



# Análisis preliminar del control genético de etapas fenológicas en duraznero (*Prunus persica* (L.) Bastch) a través de estudios de mapeo por asociación como nuevos enfoques del programa de mejoramiento en la EEA San Pedro

## EQUIPO DE INVESTIGACIÓN:

- Ing. Agr. Chirino, Julián.
- Lic. Aballay, Maximiliano.
- MSc. Valentini, Gabriel.
- Dr. Sánchez, Gerardo.

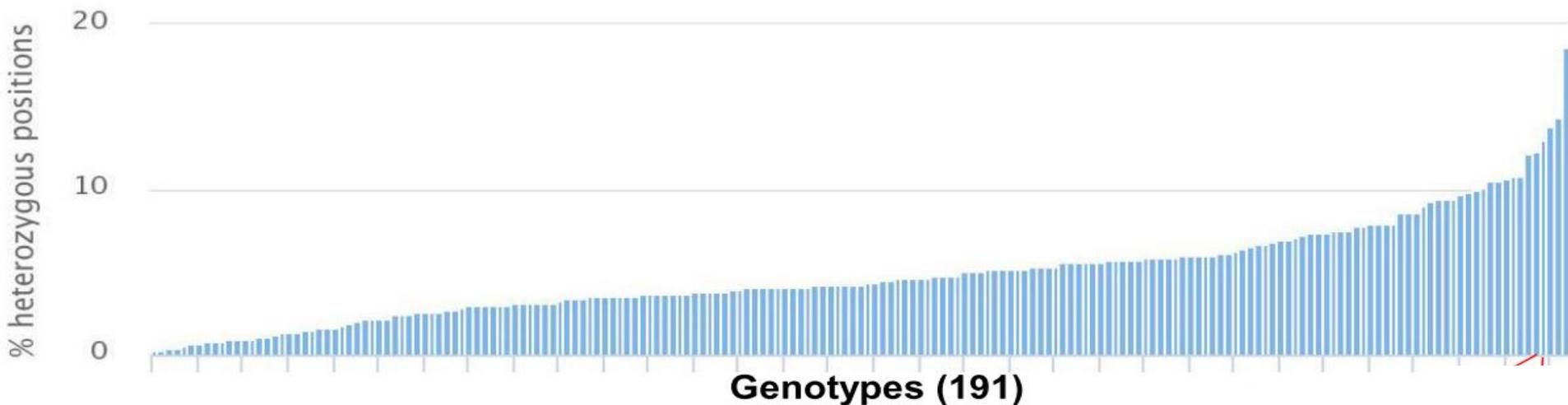


Ministerio de Agricultura,  
Ganadería y Pesca  
**Argentina**

# INTRODUCCIÓN

## Características Generales

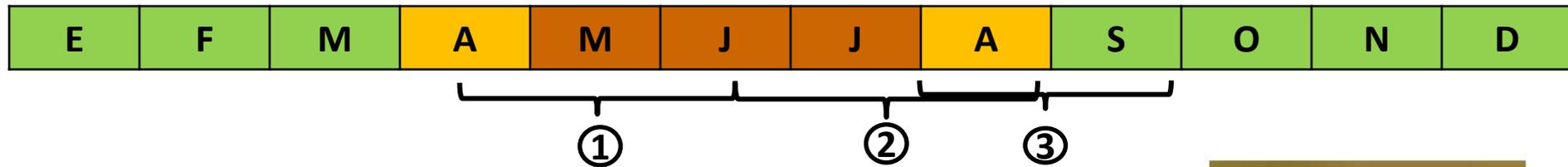
- Perenne, caducifolia de climas templados.
- Flores son completas, hermafroditas.
- Su etapa juvenil se extiende de 2 a 3 años.
- Autocompatible y Autógama.
- Diploide ( $2n=2x=16$ ) con un genoma pequeño (265 Mpb).
- Posibilidad de generar clones.
- Estrecha base genética.
- Líneas puras. Hibridación.



# INTRODUCCIÓN

## Características Fenológicas

- Alternancia de períodos de dormición entre las estaciones de crecimiento.



Estado A. Yema de invierno



Estado B. Yema hinchada



Estado C. Se ve el cáliz

**1) Endodormancia:** acumulación de temperaturas bajas ( $<7\text{ °C}$ ). Modelos de cuantificación (HF, UF).

- Rango HF: 150 a 700 para genotipos (banco de germoplasmas).

**2) Ecodormancia:** acumulación de temperaturas moderadas ( $\text{GDH} > 4,5\text{ °C}$ ).

**3) Floración**

# OBJETIVOS

Estudiar el control genético de las etapas de fenológicas de endodormancia, ecodormancia y floración en la colección de germoplasmas de durazneros de la EEA San Pedro.

