



## EL GENOMA DE LA RAZA *PALOMERO TOLUQUEÑO* Y SUS IMPLICACIONES PARA EL ENTENDIMIENTO DEL PROCESO DE DOMESTICACIÓN DEL MAÍZ.

J-Ph. Vielle-Calzada\*, O. Martínez de la Vega\*, J. Vega-Arrenguín, G. Hernández-Guzmán, E. Ibarra-Laclette, B. Jiménez-Moraila, G. Corona-Armenta, C. Alvarez-Mejía, A. Fernández-Cortés, Luis Herrera-Estrella, and A. Herrera-Estrella.

Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad, Cinvestav Irapuato. Km 9.6 Libramiento Norte, Carretera Irapuato-León, CP 36500, Irapuato Gto., MEXICO.

Puesto que el número de sitios de polimorfismo único (SNPs) que distinguen 2 variedades de maíz es en promedio tan significativo como el que distingue al ser humano del chimpancé, la divergencia genética que distingue a las variedades de las razas será de mayor magnitud.

Durante los últimos 4 años emprendimos la caracterización estructural y funcional del genoma del maíz *Palomero Toluqueño*, cuyo contenido de ADN es cerca de 25% inferior al de B73 que se descifra en los Estados Unidos, y el más bajo reportado para una raza. *Palomero Toluqueño* es un maíz ancestral perteneciente al grupo del Altiplano Norte-Centro capaz de crecer en regiones ubicadas a una altura superior a 2,000 metros sobre el nivel del mar.

En un período inferior a 24 meses se obtuvieron 1.1 Millones de secuencias Sanger (18% Hcot; 90% filtradas por metilación) y 210 reacciones de

pirosecuenciación con la plataforma GS20-454 (61.5% filtradas enzimáticamente con HpaII o HpyCH4IV; 38.5% no filtradas; total: 74.3 Millones de lecturas), para una cobertura global de 3.2 veces el tamaño del genoma. Un total de 221.3 Mb fueron ensambladas en 234,922 contigs que contienen 6,818 elementos transposantes (TEs) y 53,338 genes que codifican para proteínas, de los cuales 45,794 fueron validados por un análisis de transcripción global en plántulas de 3 semanas.

La comparación del genoma del *Palomero Toluqueño* con la secuencia disponible de B73 permitió identificar 653 regiones genómicas que no presentan variabilidad nucleotídica, y que después de haber sido analizadas en 17 razas mexicanas adicionales y 11 poblaciones de teocintle, aportan nuevos e inesperados elementos para entender los mecanismos de selección artificial que condujeron a la domesticación del maíz hace cerca de 9,000 años.