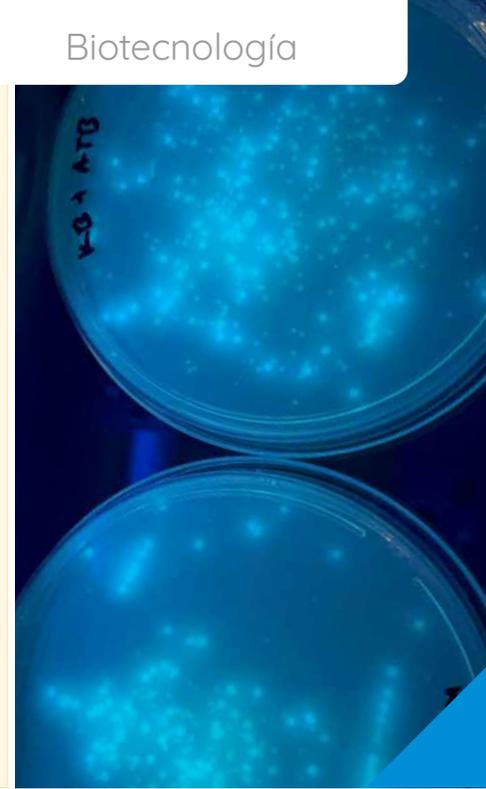
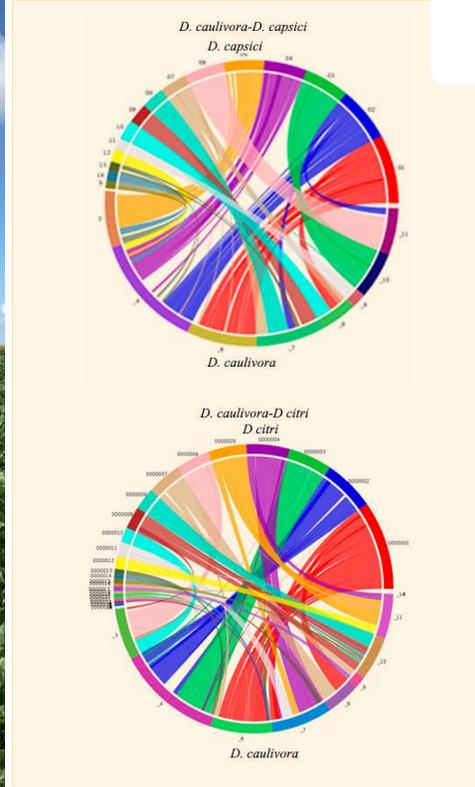




Fuente: equipos de Biotecnología y Protección Vegetal



GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA PARA LA AGRICULTURA

Dra. Silvia Garaycochea¹
Dra. Victoria Bonnacarrère²

¹Área de Mejoramiento Genético y Biotecnología Vegetal y Área de Recursos Naturales, Producción y Ambiente

²Coordinadora Área de Mejoramiento Genético y Biotecnología Vegetal

En este artículo se presenta el enfoque y las aplicaciones que el Instituto desarrolla en base a la genómica y a la bioinformática, con el objetivo final de mejorar las prácticas agrícolas y acelerar el desarrollo de variedades mejoradas de cultivos.

En INIA utilizamos la genómica y la bioinformática para colaborar con las áreas de Mejoramiento Genético Vegetal, Protección Vegetal y Recursos Naturales, aplicando enfoques de secuenciación de nueva generación (NGS) y herramientas bioinformáticas avanzadas. Estos métodos nos proporcionan conocimientos profundos sobre la genómica de plantas, fitopatógenos y comunidades microbianas del suelo, con el objetivo de mejorar las prácticas agrícolas y acelerar el desarrollo de variedades mejoradas de cultivos. Nuestro abordaje se orienta a liderar la innovación agrícola mediante el uso de enfoques genómicos y metagenómicos, ampliando los límites del conocimiento y su aplicación para optimizar la producción, garantizar la seguridad alimentaria y reducir el impacto ambiental.

¿QUÉ ES LA GENÓMICA Y CÓMO LA USAMOS?

La genómica es la ciencia que estudia el genoma, es decir, el conjunto completo de instrucciones genéticas necesarias para el desarrollo, funcionamiento y mantenimiento de un organismo. Su objetivo es comprender la estructura, función y variación de los genes y otros elementos funcionales, así como establecer la relación entre la secuencia de ADN y su función. Esto permite identificar los mecanismos que regulan características esenciales, como el crecimiento, la resistencia a enfermedades y la calidad de los productos biológicos. Entre sus principales actividades se encuentran la secuenciación del ADN, que permite leer las "letras" que componen estas instrucciones;

el análisis funcional de los genes, para determinar su papel en los procesos biológicos; y la comparación de genomas entre diferentes organismos, con el fin de identificar similitudes, diferencias y patrones evolutivos relevantes. En el sector agrícola, la genómica se ha convertido en una herramienta fundamental para enfrentar los desafíos actuales en producción y sostenibilidad.

