	48	1
4. Extensión	68	1
5. Conservación	10/4	

*Repetir paso 2 a 4 por 32 ciclos

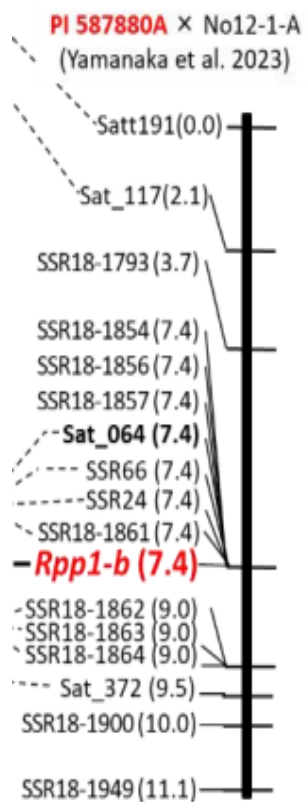
Tabla 11. Marcadores SSR flanqueando los genes *Rpps*. Cada uno de los marcadores upper (U) y lower (L) son utilizados para MAS. En caso de que 2 marcadores esten listados para un flanco, el marker 1 anula al marker 2.

		Marker	Forward primer (5'-3')	Reverse primer (5'-3')
Rpp1	U_marker	Sct_187	CATGCTCCCATCTCT	AACATTGGCTTTTACTTAG
	L_marker_1	Sat_064	TAGCTTTATAATGAGTGTGATAGAT	GTATGCAAGGGATTAATTAAG
	L_marker_2	SSR66	AGATTGGGTGAGAACATAAG	GGAGAGCGTAAAAGAAATTC
Rpp1-b	U_marker_1	SSR66	AGATTGGGTGAGAACATAAG	GGAGAGCGTAAAAGAAATTC
	U_marker_2	Sat_064	TAGCTTTATAATGAGTGTGATAGAT	GTATGCAAGGGATTAATTAAG
	L_marker_1	SSR18-1864	TGAATGATATATGTTTTCGAAGA	CAATAGAGCCGGATGGATGT
	L marker 2	Sat_372	GCGTCTCGAGGTAATTATCTATTTATCTTTT	GCGAGTTTGGTAACATCGAGTATTGAT
Rpp2	U_marker_1	Satt620	GCGGGACCGATTAAATCAATGAAGTCA	GCGCATTTAATAAGGTTTACAAATTAGT
	U_marker_2	SSR16_0895	CATTCCCCAAGGCACATATT	TGGTCTTTCTATGGCAGGG
	L_marker_1	SSR16_0908	TGCCCTACGATCTCTACGAAA	CGGACAAATGATCAGACCAA
	L_marker_2	SSR16_0912	TCGGGTGCTGCTAAAAATTC	AGTCAAAGGGGCTCTTGCTT
Rpp3	U_marker_1	Sat_238	GCGCTGAGACGTTTGTGATTGTTTGTA	GCGGTGCATGCAATTCTAGTTAGATATT
	U_marker_2	Satt460	GCGCGATGGGCTGTTGGTTTTAT	GCGCATACGATTTGGCATTITTTCTATTG
	L_marker_1	SSR06_1521	CAACCTCCCACCACTAAACTG	CCCTTTAGCCTTTTCTTTC
	L marker 2	SSR06_1530	CTTTTGAGTTTTGCCTCCA	AGTCAAAGGGGCTCTTGCTT
Rpp4	U_marker_1	Satt288	GCGGGGTGATTTAGTGTGTTGACACCT	GCGCTTATAATTAAGAGCAAAAAGAAG
	U_marker_2	Sc21_2922	GACTCAACTCATCCGTGC	GAACATATACAAAGGAAGCAT
	L_marker_1	SSR18_1576	TTTTGCACTCCCTGATGGAT	AACAGGGAATACATGCCAAA
	L_marker_2	SSR18_1580	TGCCAAGAACTATAGGCCG	TGAGTTTCCCTGGTAGTGTGG
Rpp5	U_marker	Sat_275	GCGCGCTGGCAATTATTCAAACTTAACGAT	GCGAAGGCTACGGTGAATAGAAAGGAC
	L_marker	Sat_280	GGCGGTGGATATGAACTTCAATAACTACAA	GGCGGGCTTCAAATAATTACTATAAACTACGG
Rpp6	U_marker	Satt324	GTTCCAGGTCCACCATCTATG	GCGTTTCTTTTATACCTTCAAG
	L_marker_1	SSR18_0392	AAAATTTTCACTCCGGTCATT	ACTGCAGGAGCAAGAACCTC
	L_marker_2	SSR18_0408	GCAACAGGATTTGGAGCTGT	TGTGGTCTCGGTAGCCTTCT

