

# Genómica computacional aplicada a la mejora del melocotonero (*Prunus persica* L. Batsch)

Jornada de bienvenida y evaluación de doctorandos 13 de Marzo 2020

**Doctorando** Najla Ksouri

**Directores** Dra. Yolanda Gogorcena

Dr. Bruno Contreras Moreira

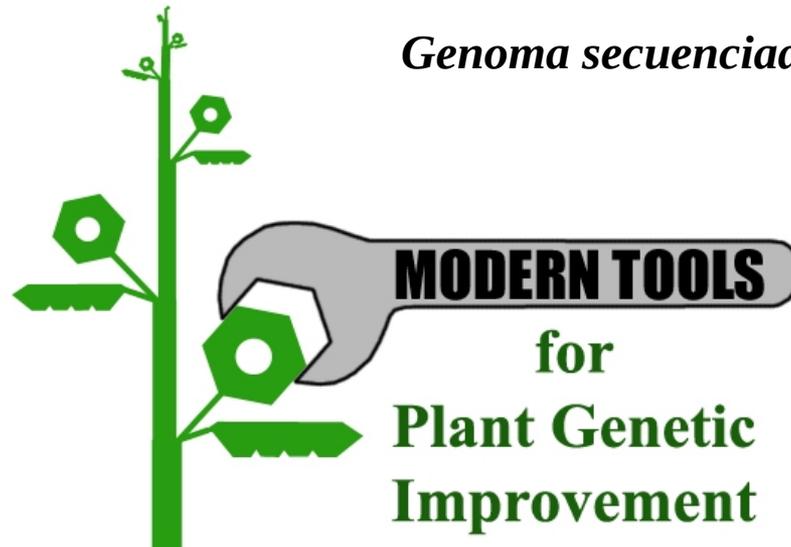
# 01 Introducción

- Especie diploide  $2x = 2n = 16$
- Genoma pequeño de 230 Mbp
- Periodo juvenil corto
- Auto-compatibilidad

