

# Análisis integrado de caracteres fenológicos del duraznero mediante estudios de asociación del genoma completo durante una campaña

Chirino, Julián S.; Aballay, Maximiliano M.; Valentini Gabriel H.; Sánchez, Gerardo\*  
 Estación Experimental Agropecuaria (EEA) San Pedro (-33,73°S, -59,79°O), INTA, Ruta N°9, Km 170. Argentina.  
 E-mail: [sanchez.gerardo@inta.gob.ar](mailto:sanchez.gerardo@inta.gob.ar)



## Introducción

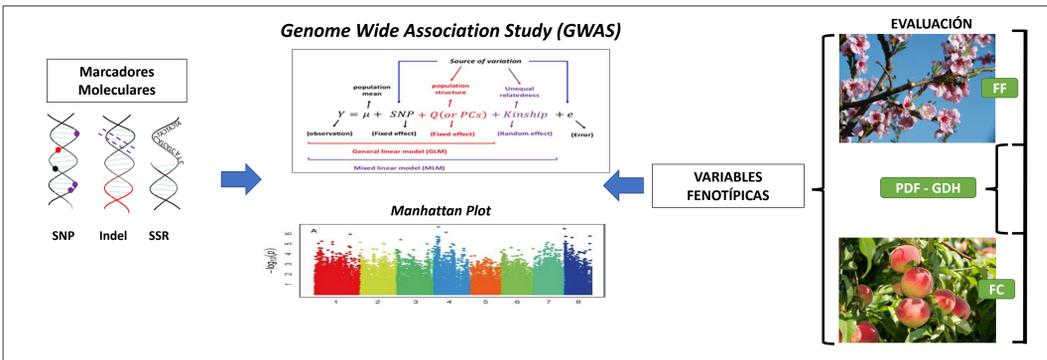
En regiones de clima templado, las temperaturas condicionan a los productores a seleccionar cultivares de duraznero con caracteres fenológicos adecuados con el objetivo de disminuir los riesgos de daños por heladas e ingresar a mercados en momentos de menor oferta. Cultivares con floraciones tardías y cosechas tempranas reunirían éstos requisitos. El acceso a tecnologías de secuenciación genómica y la identificación de marcadores moleculares (MM) pretende eficientizar la utilización de recursos en los programas de mejora, acortando los períodos de selección y mejorando la precisión de cruzamientos dirigidos.

## Objetivos

Determinar el control genético de los caracteres fenológicos desde floración a cosecha.

## Materiales y Métodos

Durante la campaña 2021-2022 se fenotipó un panel de 212 accesiones, previamente genotipado y caracterizado con 14057 MM (SNP, SSR e Indel). Las variables fenológicas observadas y calculadas fueron: Fecha de Floración (FF) determinada al 50% de flores abiertas; Fecha de Cosecha (FC) definida en firmezas de pulpa entre 5 y 7 Kg/cm<sup>2</sup>, Período de Desarrollo de Fruto (PDF) medido en días y Requerimientos de calor (GDH) entre FF y FC necesaria para cumplir dicho período. Los GDH se calcularon como describen Richardson y Anderson (1986). Se compararon con resultados de 4 campañas previas. Para el análisis se utilizó el Software R, paquete GAPIT3 y modelos lineales generalizados (GLM) de ajuste independiente, ANOVA, Tukey y análisis de correlación de Pearson.



**Figura 1. Diagrama de trabajo.** Se combinaron datos de MM con las variables fenológicas de 212 genotipos analizados para FF, PDF, GDH, FC y se introdujeron en un estudio de GWAS para determinar la existencia de regiones del genoma responsables de controlar los caracteres evaluados. Se consideró el efecto de estructura poblacional con un análisis de componentes principales (PCA). Los resultados obtenidos se analizaron a partir de un *Manhattan Plot* que grafica la probabilidad de asociación entre marcadores y caracteres.