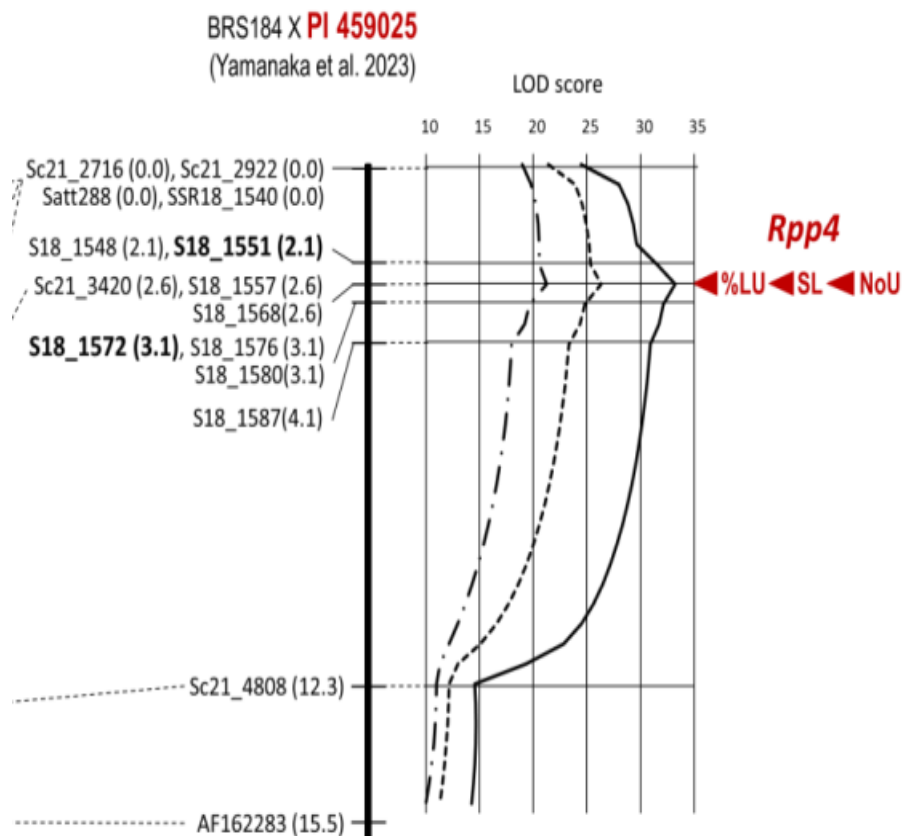
Fuente:Yamanaka et.al



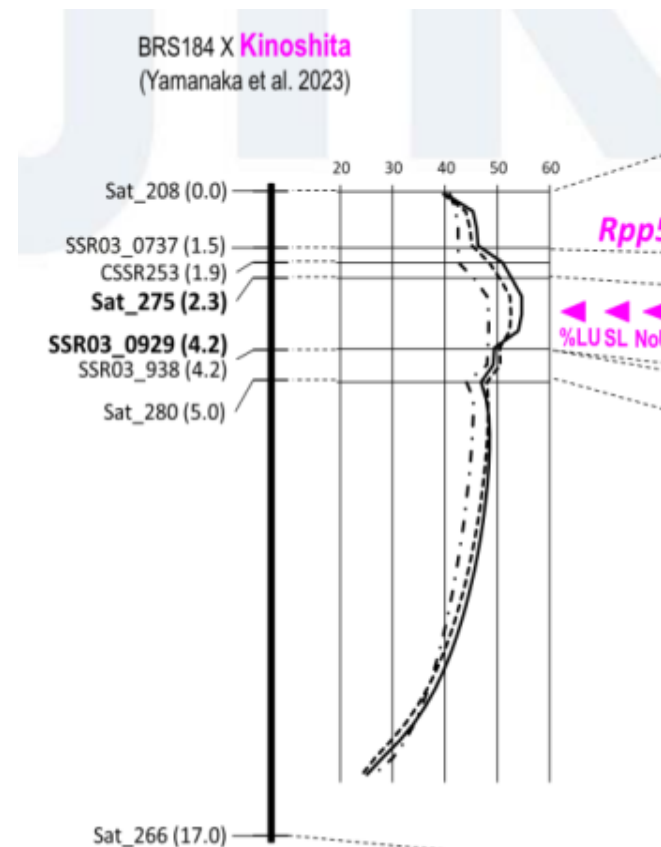