**Planta modelo de las *Rosáceas***

**Mapas genéticos**

***Genoma secuenciado 'Lovel'***

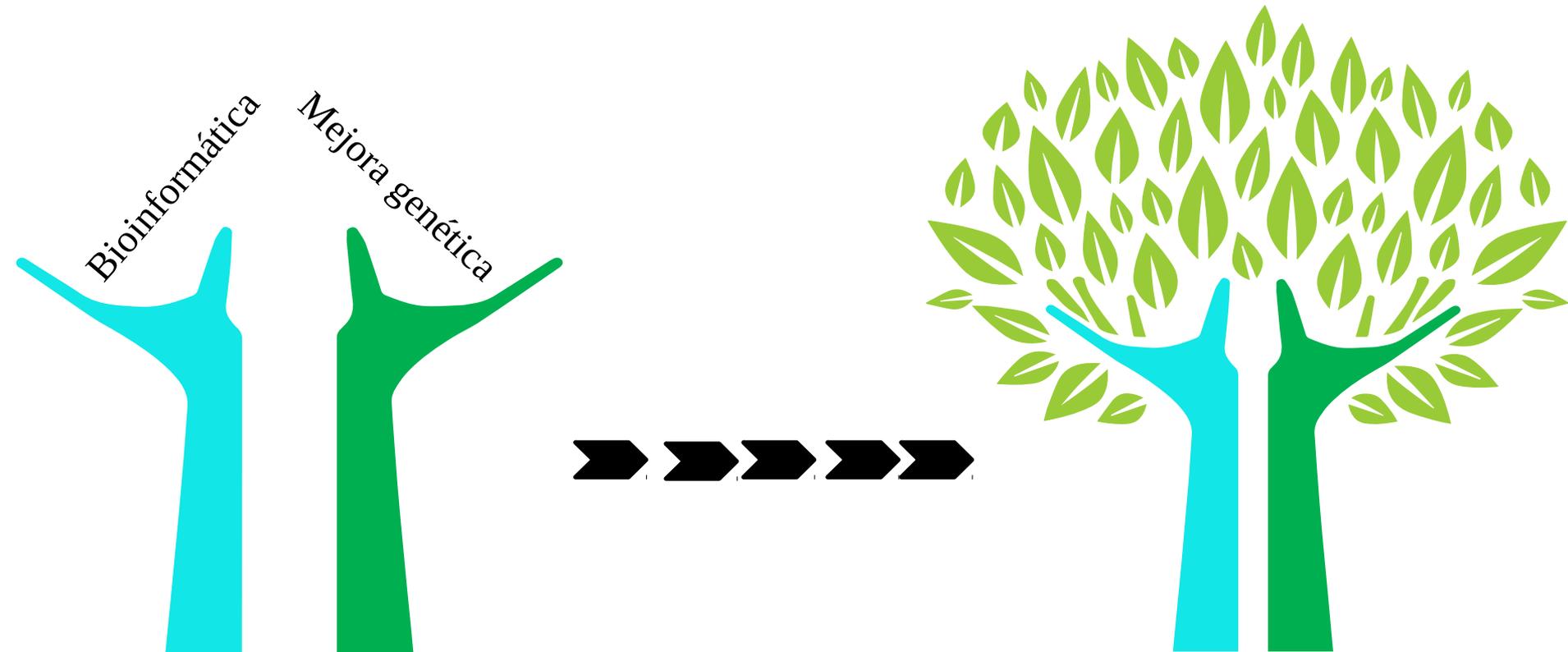


## 02 Objetivos



### Objetivo general

Combinar la mejora genética clásica, con un enfoque más innovador genómico-computacional que se complementen con experimentos de laboratorio



