

## Identificación y caracterización de fuentes de resistencia genética a la Marchitez Anticipada causada por *Verticillium dahliae* en Girasol

Montecchia Juan F.<sup>1,2</sup>, Filippi C.V.<sup>1,2</sup>, Fass M.I.<sup>1,2</sup>, García M.N.<sup>1,2</sup>, Cerrudo I.<sup>1,3</sup>, Domínguez M.<sup>1,4</sup>, Maringolo C.A.<sup>3</sup>, González J.<sup>4</sup>, Álvarez D.<sup>5</sup>, Di Rienzo J.A.<sup>6</sup>, Quiroz F.J.<sup>3</sup>, Lía V.V.<sup>1,2</sup>, Paniego N.B.<sup>1,2</sup>, Heinz R.A.<sup>1,2</sup>.

1: Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET); 2: Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) – INTA - CONICET; 3: Unidad Integrada EEA-INTA Balcarce; 4: EEA-INTA Pergamino; 5: EEA-INTA Manfredi; 6: Facultad de Ciencias Agropecuarias – UNC.

La marchitez anticipada causada por *Verticillium dahliae*, o verticilosis (MV) representa una de las principales enfermedades del girasol en la República Argentina (RA), principalmente por su carácter endémico y por su elevada prevalencia en la zona de cultivo (1.2 Mha en el sur de la Región Pampeana). Las pérdidas de rendimiento por MV pueden ser elevadas (30%) en híbridos susceptibles. La MV es una enfermedad vascular monocíclica, cuya fuente de inóculo en suelo conserva una prolongada viabilidad infectiva, para la cual el control químico resulta ineficiente. El manejo de la enfermedad se basa en el uso de híbridos resistentes o tolerantes.

Ante este panorama, la identificación de fuentes de resistencia genética a las razas locales del patógeno y su localización genómica, cobran especial relevancia para desarrollar herramientas moleculares que asistan al mejoramiento genético.

El objetivo del presente trabajo fue el de identificar fuentes de resistencia durable a la MV, a través del mapeo de loci para caracteres cuantitativos complejos (QTL, del inglés *Quantitative trait loci*) mediante mapeo genético (MG) en una población biparental y mediante mapeo por asociación (MA) sobre una población de mapeo que explora la diversidad genética del programa de mejoramiento de INTA. Se buscó, además, caracterizar molecularmente las razas patogénicas del hongo (VArg1 y VArg2).

Ambas poblaciones de mapeo fueron caracterizadas fenotípicamente en ensayos multiambientales sobre infectario natural y genotipificadas usando una variante del genotipado por secuenciación (GBS, ddRADSeq). El análisis estadístico de las asociaciones se realizó usando la metodología de intervalos compuestos en MG y modelos lineales mixtos multilocus (MLMM) en MA.

Mediante el MA se identificaron 36 regiones genómicas distribuidas en 12 de los 17 cromosomas de girasol, portadoras de SNPs asociados estadísticamente a la resistencia a MV, que explicaron 5% o más de la varianza fenotípica para las variables a las que fueron asociadas. Mediante MG se localizaron seis QTL, de los cuales tres coincidieron con regiones genómicas asociadas por MA validando la importancia de las mismas en la contribución a la resistencia a MV.

**Palabras Claves:** Girasol, *Verticillium dahliae*, Mapeo de QTL, Mapeo por asociación, Mapeo de Ligamiento, Marchitamiento, Verticilosis.