

Desarrollo de una población multiparental como fuente de nuevos recursos genéticos para el mejoramiento de girasol

Dominguez, M.^{1*}; Filippi, C.²; Montecchia, J.²; Fass, M.²; Palifermo, F.³; Quiroz, F.⁴;
 Alvarez, D.⁵; Heinz, R.²; Gonzalez, J.¹; Paniego, N.²

¹INTA EEA Pergamino. ²INTA Instituto de Biotecnología, CICVyA Hurlingham.
³Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires. ⁴INTA EEA Balcarce. ⁵INTA EEA Manfredi. dominguez.matias@inta.gob.ar

En este trabajo se presentan avances del desarrollo de una población multi-parental (PMP) de tipo MAGIC (*Multiple Advanced Generation Intercrosses*) en el contexto del programa de mejoramiento de girasol de INTA para complementar la plataforma actual de recursos genéticos con el objetivo de estudiar regiones genómicas de interés agronómico que incluye poblaciones biparentales y una población de mapeo de asociación (PMA). La disponibilidad de líneas avanzadas de la PMP proveerá materiales que podrán convertirse rápidamente en líneas parentales de híbridos efectivizando la implementación de alelos favorables en la creación de materiales comerciales. Las poblaciones PMP combinan la potencia para detectar QTL que ofrecen las poblaciones biparentales, con la posibilidad de evaluar un espectro amplio de diversidad y optimizar la resolución por el mayor número de recombinaciones. El uso de un conjunto de líneas parentales (LPs) contribuye a aumentar la diversidad genética de las líneas endocriadas derivadas, manteniendo una frecuencia alélica relativa alta debido al número limitado de líneas fundadoras. Los inter-cruzamientos y ciclos de autofecundación para llegar a líneas avanzadas, generan bloques de recombinación más reducidos que el de los genomas parentales, o de poblaciones biparentales, aumentando el poder de resolución de los marcadores ligados a QTL. Se presenta en este congreso el método de selección de las LPs de la PMP y el diseño de una estrategia de cruzamientos de a pares entre ellas, hasta llegar a una población de líneas homocigotas. Para la selección de dichas LPs se analizaron los datos relevados en los últimos 15 años sobre un grupo de líneas mantenedoras de pre-mejoramiento que conforman la población de mapeo de asociación, los parentales de poblaciones biparentales y las progenies derivadas, sobre las que se han realizados estudios de identificación de QTL y/o genes candidato para resistencia a enfermedades como marchitez por *V. dahliae* (MV), podredumbre húmeda del capítulo por *S. sclerotiorum* (PHC), tolerancia a sequía, atributos relacionados con retraso de senescencia foliar y de calidad en cuanto a contenido de aceites y tocoferoles. Asimismo, se tuvo en cuenta el nivel de diversidad y la distancia genética estimada en las líneas que conforman la población de mapeo de asociación de INTA. Los genotipos superiores fueron identificados a partir de un análisis de componentes principales usando las medias ajustadas de las variables fenotípicas analizadas para MV y PHC (Filippi y col., 2015; Fusari y col., 2012). A partir del análisis integrado de esos datos y de las características agronómicas de las líneas mantenedoras, se seleccionaron líneas homocigotas genéticamente diversas que acumulan la mayor cantidad de atributos deseables para el mejoramiento y características agronómicas compatibles para iniciar los cruzamientos y seleccionar aquellos más exitosos para continuar con el desarrollo de la población (tabla 1). Se comenzó con líneas mantenedoras de la fertilidad (B) debido a la diversidad genética y a los caracteres de interés presentes en estas líneas. Sin embargo, se prevé en los próximos años avanzar en la creación de poblaciones PMP de citoplasma restaurador (R).