## Resultados

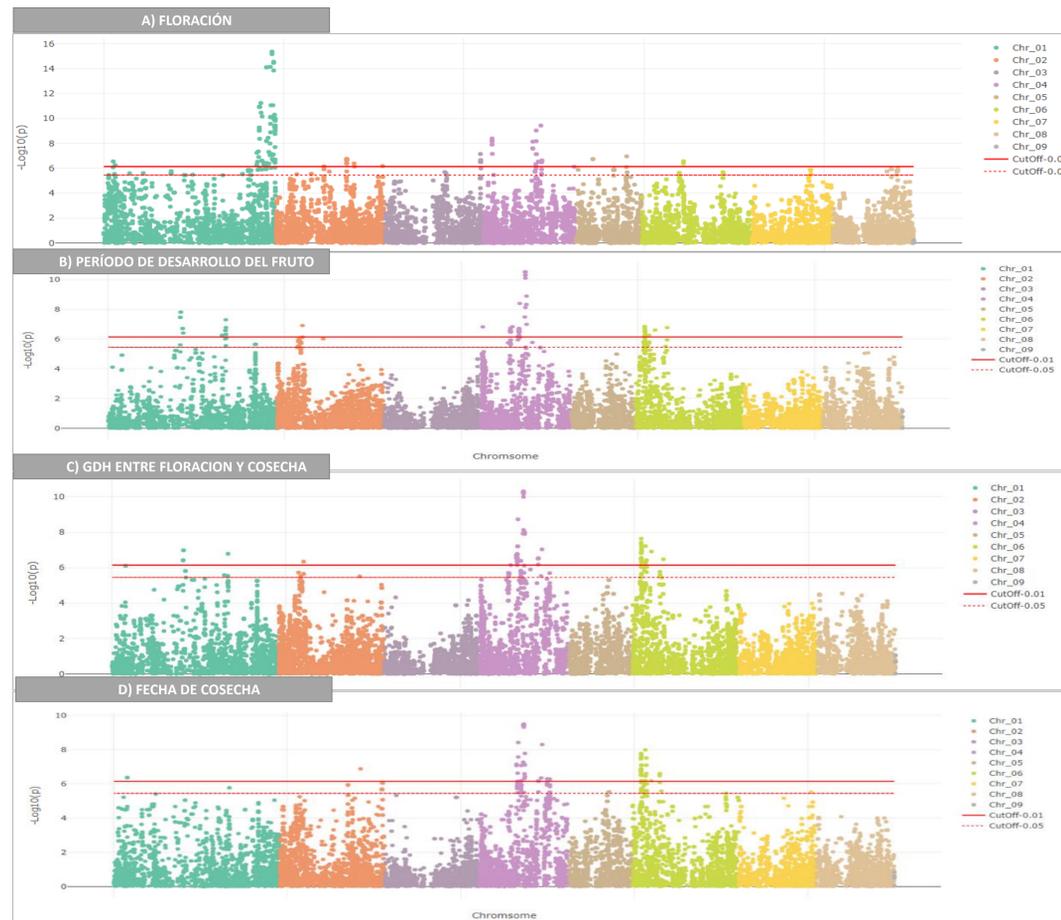
**Tabla 1:** Caracteres medidos en el banco activo de germoplasma para 212 genotipos con valor de media, desvío estándar (Sd) y rango. Campaña 2021-2022. Inicio de mediciones 01/05/2021.

Caracter	Unidades/abreviatura	Media	Sd	Rango
Fecha de Floración	Días (FF)	123	16	70 - 151
Período de desarrollo de fruto	Días (PDF)	110	25	62 - 170
Requerimientos de calor entre floración y cosecha	Growing degree hours (GDH)	37419	11286	62328
Fecha de Cosecha	Días (FC)	232	29	173 - 295

Como resultado de estudios de asociación (GWAS) se identificaron, un QTL en el cromosoma 1 y dos en el cromosoma 4 controlando la FF, que explican 69,7%, 57,3% y 57,3% de la variación fenotípica, respectivamente. Para FC, se identificó un QTL en el cromosoma 4 y otro en el 6 explicando un 45% y 42% de la variación, respectivamente. PDF y GDH, muestran asociación co-localizada con FC y suman dos QTLs en el cromosoma 1 explicando un 27,3% y 26,92% de la variación fenotípica, respectivamente.

