

Caracterización de fuentes de resistencia a la podredumbre húmeda del capítulo (PHC) causada por *Sclerotinia sclerotiorum* en girasol

Filippi Carla^{1,2}, Zubrzycki Jeremias¹, Quiroz Facundo³, Maringolo Carla³, Alvarez Daniel⁴, Hopp Esteban^{1,5}, Escande Alberto³, Heinz Ruth^{1,2,5}, Lia Verónica^{1,2,5}, Paniego Norma^{1,2}

1 Instituto de biotecnología, CICVyA INTA Castelar; 2 CONICET; 3 UI FCA EEA INTA Balcarce; 4 EEA INTA Manfredi; 5 FCEN, Universidad de Buenos Aires

En este taller se presentarán los resultados obtenidos durante los últimos 10 años de trabajo sobre resistencia a PHC en girasol utilizando estrategias de mapeo de asociación (MA) y mapeo de ligamiento (ML), para identificar loci de carácter cuantitativo (QTL), y/o variantes alélicas favorables.

Para esto, un conjunto de 135 líneas endocriadas de girasol seleccionadas entre los materiales pre-mejorados por INTA por características como tolerancia a estreses, calidad, adaptabilidad, y una población biparental (PB) derivada del cruzamiento de las líneas públicas PAC2 (moderadamente resistente) x RHA266 (susceptible) fueron evaluadas durante cinco ensayos consecutivos a campo en la EEA Balcarce. Variables como incidencia, área bajo la curva de progreso de la enfermedad, severidad y período de incubación fueron utilizadas como descriptoras de la respuesta luego de inoculación asistida con ascosporas del patógeno en los distintos ensayos realizados. Se encontró variabilidad significativa ($p < 0.001$) entre los materiales pertenecientes a PMA y PB para todas las variables fenotípicas.

En cuanto a la caracterización genotípica, tanto los materiales pertenecientes a la PMA como a PB fueron genotipificadas utilizando paneles de marcadores moleculares de tipo microsatélite, genes candidatos y polimorfismos de nucleótido simple (SNPs).

En el enfoque de MA, luego de corregir por estructura poblacional y parentesco, se identificaron 13 regiones asociadas con resistencia a PHC. Por su parte, con ML se identificaron 49 QTLs. Ambas aproximaciones coinciden en identificar una región asociada a resistencia en el grupo de ligamiento 8. Numerosos genes candidato mapearon en las proximidades de los SNPs asociados y QTLs detectados. Este análisis integrador de datos fenotípicos y moleculares en dos poblaciones diferentes ha permitido identificar líneas superiores entre los materiales pre-mejoradas que contienen de uno a tres factores de resistencia para PHC y paneles de marcadores moleculares para distintos propósitos, ya sea evaluar identidad, pureza genética, selección asistida.