¿QUÉ ES LA BIOINFORMÁTICA Y CÓMO LA USAMOS?

La bioinformática es una disciplina que integra biología, informática y estadística, entre otras áreas, para desarrollar herramientas y técnicas capaces de procesar, analizar e interpretar grandes volúmenes de datos biológicos, como secuencias de ADN, ARN y proteínas. En el contexto de la secuenciación masiva, que genera grandes volúmenes de información, la bioinformática se convierte en un recurso fundamental. Su propósito es gestionar y comparar información genética compleja mediante programas especializados, bases de datos y algoritmos matemáticos que permiten identificar patrones relevantes en los datos. En el sector agropecuario, la bioinformática juega un papel esencial al facilitar la resolución de problemas complejos mediante la interpretación eficiente de datos genómicos y otros tipos de información biológica, contribuyendo así a mejorar la producción y sostenibilidad. A medida que la tecnología de secuenciación avanza y se vuelve más accesible, la capacidad de la bioinformática para procesar y extraer información significativa de estos grandes conjuntos de datos se vuelve cada vez más importante, impulsando la investigación en áreas como la mejora genética de cultivos. En este contexto, la bioinformática no solo optimiza la interpretación de los datos, sino que también abre nuevas oportunidades para descubrimientos científicos.

¿CÓMO APLICAMOS LA GENÓMICA Y LA BIOINFORMÁTICA AL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL?

La genómica y la bioinformática se utilizan de diversas maneras en el mejoramiento genético de cultivos, permitiendo una selección más precisa y eficiente de rasgos deseables. Por ejemplo, en el Programa de Mejoramiento de Cebada, se lleva a cabo el genotipado

En INIA aplicamos la genómica y la bioinformática para mejorar prácticas agrícolas, acelerar el desarrollo de cultivos y contribuir a la sostenibilidad de los sistemas productivos.

La genómica y la bioinformática aplicadas al mejoramiento genético permiten una selección precisa de variantes genéticas en cultivos, optimizando características de importancia agronómica.

de una población de líneas avanzadas, así como la caracterización genómica de los fundadores de dicha población. Este estudio tiene como objetivo la mejora de la calidad maltera, lo que permite identificar las variantes genéticas que influyen en las propiedades óptimas para la producción de cerveza y sus derivados. Como resultado, estas aplicaciones no solo optimizan el rendimiento de la cebada, sino que también promueven el desarrollo de cultivos que cumplen con los estándares de calidad exigidos por la industria cervecera. En este caso se utiliza una estrategia de análisis de genomas completos lo que permite identificar variantes genéticas que luego son utilizadas por el programa en la selección de líneas.

Un ejemplo de aplicación es la identificación genómica de candidatos a clones de vid de la variedad Albariño. Estos clones han demostrado un rendimiento y calidad enológica superiores en comparación con los originales, lo que ha generado un gran interés en su estudio. A través de análisis genómicos se busca, no solo confirmar si los materiales seleccionados fenotípicamente corresponden a clones genéticamente distintos, sino también comprender las diferencias genéticas que contribuyen a este mejor desempeño en las condiciones específicas de cultivo en Uruguay. La estrategia de estudio consiste en analizar genomas completos para identificar diferencias en regiones y/o genes que puedan estar relacionados con las variaciones fenotípicas observadas entre los clones.

¿CÓMO UTILIZAMOS LA GENÓMICA Y LA BIOINFORMÁTICA EN PROTECCIÓN VEGETAL?

La genómica es una herramienta clave para el diagnóstico y control de patógenos en plantas, permitiendo la detección rápida y precisa de microorganismos causantes de enfermedades. Esto facilita la implementación de estrategias de control oportunas y específicas. A través de la caracterización genética de estos patógenos y el análisis de sus mecanismos de infección y virulencia en cepas locales, se genera conocimiento fundamental para desarrollar enfoques de control más efectivos. Estas herramientas avanzadas, junto con un mejor entendimiento de los

patógenos, permiten gestionar los riesgos sanitarios de los sistemas productivos de manera eficaz, reduciendo pérdidas y fortaleciendo la resiliencia y sostenibilidad del sector agrícola.

