

## ***Edición genómica y su contribución al mejoramiento genético de la papa***

### **Resumen de la conferencia:**

La papa (*Solanum tuberosum* L.) juega un papel importante en la nutrición humana. Junto con el frijol, es considerada como la fuente más económica de carbohidratos, fibra, minerales y vitaminas necesarias en la nutrición infantil. Sin embargo, durante más de tres décadas, no se han observado avances significativos en cuanto a su rendimiento y producción a nivel global. La generación de líneas endocriadas a nivel diploide, puede permitir incrementar las ganancias genéticas en el cultivo de la papa. No obstante, las papas diploides poseen barreras precigóticas que dificultan la generación de líneas endocriadas. Este sistema, conocido como auto-incompatibilidad gametofítica, es controlado por el locus *S*, el cual contiene un determinante femenino (*S-RNasa*) y múltiples determinantes masculinos (*SLF*'s), que se expresan en el estilo y polen de la planta, respectivamente. Durante la polinización cruzada, *SLF* reconoce proteínas *S-RNasa* foráneas y las degrada vía ubiquitina-proteosoma. Sin embargo, durante la auto-polinización, *SLF* no es capaz de reconocer sus propias *S-RNAsas*, las cuales degradan ARN relacionado con el desarrollo del tubo polínico, lo que conlleva a la no fertilización del óvulo. Por esta razón, el objetivo principal de este proyecto fue generar líneas de papa diploides mutantes para el gen *S-RNasa* usando Repeticiones Palindrómicas Cortas Agrupadas y Regularmente interespaciadas asociadas a Cas9 (CRISPR/Cas9, siglas en inglés), como un esfuerzo para evitar la degradación de polen en papas diploides. Se identificaron tres variantes alélicas del gen *S-RNasa* en dos líneas diploides de papa (DRH-195 y DRH-310), a través de la búsqueda de secuencias homólogas de genes reportados en las bases de datos del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI, siglas en inglés). Posteriormente, usando cebadores diseñados para uno de los alelos identificados, se mapeo *S-RNasa* en una región cercana al centrómero del cromosoma I. Estos resultados resaltan el papel de *S-RNasa* en la promoción de la polinización cruzada, al evitar la recombinación entre alelos de diferentes poblaciones de papa. A través de una estrategia en la que se utilizaron dos RNA guías, diseñados a partir de regiones conservadas entre los alelos detectados, se generaron líneas mutantes para *S-RNase* en DRH-195 y DRH-310. Se comprobó, usando secuenciación Sanger, que estos transformantes presentaban codones de parada cerca al inicio del marco abierto de lectura para cada alelo del gen *S-RNasa*. Adicionalmente, estos resultados fueron corroborados a través de análisis de expresión (RT-PCR), en los que se observó la presencia de *S-RNasa* en las líneas silvestres, pero no en los mutantes. Estos resultados fueron posteriormente verificados en ensayos de invernadero, donde se observó que al auto-polinizar las líneas mutantes, están produciendo frutos y además eran capaces de transmitir este fenotipo a la siguiente generación. Los resultados de este estudio sugieren que la generación de líneas mutantes para el gen *S-RNasa*, pueden contribuir a la generación de líneas auto-compatibles, como un insumo básico para la generación de cultivares diploides comerciales.

### **Biografía Académica**

#### **Félix Eugenio Enciso Rodríguez**

#### **Estudios:**

- Pregado en Biología, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia
- Maestría en Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes
- Doctorado en Mejoramiento Vegetal, Genética y Biotecnología, Universidad Estatal de Michigan
- Post-doctorado, Universidad Estatal de Michigan.

#### **Experiencia:**

Biólogo Ph.D., con 14 años de experiencia en la caracterización molecular de especies frutales andinas (lulo, tomate de árbol y uchuva), así como de especies cultivadas de gran interés para el país como papa y palma de aceite. Igualmente, posee amplia experiencia en la aplicación e implementación de tecnologías de última generación, para acelerar la generación de variedades de papa a través de selección genómica, selección asistida por marcadores y edición genómica.

#### **Línea de trabajo:**

Genética molecular vegetal y fitomejoramiento.