Rpp1-b
Cr 18 (LG G)



Rpp4
Cr 18 (LG G)



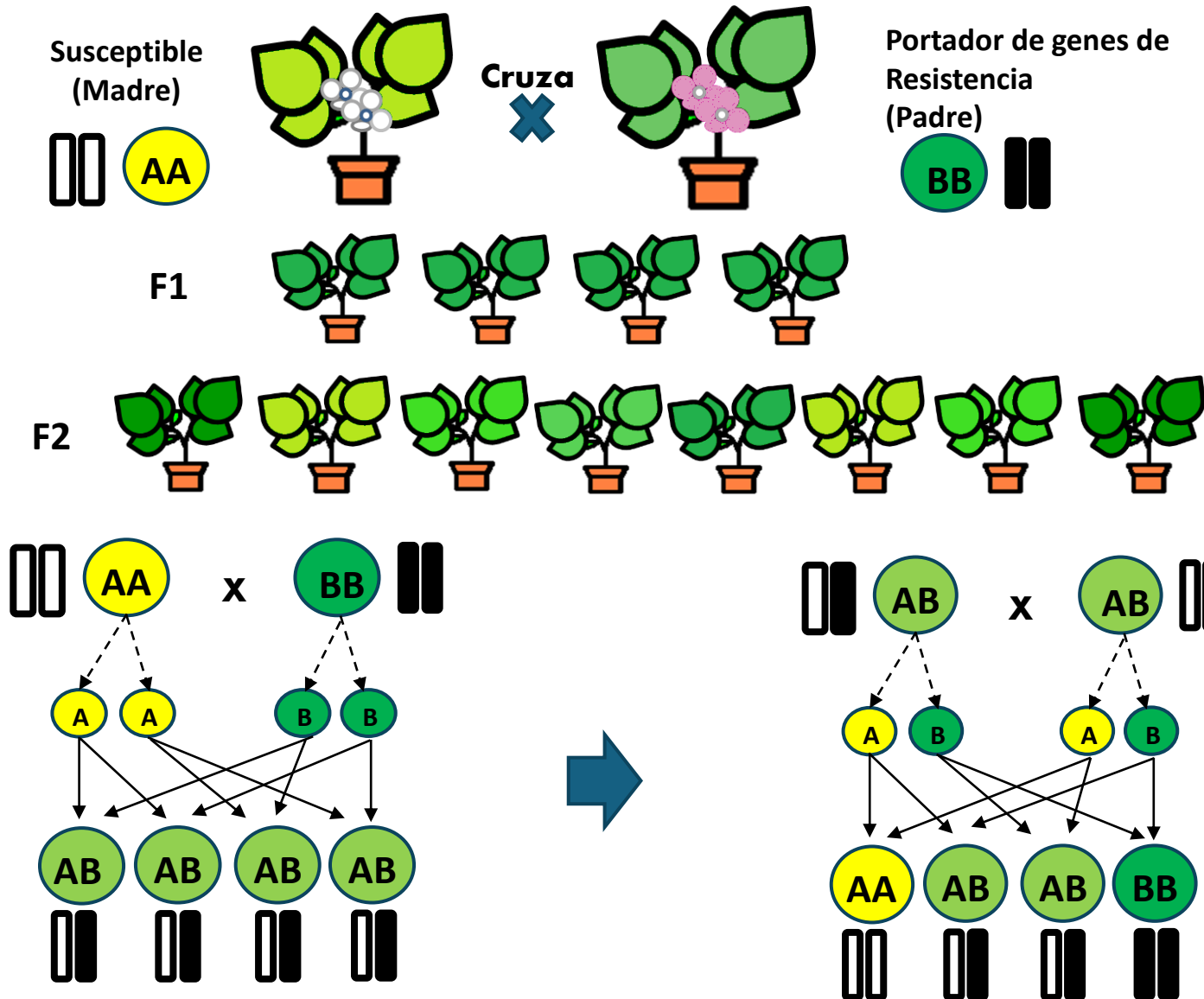
Rpp5
Cr 3 (LG N)