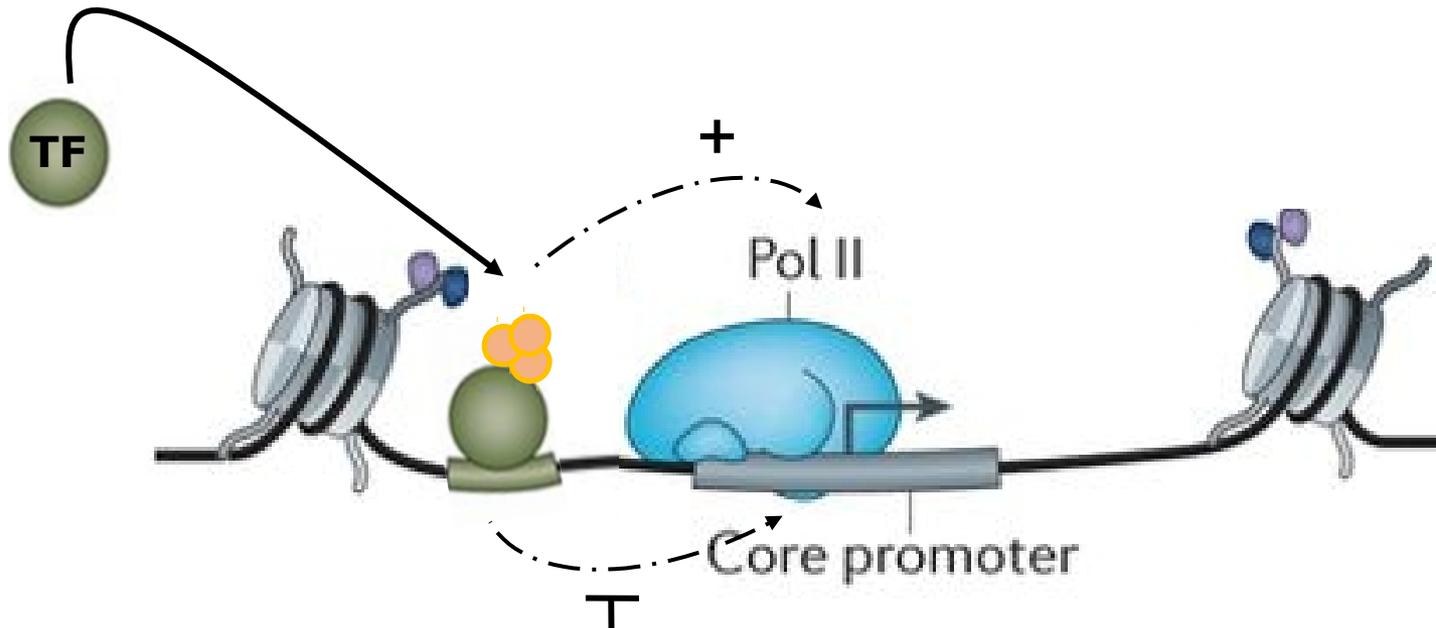
## 02 Objetivos



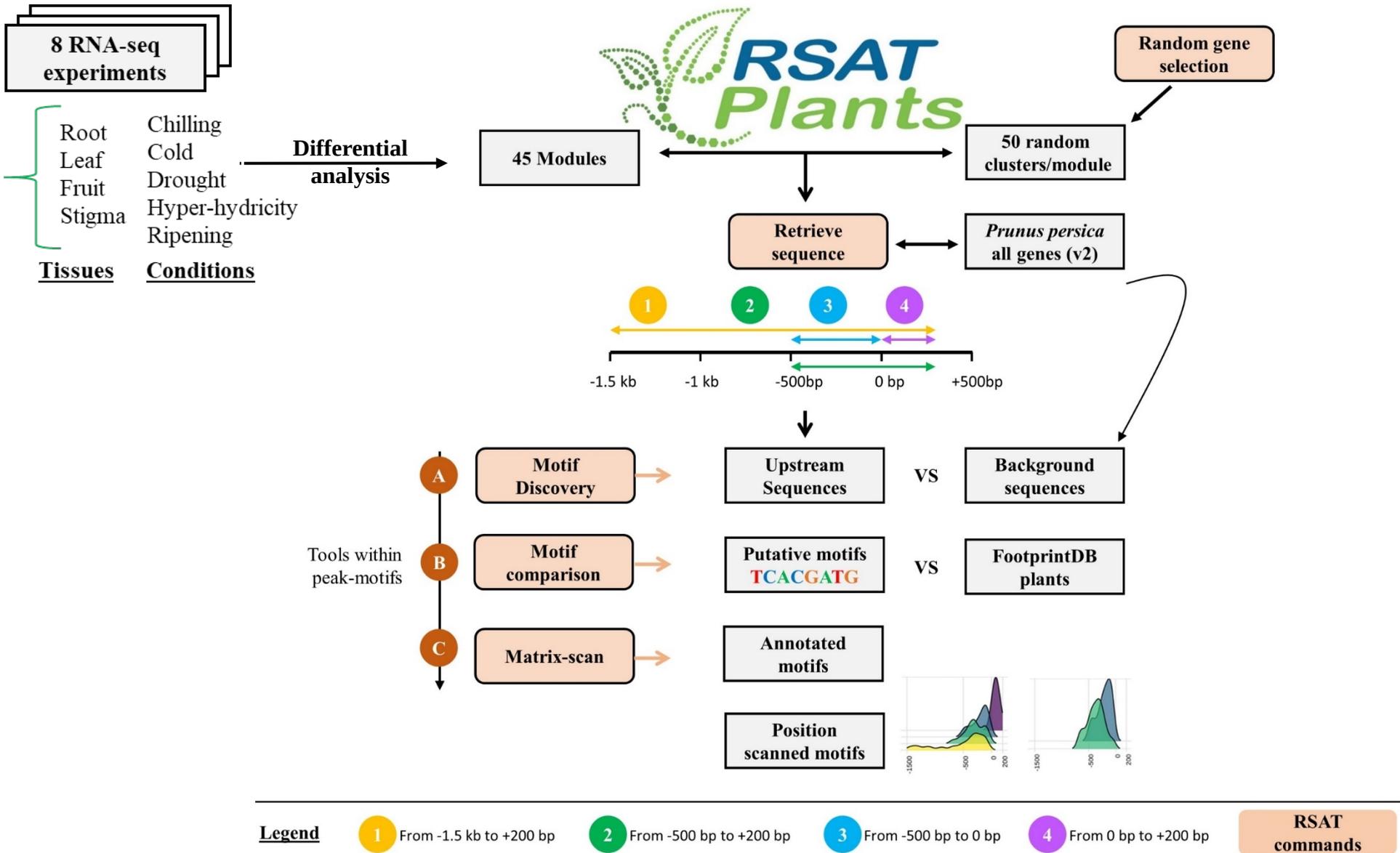
### Objetivos específicos

1. Descubrimiento, anotación y validación computacional de elementos reguladores en las secuencias aguas arriba de genes co-expresados en *Prunus persica*
  - Validación *in vivo* de los motivos más relevantes
2. Desarrollo de una nueva plataforma-web que se denominará PRUNUSMAP. La aplicación estará dirigida principalmente a los mejoradores y se diseñará para integrar varios mapas genéticos y físicos de *Prunus*
