

BV59. Mapeo de QTLs en *Carthamus tinctorius* L.

Cerrotta, A. (1)*; Lindström, L.I. (2); Echenique, V. (1).

(1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS, CCT-Bahía Blanca) y Depto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. (2) Depto. de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. *acerrotta@cerzos-conicet.gob.ar

El cártamo es una especie anual de la familia de las asteráceas, cultivada como oleaginosa en regiones semiáridas. La calidad industrial de su grano depende del contenido de materia grasa, que está negativamente correlacionada con el contenido de cáscara (CC). Su producción posee una importancia secundaria, por lo que el estado del arte en el desarrollo de información genómica es limitado, comparado a otras especies. El estudio de los caracteres de interés para el mejoramiento puede ser abordado a través del mapeo de QTLs sobre un mapa de ligamiento, creado a partir del genotipado de una población biparental. Las poblaciones F_2 poseen baja resolución de mapeo, no detectan interacciones del QTL con el ambiente, pero son fáciles y rápidamente constituidas.

Informamos aquí la obtención de un mapa de ligamiento medianamente saturado basado en una F_2 derivada de un cruzamiento entre parentales contrastantes para el carácter CC (WSRC03 y Montola 2000). El genotipado se realizó por Dartseq (SAGA-CIMMYT), y el mapa de ligamiento mediante el software JointMap5, consensuándolo con el genoma de referencia a nivel de *scaffolds* de Bowers *et al* (2016). El análisis de agrupamiento se realizó mediante el test de independencia con el estadístico LOD (logaritmo de las probabilidades) y el mapeo mediante el algoritmo de regresión. Los 91 individuos F_2 fueron cultivados en el año 2018 en un campo experimental de Cabildo (Buenos Aires). El CC de los frutos se obtuvo por el descascarado manual de 20 frutos. Se utilizó el modelo de mapeo múltiple de QTLs del software MAPQTL6, que no contempla la epistasis y que utiliza los marcadores como cofactores.

Los marcadores obtenidos (43.561) fueron filtrados por el haplotipo de los parentales, y por su segregación teórica (1:2:1 y 3:1, para SNP e INDeLs, respectivamente). El análisis de agrupamiento se realizó a partir de 673 marcadores y resultó en 23 grupos de ligamiento (GL), pero se descartaron los GLs en los que el algoritmo de mapeo no convergió. Se obtuvo un mapa final de 18 GLs, con una extensión de 798 CM y un total de 263 marcadores. Los GLs tuvieron entre 2 y 82 marcadores, con una extensión de 1,34 a 125 CM. La alineación con el genoma de referencia generó 12 subconjuntos de GLs, lo que se correspondió con el número básico de la especie.

Los parentales exhibieron 52,19% (WSRC03) y 32,48% (Montola 2000) de CC. Entre los 79 individuos que generaron frutos, el promedio del CC fue de $42,43 \pm 3,52\%$, con un mínimo de 33,70% y un máximo de 54,70% siguiendo una distribución normal. Se hallaron seis QTLs asociados al CC, en los cuales predominaron los efectos de dominancia. El LOD de estas regiones osciló entre 3,72 y 6,11. El efecto de estos QTLs sobre el fenotipo fue entre 7,3% y 12,9%, considerado pequeño a moderado. Este estudio representa un avance hacia el conocimiento de la arquitectura de un carácter de gran relevancia en la calidad del cártamo y en la generación de herramientas útiles para aplicar en el mejoramiento.