- ¿Que regiones del genoma (QTL) controlan estos caracteres?
- ¿Que influencia tienen estos QTL sobre la variación de los mismos?
- ¿Como utilizamos esta información para incorporarla como herramienta dentro del programa?

# MATERIALES Y METODOS

- Implementación de plataforma de secuenciación de alto rendimiento (ddRAD-seq).
- Identificación de 13.584 variantes polimórficas (marcadores moleculares) entre SNP, InDel y SSR.
- Comparación con genoma de referencia (variedad Lovel).
- <https://www.rosaceae.org/>
- La EEA SP cuenta con un panel de 237 accesiones secuenciadas (mapas físicos).



## INFORMACION DE SECUENCIACION

### GENOME DATABASE FOR ROSACEAE



Resources for Rosaceae Research Discovery and Crop Improvement

- 1) Recolección de varetas (latencia).
  - 2) Acondicionamiento y cámara a 20 °C.
  - 3) Liberación de endodormancia.
- Variables: **Duración de Endodormancia (días), Horas de Frío (HF) y Unidades de Frío (UF).**

Observacional:

- 1) **Duración de Ecodormancia** (yemas de flor en estado B).
- 2) **Fecha de Floración Plena** (50% de flores abiertas).

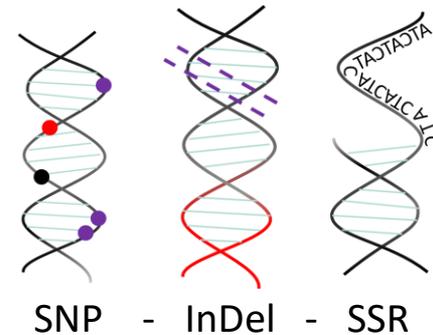


## INFORMACION DE FENOTIPADO

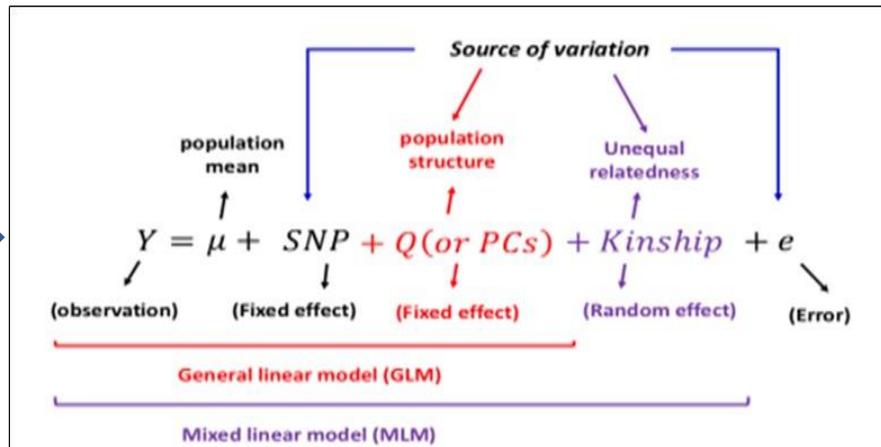
### Fine-tuning the performance of ddRAD-seq in the peach genome

Maximiliano Martín Aballay<sup>1</sup>, Natalia Cristina Aguirre<sup>2</sup>, Carla Valeria Filippi<sup>2</sup>, Gabriel Hugo Valentini<sup>1</sup> & Gerardo Sánchez<sup>1,2</sup>