3. Análisis de asociación o “Genome Wide Association (GWAS)” para la identificación y localización de regiones genómicas con marcadores asociados a los caracteres agronómicos, fenológicos e organolépticos de interés

# 03 Motifs discovery

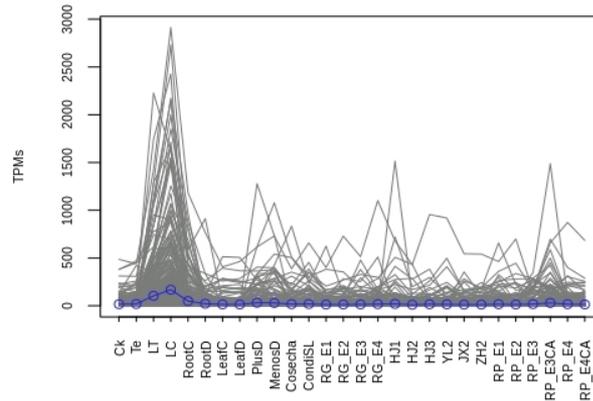


# 03 Flujo del trabajo



# 04 Resultados (objetivo 1)

M6 N.transcripts= 560

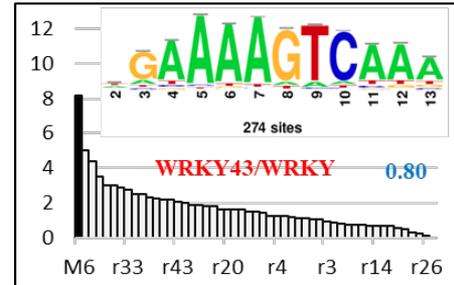
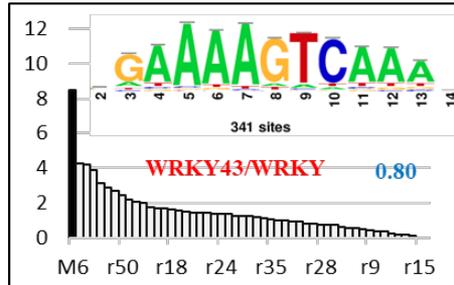
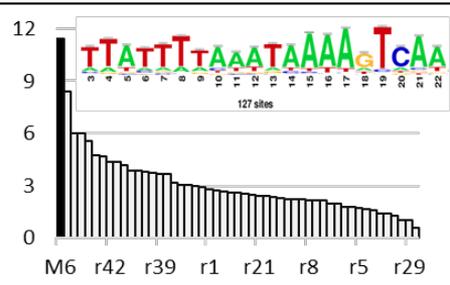


Up 1: [-1500 bp , +200 bp]

Up 2: [500 bp , +200 bp]

Up 3: [-500 bp , 0 bp]

Up 4: [0 bp , +200 bp]

