



ISSN 1688-9258

11<sup>o</sup>

# Encuentro Nacional sobre Frutos Nativos



Sistema Vegetal Intensivo  
Serie Actividades de Difusión N° 804  
4 y 5 de abril, 2024  
Durazno, Uruguay

**inia**  
URUGUAY

**Módulo 1**  
**RECURSOS GENÉTICOS**  
**(Presentaciones Orales)**

## TERRA INCOGNITA: CONOCIENDO EL GENOMA DEL GUAYABO DEL PAÍS

Clara Pritsch<sup>1</sup>, Hector Oberti<sup>1</sup>, Magdalena Vaio<sup>1</sup>, Natali Baz<sup>1</sup>, Mathias Mangino<sup>1</sup>, Luisa Berná<sup>2</sup>  
Flores Rossi<sup>1</sup>, Susana Rodríguez Decuadro<sup>1</sup>, Marianella Quezada<sup>1</sup>, Paola Gaiero<sup>1</sup>, Mauricio  
Pesce<sup>1</sup>, Carla Filippi<sup>1</sup>, Silvia Garaycochea<sup>3</sup>, Maximiliano Dini<sup>3</sup>, Juan Gutierrez Gonzalez<sup>4</sup>,  
Alessandro Varani<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Udelar, [clara@fagro.edu.uy](mailto:clara@fagro.edu.uy)

<sup>2</sup>Depto de Genómica Evolutiva, Facultad de Ciencias, Udelar;

<sup>3</sup>INIA Las Brujas;

<sup>4</sup>Departamento de Biología Molecular, Universidad de León, España;

<sup>5</sup>Departamento de Biotecnología Agropecuaria y Ambiental,  
UNESP-FCAV, Brasil

*Acca sellowiana* (Myrtaceae) o “guayabo del país” ( $2n=2x=22$ ) es una especie frutal nativa con alto valor patrimonial en Uruguay. Se observa un creciente interés internacional en la especie debido a cualidades organolépticas, nutracéuticas, y farmacéuticas de sus hojas, flores y frutos. Sin embargo, los estudios genéticos y genómicos en la especie son aún escasos. El desarrollo de genomas de referencia de alta calidad, a escala cromosómica implica generar genomas completos y conocer el repertorio de sus genes y su distribución en el genoma. Esta información facilita el diseño de estrategias de mejoramiento, mejora la comprensión de los procesos fisiológicos relevantes para la especie y enriquece los estudios evolutivos con otras especies mirtáceas cercanas, de fruto carnoso. Además, claramente se potencian las posibilidades de desarrollo de productos innovadores en la especie. Este estudio se enfocó a construir por primera vez en Uruguay, el genoma de referencia, a escala cromosómica de un árbol nativo. En particular utilizamos la accesión TCO de guayabo, complementando este genoma con información estructural (genes, otras secuencias) y funcional (función biológica asociada a una secuencia). El ensamblado obtenido a partir de la secuenciación de bibliotecas PacBio, se organizó seguidamente a nivel cromosómico, con la asistencia de datos Hi-C. El genoma ensamblado resultante tiene un tamaño de 314 Mb (aprox. 80% del genoma estimado), se compone de 11 cromosomas y contiene 32.802 genes, cifra similar a la detectada en *Eucalyptus grandis* y *Psidium guajava*. La abundancia de secuencias repetidas fue de 33,97%, conformadas mayoritariamente por elementos transponibles Copia y Gypsy, con amplia distribución en el genoma; algunos de ellos mostraron evidencias de muy reciente amplificación. Por otra parte, se generaron los ensamblados de genomas cloroplásticos y mitocondrial. El estudio de estos genomas a nivel poblacional permite conocer los patrones de dispersión y diversidad dentro de la especie, tanto en materiales silvestres como domesticados (Uruguay, Nueva Zelanda, Brasil). Utilizando genomas cloroplásticos completos, recientemente detectamos dos haplotipos cloroplásticos. Uno de ellos incluye a 6 cultivares de Nueva Zelanda, junto a los cultivares Isleña y Artillera de Uruguay; el otro corresponde al cultivar Cerrillana.

**Palabras clave:** genoma, cloroplasto, mitocondria, repetidos

**Agradecimientos:** A la Comisión Sectorial de Investigación Científica, Udelar por la financiación.