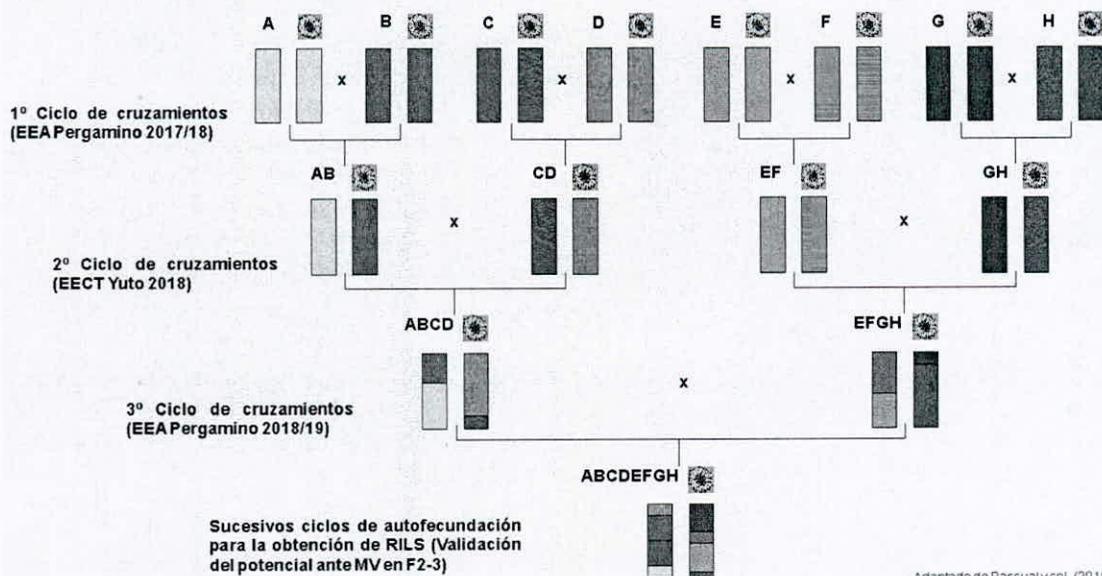
Tabla 1. Características de las LPs seleccionadas.

Línea	Características	Citoplasma	DAF	Grupo de Mejoramiento INTA
A	BC a MV. R a PHC, resistente a estrés hídrico	B	63	Manfredi
B	BC a MV. R a PHC, resistente a estrés hídrico	B	66	Manfredi
C	R a MV. Alto contenido de aceite	B	67	Pergamino
D	Alto contenido de AO, R a PHC	B	68	Pergamino
E	BC a PHC y a Phomopsis	B	77	Manfredi
F	R a MV, Roya y Downy mildew	B	67	Manfredi
G	MR a MV, BC PHC, BC Albugo, BC a vuelco	B	70	Pergamino
H	R a PHC, Buena ACG y características agronómicas	B	68	Manfredi
I	Resistente a estrés hídrico, retrasa senescencia	B	70	Manfredi
J	MR a MV, R a Downy mildew, BC a PHC	B	66	Pergamino
K	Alto contenido de AO, BC a PHC, MS a MV	B	65	Pergamino
L	Resistente a Downy Mildew	B	60	Pergamino

Referencias: DAF: Días a floración; BC: Buen comportamiento; R: Resistente; PHC: Podredumbre húmeda del capítulo por *S. sclerotiorum*; MV: Marchitez por *V. dahliae*; ACG: Aptitud combinatoria general; AO: Aceite Alto Oleico.

Para iniciar la población multiparental se realizaron cruzamientos de las LPs seleccionadas en base a un esquema de cruzamientos simples replicados para la generación de dialelos incompletos (Ladejobi y col., 2016) siguiendo el esquema de la figura 1. Cada letra corresponde a una LPs.

Figura 1. Esquema de formación de la PMP.



Adaptado de Pascual y col. (2015).

En la próxima temporada 2019/20 se realizará en la EEA Pergamino un ciclo de autofecundación para la formación de las familias que en la campaña 2020/21 serán evaluadas en infectarios naturales para validar su potencial frente a MV. Las familias ABCDEFGH serán llevadas a homocigocis durante sucesivos ciclos de autofecundación para obtener una población PMP final aproximada de 1000 líneas F7.

72

Bibliografía

- Filippi y col. (2015) Population structure and genetic diversity characterization of a sunflower association mapping population using SSR and SNP markers. BMC Plant Biol. 15(1):52.
- Fusari y col. (2012) Association mapping in sunflower for sclerotinia head rot resistance. BMC Plant Biol. 12:93.
- Ladejobi y col. (2016) Maximizing the potential of multi-parental crop populations. Appl. Transl. Genomics. 11:9-17.
- Pascual y col. (2015) Potential of a tomato MAGIC population to decipher the genetic control of quantitative traits and detect causal variants in the resequencing era. Plant Biotechnol J. 13(4):565-577.