Un ejemplo de aplicación es la caracterización genómica de *Pseudomonas spp.*, bacteria causante de la necrosis de la yema de la flor del peral (Leoni *et al.*, 2021). Este estudio busca esclarecer la etiología de la enfermedad y los mecanismos de patogenicidad, particularmente entender los genes involucrados en el desarrollo de la enfermedad para contribuir al diseño de estrategias de manejo (Figura 1). Otro caso es la caracterización del hongo *Diaporthe caulivora*, principal agente del cancro del tallo en soja. Mediante un enfoque combinado de genómica y transcriptómica durante la infección, se identificaron genes clave en la patogenicidad de este hongo, aportando información crucial para definir estrategias de manejo de la enfermedad (Mena *et al.*, 2022).

¿CÓMO SE APLICA LA METAGENÓMICA Y LA BIOINFORMÁTICA EN EL ESTUDIO DE LA BIODIVERSIDAD MICROBIANA DEL SUELO?

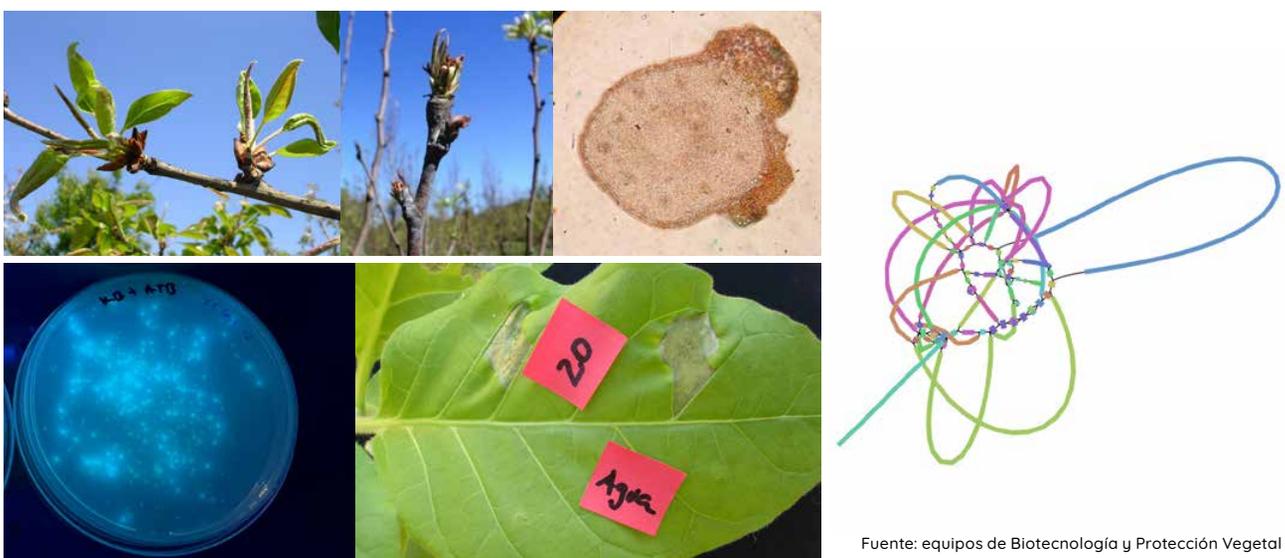
Los microorganismos del suelo son esenciales para el mantenimiento de la salud y el funcionamiento de los ecosistemas, ya que participan en procesos clave como la descomposición de materia orgánica, el reciclaje de nutrientes y la promoción del crecimiento de las plantas. En este contexto, el estudio del microbioma del suelo es importante para comprender las interacciones entre las comunidades microbianas y su entorno. El microbioma se define como todos los microorganismos —y sus genes— que viven en un ecosistema particular (ej: suelo, planta, agua). La metagenómica, es la

La genómica aplicada a la protección vegetal posibilita la detección precisa de patógenos, lo que permite implementar estrategias de control más efectivas y mejorar la resiliencia agrícola.

disciplina que permite analizar el conjunto de genomas presentes en un ambiente sin necesidad de aislar y cultivar las especies. Esta tecnología, no solo amplía nuestra comprensión de la estructura y función de las comunidades microbianas, sino que también es crucial dado que únicamente cerca del 1 % de los microorganismos es cultivable en laboratorio (Figura 2).

Con estas herramientas, podemos profundizar en la diversidad funcional del microbioma y su papel en el soporte de ecosistemas saludables y en prácticas agrícolas sostenibles.

Estudios sobre microbiomas de suelos bajo condiciones de campo natural y prácticas agrícolas han permitido caracterizar los microorganismos presentes y dominantes según el manejo del suelo en cuestión, facilitando así la evaluación del impacto de estas prácticas sobre la diversidad microbiana y, en consecuencia, sobre la salud del agroecosistema (Garaycochea *et al.* 2020; Cerecetto *et al.*, 2021; Bernaschina *et al.*, 2023; Cerecetto *et al.*, 2024).