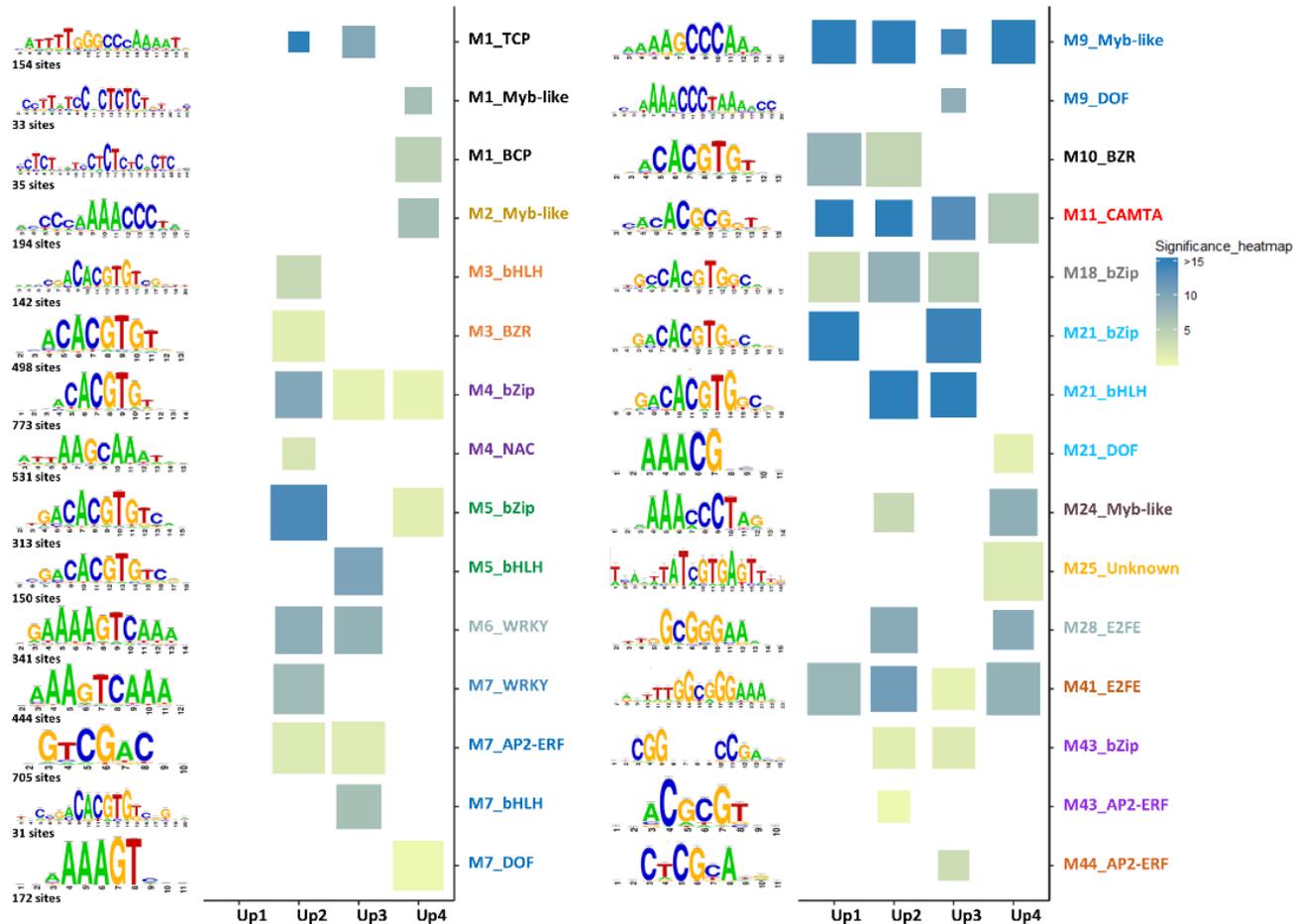


NO significant signal found



Reducir la zona upstream a un intervalo de [-500 bp a 200 bp] permite detectar motivos biológicamente relevantes y reduce la aparición de señales de poca complejidad (AT-rich)

