

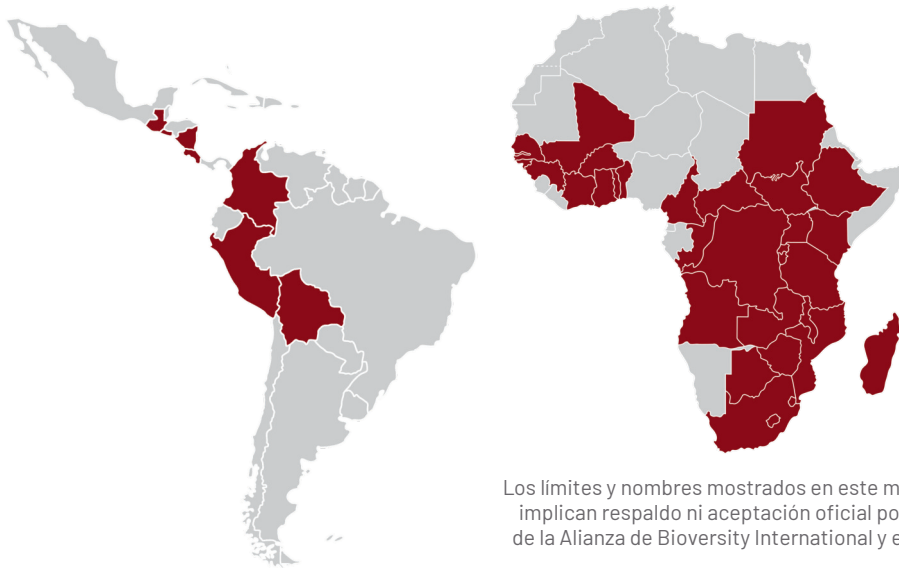
Objetivo

El equipo de Genética Molecular del Frijol apoya al programa de mejoramiento mediante el descubrimiento y la implementación de marcadores moleculares robustos. Mapeamos rasgos clave e integramos estrategias de vanguardia para impulsar el desarrollo de nuevas variedades de frijol con mayor tolerancia al estrés biótico y abiótico, así como para mejorar cualidades nutricionales y de procesamiento. Al identificar genes valiosos en parientes silvestres y variedades tradicionales, utilizamos la selección asistida por marcadores para transferirlos con precisión a líneas élite y acelerar la creación de genotipos superiores.



Dónde trabajamos

Brindamos soluciones para los programas de mejoramiento e investigación del frijol en África (PABRA), América Latina (Kolfaci) y el Caribe.



Los límites y nombres mostrados en este mapa no implican respaldo ni aceptación oficial por parte de la Alianza de Bioversity Internacional y el CIAT.

Cómo lo hacemos

- **Descubrimiento de genes y aplicación de marcadores:** Hemos establecido procesos eficaces que comienzan con el descubrimiento de genes y variantes novedosas dentro de nuestro germoplasma, así como aquellos reportados en la literatura científica. Este flujo de trabajo nos ha permitido desarrollar marcadores y validarlos utilizando datos fenotípicos para su implementación exitosa en el programa de mejoramiento de frijol.
- **Secuenciación de ADN:** Implementación de técnicas de genotipificación de alto rendimiento para la identificación de genes y marcadores, y uso de estrategias de secuenciación de tercera generación para aumentar la eficiencia y reducir los costos en el ensamblaje de genomas completos.
- **Bioinformática:** Al utilizar herramientas avanzadas de bioinformática, hemos aprovechado el inmenso potencial de los datos genotípicos de más de 5.000 genotipos generados en nuestro programa, provenientes de diversas plataformas de genotipificación. Esto nos ha permitido generar marcadores moleculares para programas de selección asistida, realizar análisis de mapeo de rasgos e identificar introgresiones de importancia agronómica.

El impacto



Ampliar el conocimiento sobre la genética del frijol común: A través de nuestros proyectos de descubrimiento de genes, desarrollamos y compartimos recursos de vanguardia (poblaciones genéticas diversas, datos de secuenciación de alta resolución, estudios de asociación de genoma completo y marcadores moleculares validados) que profundizan el conocimiento de la genética de *Phaseolus vulgaris* y permiten a nuestros aliados tomar decisiones más rápidas y precisas.



Acelerar la eficiencia del mejoramiento del frijol común: Realizamos procedimientos integrales de genotipificación desde la selección de parentales prometedores y verificación de híbridos F₁ hasta la selección asistida por marcadores. Al identificar diversidad genética no redundante, eliminar autopolinización y fijar rasgos clave, acortamos los ciclos de mejoramiento y optimizamos recursos.



Flujos de trabajo bioinformático de código abierto: Para fomentar ciencia reproducible, publicamos flujos de trabajo abiertos, escalables, reutilizables y bien documentados, cumpliendo con los principios FAIR, para que cualquier investigador pueda usarlos, adaptarlos y validarlos.

**FAIR por sus siglas en inglés (Findable, Accesible, Interoperable, Reusable).*

Innovaciones

- Optimización de los sistemas internos de genotipificación y secuenciación mediante la aplicación de tecnologías de punta.
- Aprovechamiento de genomas ensamblados de novo para estudios de mapeo y desarrollo de marcadores.
- Asistencia en la selección parental mediante marcadores moleculares.

Tecnologías



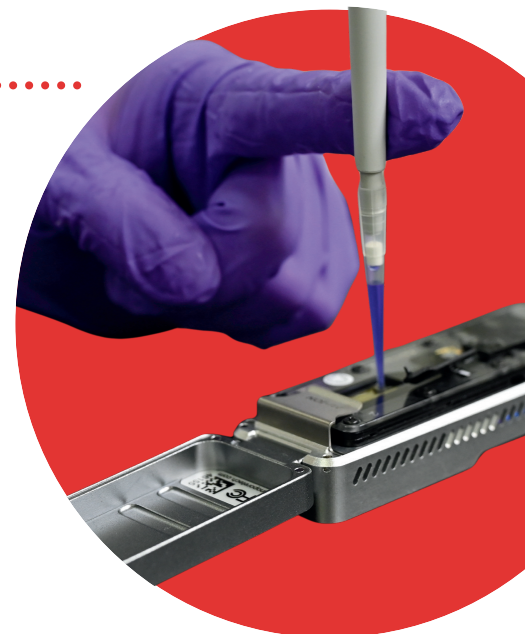
Powderbot es una herramienta para automatizar la recolección de polvo de semillas en placas para el aislamiento de ADN.



Se implementan tecnologías de genotipificación alelo-específica (por ejemplo, KASP, Tm-shift, PACE) para la selección asistida por marcadores.



Se utilizan sistemas de genotipificación amplia del genoma (DArTSeq, GBS) para estudios de mapeo de rasgos.



Para saber más sobre el programa, visítanos:



Contacto:

Diana Duarte Delgado
d.duarte@cgiar.org