

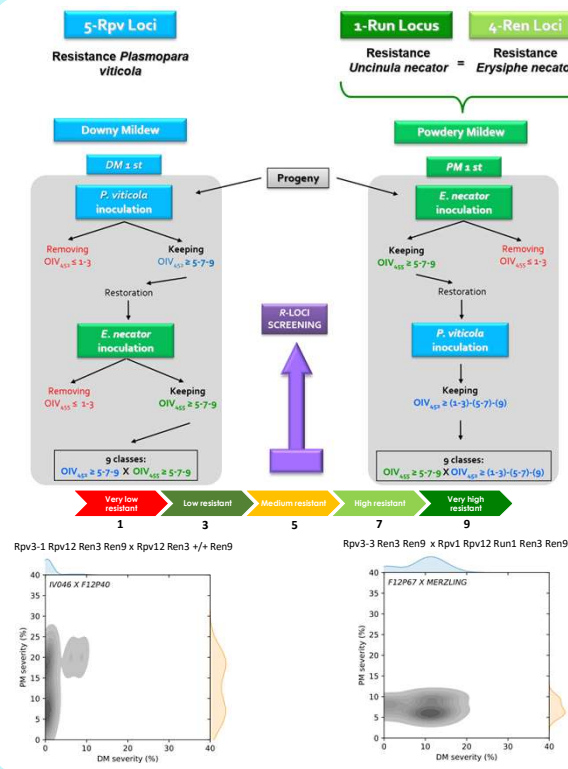
# Piramidazione di loci di resistenza a peronospora e oidio mediante un processo ottimizzato di selezione assistita da marcatori molecolari

Paola Bettinelli<sup>(1,2)</sup>, Tiago Camponogara Tomazetti<sup>(3)</sup>, Luca Zulini<sup>(2)</sup>, Daniela Nicolini<sup>(2)</sup>, Alessandra Zatelli<sup>(2)</sup>, Monica Dallaserra<sup>(2)</sup>, Cinzia Dorigatti<sup>(2)</sup>, Marco Stefanini<sup>(2)</sup>, Silvia Vezzulli<sup>(2)</sup>

(1) Center Agriculture Food Environment, University of Trento, San Michele all'Adige, TN, Italy  
(2) Research and Innovation Centre, Fondazione Edmund Mach, San Michele all'Adige, TN, Italy  
(3) Department of Plant Science, Federal University of Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brazil

Contact: silvia.vezzulli@fmach.it

## OTTIMIZZAZIONE della FENOTIPIZZAZIONE



## OTTIMIZZAZIONE della GENOTIPIZZAZIONE

- ❖ **Riduzione Costi di Amplificazione**  
9 R-loci = 20 marcatori SSR = da 16 a 7 multiplex PCR
- ❖ **Riduzione Costi di Estrazione del DNA genomico**  
metodo CTAB in piastra
- ❖ **Riduzione Costi Totali per 96 campioni**

1/3

1/12

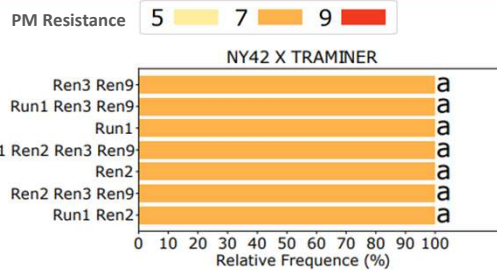
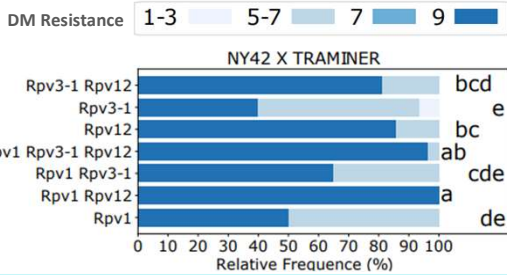
1/4

## GRADO di PIRAMIDAZIONE di R-LOCI

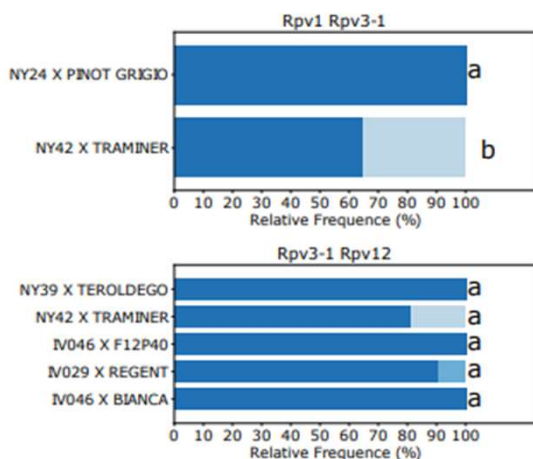


650 seedlings and 9 R-LOCI from more than 22 segregating populations

## EFFETTO INTRA-POPOLAZIONE



## EFFETTO INTER-POPOLAZIONE



## IMPATTO

### EFFICIENZA

Mentre il nuovo workflow di fenotipizzazione ha consentito una selezione più accurata dei caratteri di resistenza, la riduzione dei costi rende possibile lo screening 4 volte il numero di piantine con lo stesso budget. Ciò ha influenzato non solo la pipeline di allevamento stessa, ma anche la possibilità di condurre studi genetici rilevanti.

### BREEDING INFO

Lo studio sugli effetti INTER- e INTRA- popolazione offre nuovi importanti indizi per la pianificazione di futuri incroci, che possono quindi basarsi sulla conoscenza degli effetti dei background genetici e delle combinazioni R-Loci.

### FORWARD MAS

Grazie a questi risultati, dal 2019 è stato stabilito un processo di Forward MAS –senza screening fenotipico– sulle progenie derivate da quelle linee parentali con un comportamento noto all'interno del programma di breeding FEM.