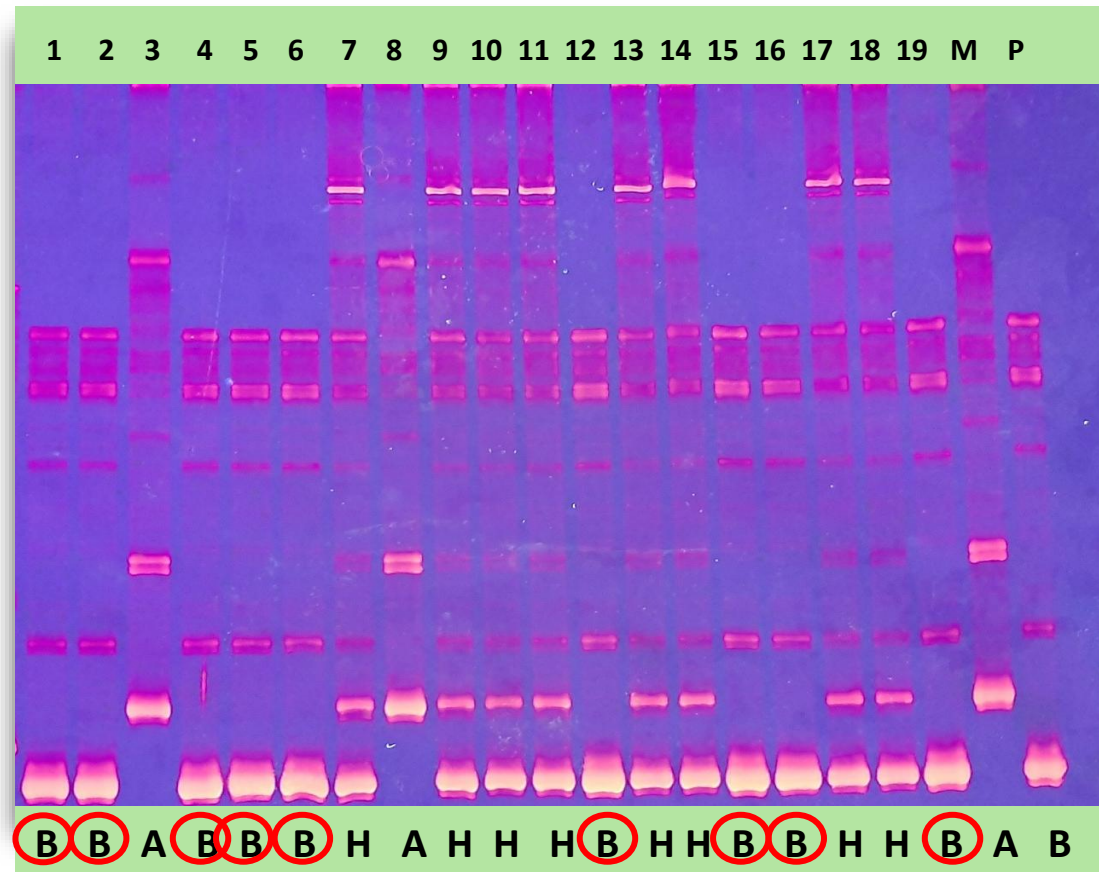
Fuente: Yamanaka et.al



PROCESOS PARA LA SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES



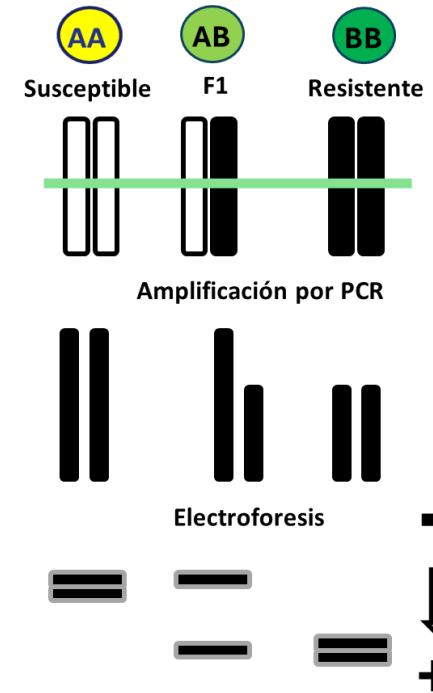
Satt 288 (*Rpp4*)