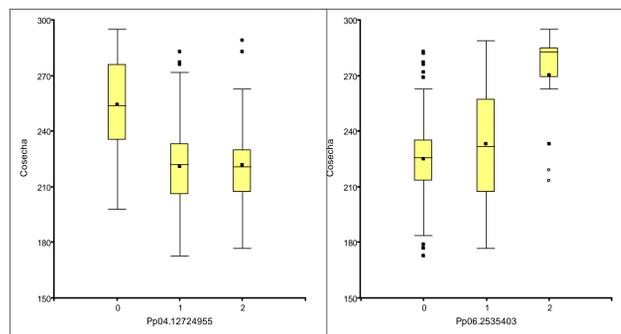
**Tabla 2. Loci de caracteres cuantitativos (QTLs)** detectados en el banco activo de germoplasma. Variables, Cromosoma y posición, tipo de marcador/nucleótido de referencia y variante, LOD (log<sub>10</sub> P-value), R<sup>2</sup> (% de la variación fenotípica explicada), efecto aditivo: FC, PDF y FF en días; Requerimientos térmicos en GDH.

Variable	Cromosoma/Posición	Loci	Tipo de marcador	LOD	R <sup>2</sup> (%)	Efecto aditivo
Cosecha (FC)	Pp04.12724955	QTL	SNP_T_G	9,49	45	18,5
			SNP_A_G	7,77	42	17,6
Período de Desarrollo de Fruto (PDF)	Pp01.20528936	QTL	SNP_A_T	10,15	28,8	29,7
			SNP_G_A	10,15	27,2	20,4
			SNP_C_T	10,56	35	18,7
			SNP_A_G	10,15	26	15,5
			SNP_A_T	7,80	31,4	6697
			SNP_G_A	7,45	31,2	8270
GDH	Pp04.12603237	QTL	SNP_C_T	10,29	39	7792
			SNP_A_G	10,04	32,7	6969
			SNP_T_A	15,37	68	19,8
			SNP_C_T	9,43	61	17,3
Floración	Pp04.2450368	QTL	SNP_T_C	8,4	60	8,13



**Figura 2: Manhattan Plot.** Representación de 8 cromosomas por color y MM en círculos. A) Floración, B) Fecha de cosecha, C) Período de desarrollo del fruto (PDF) e) GDH entre floración plena y cosecha, usando un modelo lineal generalizado (MLG). Las líneas rojas superior e inferior representan umbrales de significancia siendo P<0.01 y P<0.05 respectivamente, utilizando el ajuste de Bonferroni. Los MM en circunferencias presentan un alto nivel de asociación con los caracteres evaluados.

Se observó que las regiones que controlan los caracteres FF y FC se encuentran ubicados en regiones diferentes del genoma (Tabla 2) y no presentan ligamiento. Se analizó la FF y FC y se determinó una correlación media (R<sup>2</sup>= 0,52, P-valor<0,05) mientras que para FF y PDF no hay correlación (R<sup>2</sup>= -0,041, P-valor>0,05).



**Figura 3 Box Plot.** Fechas de Cosecha de 212 genotipos en función de la presencia de dos alelos de referencia (0), un alelo de referencia y uno alternativo (1), dos alelos alternativos (2). Para el QTL 4 y 6 los alelos aportan de manera dominante, es decir, la presencia de uno o dos alelos alternativos disminuye o aumenta la media de FC, PDF y GDH en igual magnitud.

El carácter FF presentan el QTL 1 y 4.1 con efectos aditivos, mientras que el QTL 4.2 proporciona efectos dominantes. Los resultados de 4 campañas previas son coincidentes con el análisis actual.

## Conclusiones

- Se logró identificar MM fuertemente asociados a caracteres fenológicos de interés agronómico
- Fue posible determinar la combinación alélica que permita seleccionar parentales con precisión
- Se identificaron nuevos SNPs asociados a las variables estudiadas no descriptos anteriormente.
- Los resultados sugieren cierta independencia en el control de estos caracteres y la posibilidad de implementar la selección genómica, orientada a floraciones tardías que escapen de situaciones de heladas y cosechas tempranas.

QR code 150x150 px