



Universidad  
Católica del Norte



## LLAMADO A TESIS DE MAGÍSTER

### Inferencia genómica de tolerancia potencial a estrés hídrico en una colección estructurada de tomate

Se invita a estudiantes de magíster interesados/as en genómica aplicada, recursos genéticos vegetales y estrés hídrico a desarrollar una tesis orientada a inferir tolerancia potencial a sequía en una colección de tomate. El estudio utilizará datos ddRAD-seq de 175 genotipos estructurados en al menos 7 grupos genéticos y una core collection de 12 genotipos fenotipada bajo estrés hídrico. La tesis buscará identificar alelos candidatos en genes reportados de respuesta a sequía presentes en genotipos tolerantes y proyectar su distribución en la colección completa, con el fin de priorizar accesiones para validación fenotípica futura.

Área temática	Recursos genéticos vegetales, genómica aplicada, estrés hídrico y conservación estratégica de germoplasma
Especie/modelo	Tomate ( <i>Solanum lycopersicum</i> L.)
Tipo de tesis	Análisis genómico-inferencial con base en genes candidatos
Datos disponibles	Colección de 175 genotipos con genotipado ddRAD-seq y estructura poblacional definida en 7 grupos genéticos; core collection de 12 genotipos fenotipada y genotipada bajo condiciones contrastantes de estrés hídrico
Producto central	Priorización de accesiones no fenotipadas con potencial tolerancia hídrica para futura validación experimental

### 1. Antecedentes y justificación

El Banco de Germoplasma conserva colecciones de alto valor estratégico para la agricultura chilena, incluyendo variedades de tomate con potencial de uso frente a escenarios de restricción hídrica. Sin embargo, la evaluación fenotípica completa de colecciones extensas requiere recursos, tiempo, infraestructura y ciclos experimentales sucesivos. En este contexto, se propone una tesis orientada a racionalizar la selección de materiales candidatos mediante una aproximación de allele mining e inferencia genómica basada en genes candidatos previamente descritos para respuesta a estrés hídrico.

La colección disponible considera 175 genotipos de tomate genotipados mediante ddRAD-seq y previamente estructurados en 7 grupos genéticos. Además, existe una core collection de 12 genotipos, fenotipada bajo condiciones de estrés hídrico, que permite identificar materiales contrastantes tolerantes y susceptibles. La pregunta central es si los alelos candidatos observados en genotipos tolerantes de la core collection están presentes en otros genotipos del mismo grupo genético dentro de la colección completa.

El resultado esperado es una priorización informada de accesiones no fenotipadas que podrían presentar tolerancia hídrica y que deberían ser validadas posteriormente en ensayos fisiológicos y agronómicos.

### 2. Pregunta de investigación

¿Los alelos candidatos observados en genotipos tolerantes de la core collection están presentes en otros genotipos del mismo grupo genético dentro de la colección completa de 175 variedades de tomate?

### 3. Título tentativo de tesis

Inferencia genómica de tolerancia potencial a estrés hídrico basada en la distribución de alelos candidatos en una colección estructurada de tomate.

### 4. Hipótesis de trabajo

Si un genotipo tolerante comprobado pertenece a un grupo genético específico, es altamente probable que otros genotipos del mismo grupo compartan los alelos de tolerancia y muestren el mismo comportamiento fenotípico.

### 5. Objetivos

#### Objetivo general

Implementar una estrategia bioinformática (*in silico*) para identificar y priorizar genes candidatos en los 163 genotipos no evaluados en campo, utilizando la información genotípica y fenotípica de la colección núcleo y la estructura poblacional de la colección original.

#### Objetivos específicos

1. Seleccionar, curar y mapear *in silico* un panel de genes candidatos para estrés hídrico en el genoma de referencia de tomate.
2. Identificar variantes alélicas asociadas a la tolerancia al estrés hídrico mediante análisis de contraste en la *core collection*.
3. Proyectar las variantes favorables en la colección completa (175 genotipos) para desarrollar un índice de tolerancia potencial según la estructura poblacional.
4. Categorizar los genotipos no fenotipados según su potencial adaptativo y validar experimentalmente su respuesta fisiológica en campo.

### 6. Perfil del/de la postulante

- Estudiante de magíster en genética, biotecnología, recursos genéticos, ciencias agronómicas, bioinformática, biología vegetal o áreas afines.
- Interés en conservación y uso de germoplasma, estrés abiótico y análisis genómico aplicado.
- Conocimientos básicos y autonomía en el entorno Linux/Bash, manejo y filtrado de archivos de secuenciación masiva (VCF, FASTQ, BAM) mediante PLINK o TASSEL, uso de alineadores (BLAST, Bowtie2/BWA), anotación funcional de genes utilizando recursos de Sol Genomics/NCBI, y competencias intermedias/avanzadas en programación en R para el análisis estadístico y modelamiento de datos genéticos
- Capacidad de revisión bibliográfica, sistematización de información genética y redacción científica.

### 7. Condiciones y actividades de formación

- La tesis se desarrollará utilizando datos genómicos ya disponibles de una colección de 175 genotipos de tomate y una *core collection* de 12 genotipos fenotipados.
- El/la tesista recibirá orientación en recursos genéticos, genética de poblaciones, análisis de genes candidatos y priorización de germoplasma.
- La investigación tendrá un enfoque aplicado, orientado a generar criterios objetivos para seleccionar accesiones del banco que deban ser evaluadas fenotípicamente en etapas posteriores.
- El trabajo podrá articularse con líneas de investigación institucionales asociadas a conservación, caracterización y uso estratégico de colecciones de germoplasma.

## 8. Información para postulación

Documentos sugeridos	Currículum vitae breve, carta de motivación, certificado de alumno/a regular o aceptación en programa de magíster, y antecedentes de experiencia en genética, bioinformática o recursos genéticos.
Contacto	Dra. Erika Salazar – <a href="mailto:esalazar@inia.cl">esalazar@inia.cl</a> (+562 2577 9261); Dr. Máximo González – <a href="mailto:maximo.gonzalez@ceaza.cl">maximo.gonzalez@ceaza.cl</a>
Plazo de postulación	08 junio – 15 julio 2026
Lugar de ejecución	Unidad de Recursos Genéticos y Banco de Germoplasma La Platina. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Av. Santa Rosa 11610, La Pintana, Santiago

Esta oferta de tesis de magister se enmarca dentro del proyecto ANILLO ATE250038 "*Disentangling the Contributions of Host Genetics, Environment, and Microbiome Recruitment to Tomato Drought Resilience: From the Basis of Beneficial Drought-Induced Bacterial Recruitment to the Optimized Identification of PGPR Inoculants*" ejecutado por el Centro de Estudios Avanzados de Zonas Áridas (CEAZA), en conjunto con el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) y la Universidad Católica del Norte (UCN).