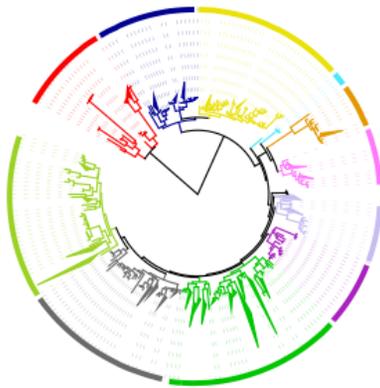


Fuente: equipos de Biotecnología y Protección Vegetal

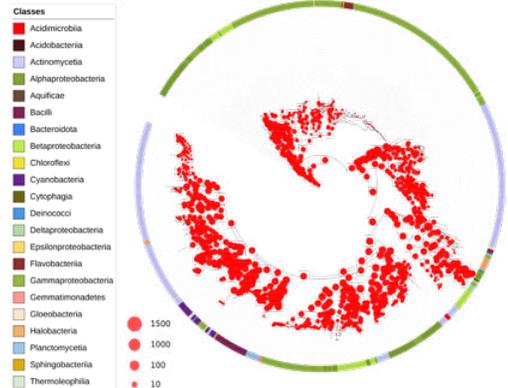
Figura 1 - Ejemplo de estudio de la enfermedad de necrosis de la yema del peral, combinando técnicas clásicas y genómicas. Se muestran los síntomas característicos de la enfermedad en las yemas, así como el proceso de identificación del patógeno responsable. A continuación, se ilustra la metodología de cultivo y las técnicas utilizadas para la caracterización genómica del patógeno, con el objetivo de comprender mejor su biología y su impacto en la salud del cultivo.



Diversidad taxonómica



Diversidad funcional



Fuente: equipos de Biotecnología y Protección Vegetal

Figura 2 - Ejemplo de estudio de las comunidades del suelo y sus funciones, combinando enfoques tradicionales y genómicos. Se muestra el análisis de la diversidad microbiana en el suelo, la identificación de las especies presentes y la caracterización funcional de las comunidades, con el objetivo de comprender su rol en la salud y fertilidad del suelo.

Además, se han realizado investigaciones que permiten evaluar la funcionalidad de estos sistemas mediante la identificación de genes funcionales y la medición de actividades enzimáticas, proporcionando una visión integral de cómo el manejo del suelo influye en su biodiversidad y sostenibilidad (Garaycochea *et al.*, 2023).

La integración de la genómica y la bioinformática en la investigación agrícola nos ayuda a abordar los desafíos de la producción y la sostenibilidad. En INIA, estas disciplinas no sólo colaboran en la mejora de la calidad y resistencia de los cultivos, sino que también nos brindan una mejor comprensión de las interacciones

entre microorganismos y su entorno, lo que optimiza el manejo de los agroecosistemas.

REFERENCIAS

Bernaschina, Y., Fresia, P., Garaycochea, S. *et al.* Correction: Permanent cover crop as a strategy to promote soil health and vineyard performance. *Environmental Sustainability* 6, 295 (2023). <https://doi.org/10.1007/s42398-023-00283-8>

Cerecetto, V., Smalla, K., Nesme, J., Garaycochea, S., Fresia, P., Sørensen, S. J., Babin, D., & Leoni, C. (2021). Reduced tillage, cover crops and organic amendments affect soil microbiota and improve soil health in Uruguayan vegetable farming systems. *FEMS microbiology ecology*, 97(3), fiab023. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiab023>.

Garaycochea, S., Romero, H., Beyhaut, E., Neal, A.L. & Altier, N. (2020) Soil structure, nutrient status and water holding capacity shape Uruguayan grassland prokaryotic communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 96, 12. Available from: <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa207>

Garaycochea, S., Altier, N.A., Leoni, C., Neal, A.L. & Romero, H. (2023). Abundance and phylogenetic distribution of eight key enzymes of the phosphorus biogeochemical cycle in grassland soils. *Environmental Microbiology Reports*, 1–18.

Leoni, C., Nacional, I., Investigacio, D., Inia, A., & Servicios, G. De. (2021). Etiology of pear flower bud necrosis in Uruguay. 359–366. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2021.1303.50>

Mena, E., Garaycochea, S., Stewart, S., Montesano, M., & Ponce De León, I. (2022). Comparative genomics of plant pathogenic *Diaporthe* species and transcriptomics of *Diaporthe caulivora* during host infection reveal insights into pathogenic strategies of the genus. *BMC genomics*, 23(1), 175. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08413-y>

La integración de la metagenómica y la bioinformática permite explorar la biodiversidad del suelo en profundidad, revelando la estructura y función de las comunidades microbianas, lo que contribuye al rediseño de agroecosistemas más sostenibles.