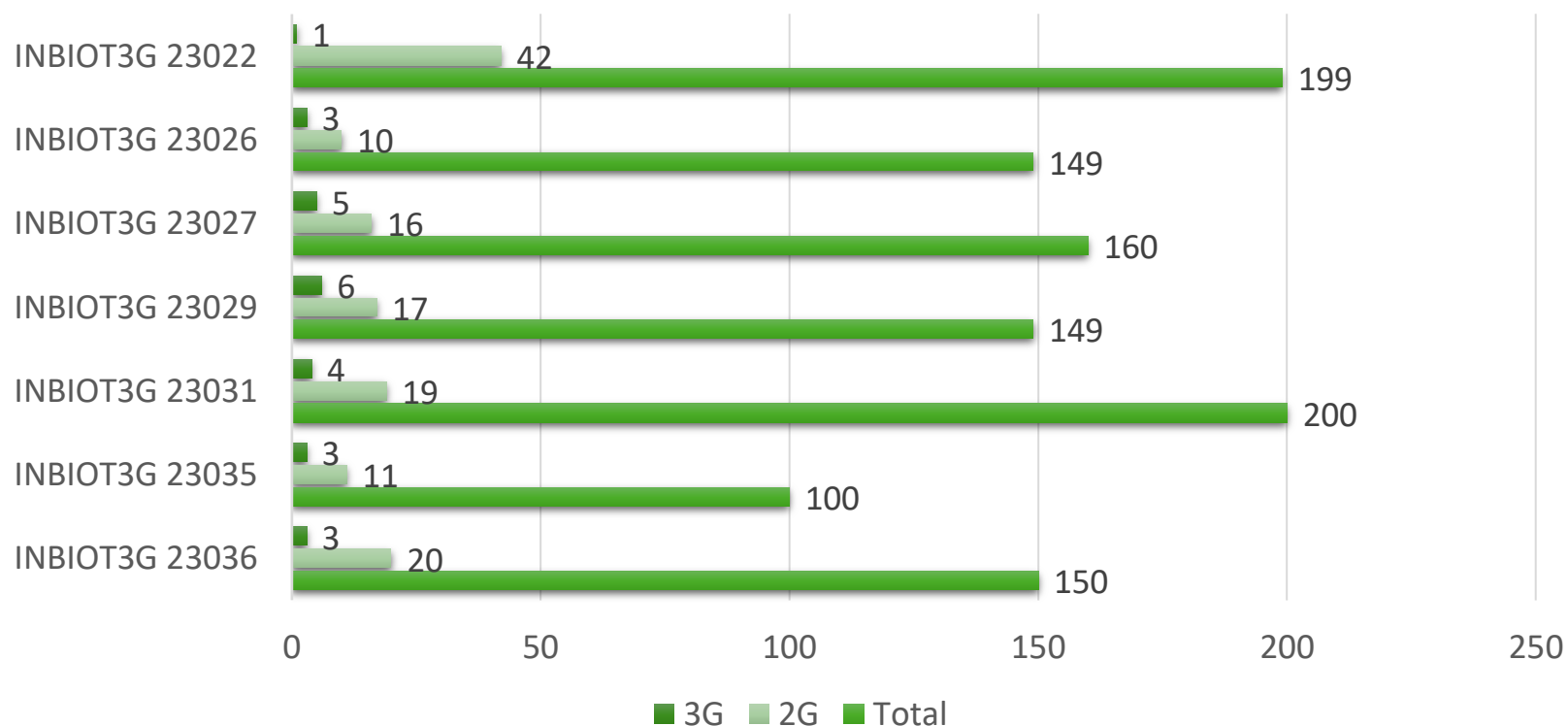
Rpp1-b



Rpp5



Resultados obtenidos



CÓDIGO	CANTIDAD MUESTREADO			
	3G	2G	TOTAL	
INBIOT3G 23022	199	1	42	43
INBIOT3G 23026	149	3	10	13
INBIOT3G 23027	160	5	16	21
INBIOT3G 23029	149	6	17	23
INBIOT3G 23031	200	4	19	23
INBIOT3G 23035	100	3	11	14
INBIOT3G 23036	150	3	20	23
	1107	25	135	160



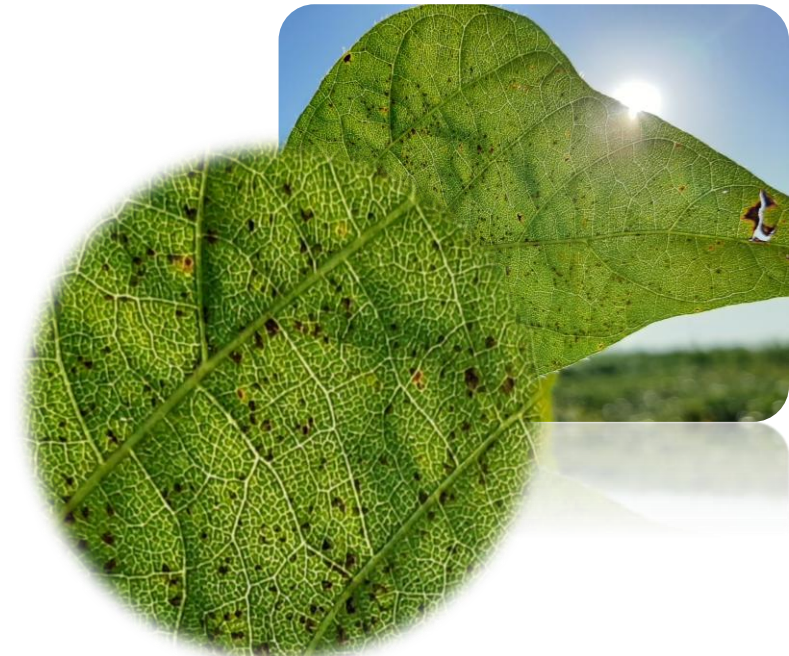


Resultado

De las 1.107 plantas analizadas se identificaron 25 individuos con tres genes apilados en estado homocigoto, representando una probabilidad de $1/44$, lo cual indica mejores resultados que la probabilidad de ocurrencia esperada de $1/64$ en una segregación mendeliana tradicional para tres genes.

Conclusión

Se puede concluir que el empleo de SAM en el mejoramiento genético permitió seleccionar de manera efectivo a los individuos con genes apilados siendo así una herramienta fundamental para acelerar el desarrollo de variedades con resistencia múltiple a enfermedades como la roya.





Por su atención muchas gracias

