

## **BV78. Mapeo por asociación a genoma completo para la resistencia a enfermedades fúngicas en girasol**

Filippi, C. (1,2)\*; Quiroz, F. (1); Colombo, D. (1); Corro-Molas, A. (1); Alvarez, D. (1); Heinz, R. (1); Lia, V.V. (1); Paniego, N.B. (1).

(1). Universidad Nacional de Moreno–UNM, Argentina. (2). Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina. \*[filippi.carla@inta.gob.ar](mailto:filippi.carla@inta.gob.ar)

Argentina tiene una larga tradición en el mejoramiento de girasol, siendo su germoplasma un recurso genético invaluable a nivel mundial. Actualmente, el cultivo presenta una importante brecha entre el rendimiento real y el rendimiento potencial debido principalmente a estreses bióticos y abióticos.

La podredumbre húmeda del capítulo (PHC) causada por *Sclerotinia sclerotiorum* y más recientemente el cancro de tallo y capítulo (CTCG) en girasol causado por el complejo *Diaporthe/Phomopsis helianthi*, constituyen dos de las enfermedades más importantes para el cultivo en el país.

En este trabajo, presentamos un estudio de asociación a genoma completo (GWAS) para la identificación de loci implicados en el proceso de resistencia a estas enfermedades. Un panel de 135 líneas endocriadas de girasol fue evaluado a campo en la EEA INTA Balcarce (PHC) y AER INTA General Pico (CTCG). Para PHC, las variables incidencia (DI), severidad (DS), área bajo la curva de progreso de la enfermedad para incidencia y severidad (AUDPCI, AUDPCS) y período de incubación (IP) fueron utilizadas como descriptores de la respuesta, tras realizar inoculación asistida con ascosporas del patógeno en tres ensayos fenotípicos. Para CTCG, las variables incidencia y severidad de cancro de tallo (DI\_CT, DS\_CT) y de cancro de capítulo (DI\_CC, DS\_CC) fueron registradas tras dos ensayos realizados en infectarios naturales. Las medias ajustadas para cada variable se obtuvieron aplicando modelos lineales generalizados mixtos.

En cuanto al genotipo, para estos materiales se contaba con una matriz de ~11K polimorfismos de nucleótido simple (SNPs), generados por “genotipado por secuenciación”. Aquí, cabe mencionar que dicha matriz fue obtenida utilizando como referencia la versión 1 (V1) del genoma de girasol, y actualmente se encuentra disponible una versión más acabada (V2). De esta forma, se desarrolló una estrategia propia para transformar las coordenadas V1->V2, y se utilizó la matriz resultante para GWAS.

Luego de corregir por estructura poblacional (componentes principales) y parentesco, se identificaron 12 marcadores asociados con resistencia a PHC (4 con DI, 1 DS, 1 AUDPCI, 2 AUDPCS, 4 IP) y 8 asociados con CTCG (4 DI\_CT, 2 DS\_CT, 2 DS\_CC), luego de aplicar correcciones múltiples. Los cromosomas CHR02, CHR05, CHR10 y CHR12 fueron los que más marcadores asociados acumularon. La exploración del genoma

anotado arrojó que 6 de estos marcadores co-localizan con genes de resistencia (genes R).

Este análisis integrador de datos moleculares y fenotípicos aporta herramientas para la futura generación de materiales portadores de resistencia múltiple y durable a enfermedades fúngicas.