## Genome Wide Association Study (GWAS)



VARIABLES FENOTIPICAS



INFORMACION DE SECUENCIACION

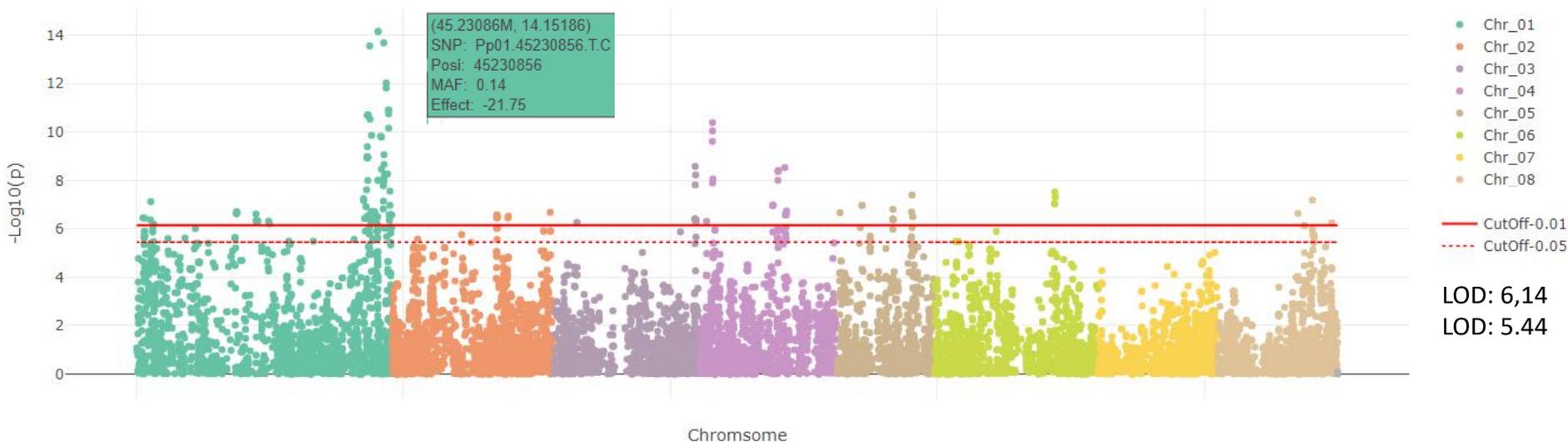


Software: R. Paquetes: GAPIT3.



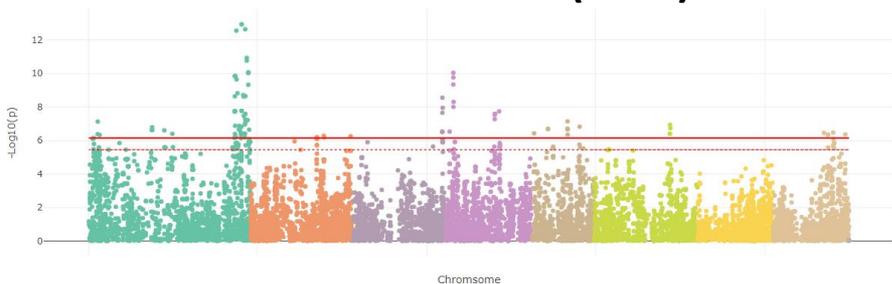
# RESULTADOS

## Duración (días) de Endodormancia (GLM)



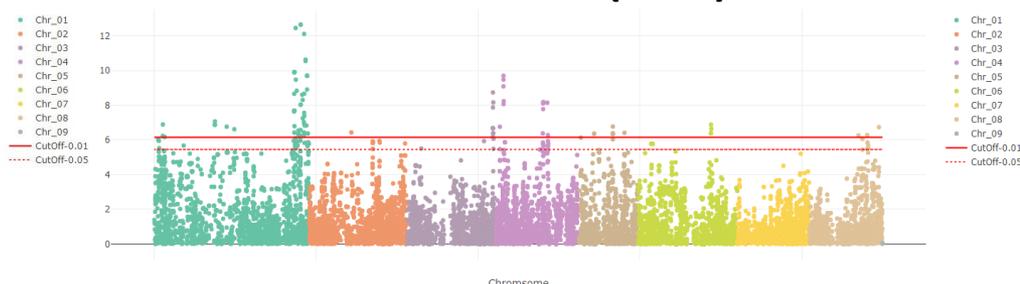
N= 212     $R^2$  (QTL-1)= 60,6%    Efecto:  $\pm$  18,7 Dias.  
 $R^2$  (QTL-4)=56%    Efecto:  $\pm$  8 Dias.