# 04 Resultados (objetivo 1)

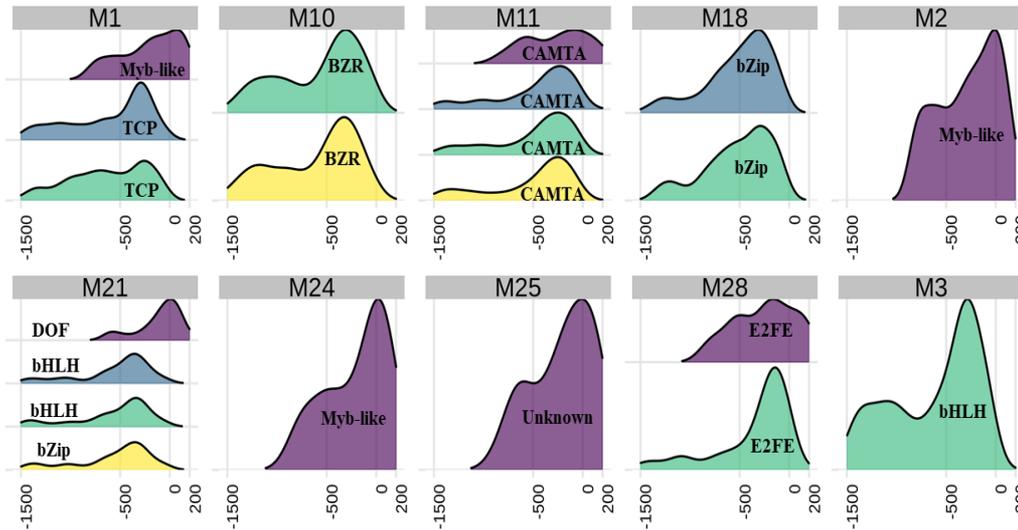


Se detectaron 77 motivos de 11 familias de TF: bHLH, bZip, BZR, CAMTA, DOF, E2FE, AP2-ERF, Myb-like, NAC, TCP y WRKY y se define la zona upstream promotora en *Prunus persica* como un intervalo de -500 bp a +200 bp

## 04 Resultados (objetivo 1)



La mayoría de los motivos detectados tienen una distribución espacial marcada en la zona [-500 bp , 0 bp]. Sin embargo, hay que tener en cuenta que los TFBS proximales también podrían ocurrir aguas abajo del TSS.



Todos los scripts y enlaces directos para los resultados están disponible en nuestro [github](#)



70%

**Objetivo 1: motivos reguladores**

Manuscrito en revisión,  
Validación *in vivo* de los motivos  
relevantes

## ❖ Participación y asistencia a congresos

- ✓ Talleres “Descubre el ADN de las frutas que comemos extracción Diciembre 2019



- ✓ Talleres “Ontología y elementos regulatorios” (18-20 Febrero, 2020)

## ❖ Elaboración de manuscritos y publicación de resultados



### **Chapter 9 Genomic-Based Breeding for Climate-Smart Peach Varieties**



Yolanda Gogorcena, Gerardo Sánchez, Santiago Moreno-Vázquez, Salvador Pérez and **Najla Ksouri**



**Abstract** Improving the performance of peach varieties in the context of climate change requires multiple approaches. Not only will climate change alter plant phenology, but it will also drive negative effects of several biotic and abiotic stressors. The challenge is to improve adaptation of varieties to a changing environment, while maintaining organoleptic qualities of the fruit. This chapter focuses on the progress in genomics-assisted breeding in peach to break barriers in conventional breeding.

### **9.9 Bioinformatics Tools and Resources for Peach**

Climate change, environmental stimulus and biotic stress agents have been recognized as the greatest challenges facing the agricultural sector. This situation is further

# 04 Actividades DAD

## ❖ Elaboración de manuscritos y publicación de resultados



*Plant Physiology*<sup>®</sup>



- 1 **Motif analysis in co-expression networks reveals regulatory elements**
- 2 **in plants:**
- 3 **The peach as a model**
- 4
- 5 **Running title: *In silico* prediction of peach regulatory motifs**



Motif analysis in co-expression networks reveals regulatory elements in plants: The peach as a model

Najla Ksouri, Jaime Abraham Castro-Mondragón, Francesc Montardit-Tardà, Jacques van Helden, Bruno Contreras-Moreira, Yolanda Gogorcena

bioRxiv 2020.02.28.970137; doi: <https://doi.org/10.1101/2020.02.28.970137>

## ❖ Cursos y formación previstos

**Habilidades comunicativas en ingles en presentaciones y conferencias publicas (20-21 Abril, 2020)**

**Iniciación a la programación en Python (04-08 Mayo, 2020)**

# Gracias



**Email adress:**  
[nksouri@eead.csic.es](mailto:nksouri@eead.csic.es)