

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.}

(1) INTA EEA Pergamino. (2) INTA Instituto de Biotecnología, CICVyA Hurlingham. (3) Universidad Nacional del Noroeste de Buenos Aires. (4) INTA EEA Balcarce. (5) INTA EEA Manfredi.

En este trabajo se presentan avances del desarrollo de una población multi-parental (PMP) de tipo MAGIC en el contexto del programa de mejoramiento de girasol de INTA para el estudio de caracteres de interés agronómico. 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. En el taller se presentará el método de selección de las 8 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*, podredumbre húmeda del capítulo por *S. sclerotiorum*, 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.