## Horas de Frío (GLM)



N= 212     $R^2$  (QTL-1)= 58%  
 $R^2$  (QTL-4)=53%

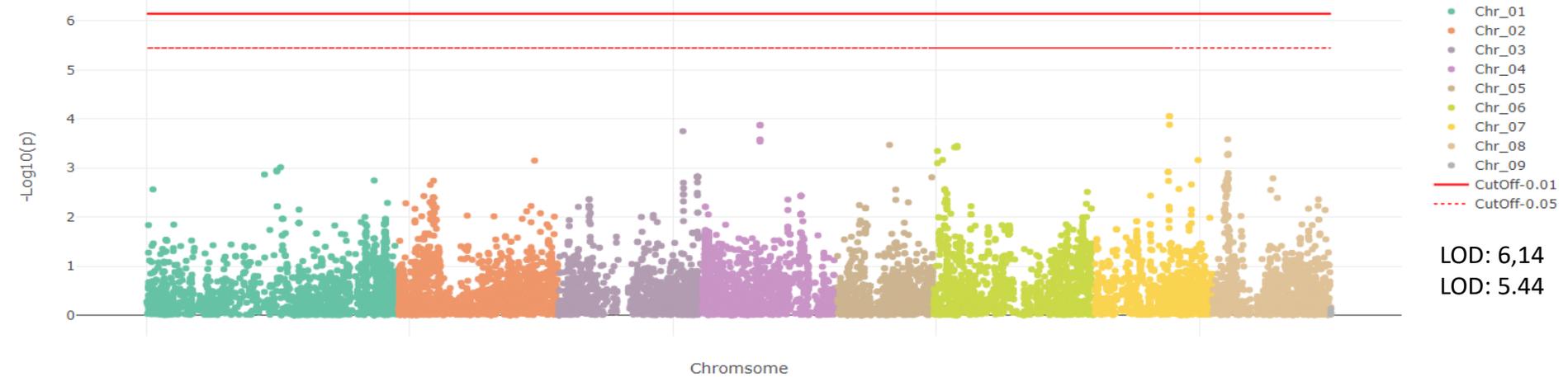
## Unidades de frío (GLM)



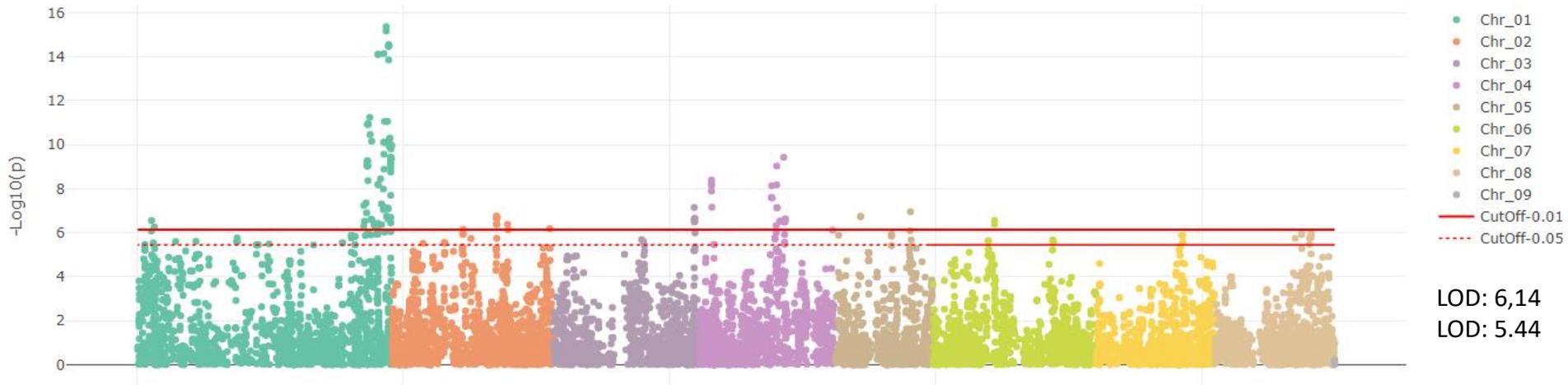
Efecto:  $\pm$  128 HF – 117 UF .  
 Efecto:  $\pm$  68 HF- 62 UF.

# RESULTADOS

## Duración (días) de Ecodormancia (GLM)



## Fecha de Floración (GLM)



N= 212

$R^2$  (QTL-1)= 65,5%  
 $R^2$  (QTL-4)=56%

Efecto:  $\pm$  17 dias.  
Efecto:  $\pm$  9,6 dias.

Chromosome

# CONCLUSIONES Y POTENCIALIDAD DEL ESTUDIO

## Conclusiones

- GWAS permitió identificar control genético de las etapas fenológicas.
- Los QTL que controlan caracteres fenológicos están co-localizados. La modificación de la acumulación de horas de frío, afectará la Fecha de Floración, por lo tanto, la selección por menores HF implica un adelanto de la Fecha de Floración.
- GWAS se convierte en un estudio muy potente para especies de estas características.

## Eficientizar el programa de mejoramiento

- Selección deliberada de parentales para la realización de cruzamientos intraespecíficos (posibilidad de controlar parcialmente los caracteres).
  - Selección temprana de individuos de la progenie.
- La disminución del número de progenies a evaluar y una fuerte reducción de los recursos utilizados.
- Acortamiento de los programas de mejora y obtención mayores respuestas a la selección por cada generación.

Gracias por su atención!