

GFH



CONFERENCIA
FORESTAL
JUL 13 -14 **2023**

Selección Genómica en el Programa de Mejoramiento Genético de Fresas de La Universidad de la Florida

Por: Luis Fernando Osorio A.

ORGANIZAN



UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA

Contenido

Introducción

- Estudios Genéticos Anuales
- Selección Asistida por Marcadores
- Ciclo de Mejoramiento Genético

Aplicaciones de la SG

- Selección Genómica de Parentales
- Selección de Plántulas dentro de Familias
- Selección de Resistencia a Enfermedades
- Selección de Rasgos Indirectos (Biomasa)

Ventajas de la SG

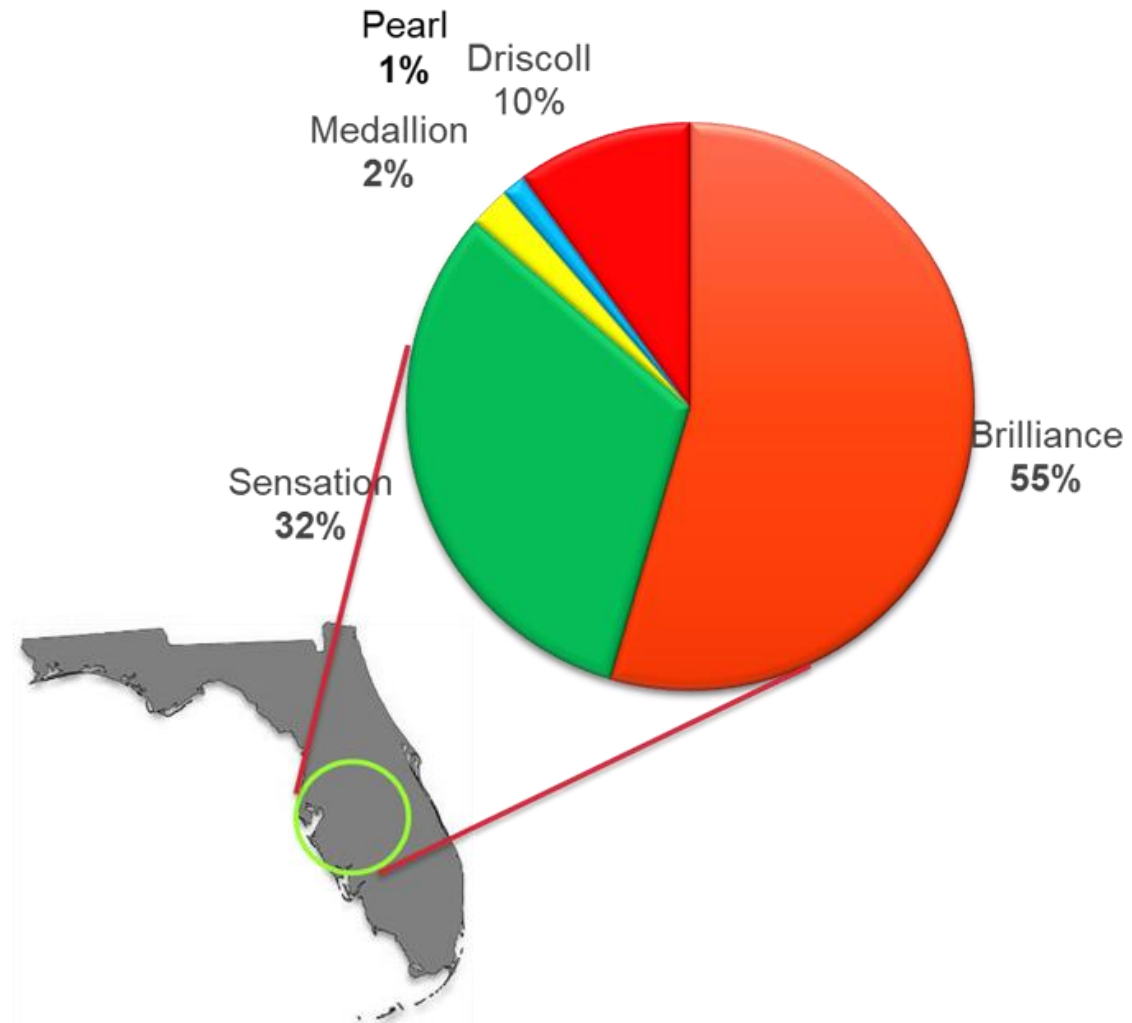
3

Introducción

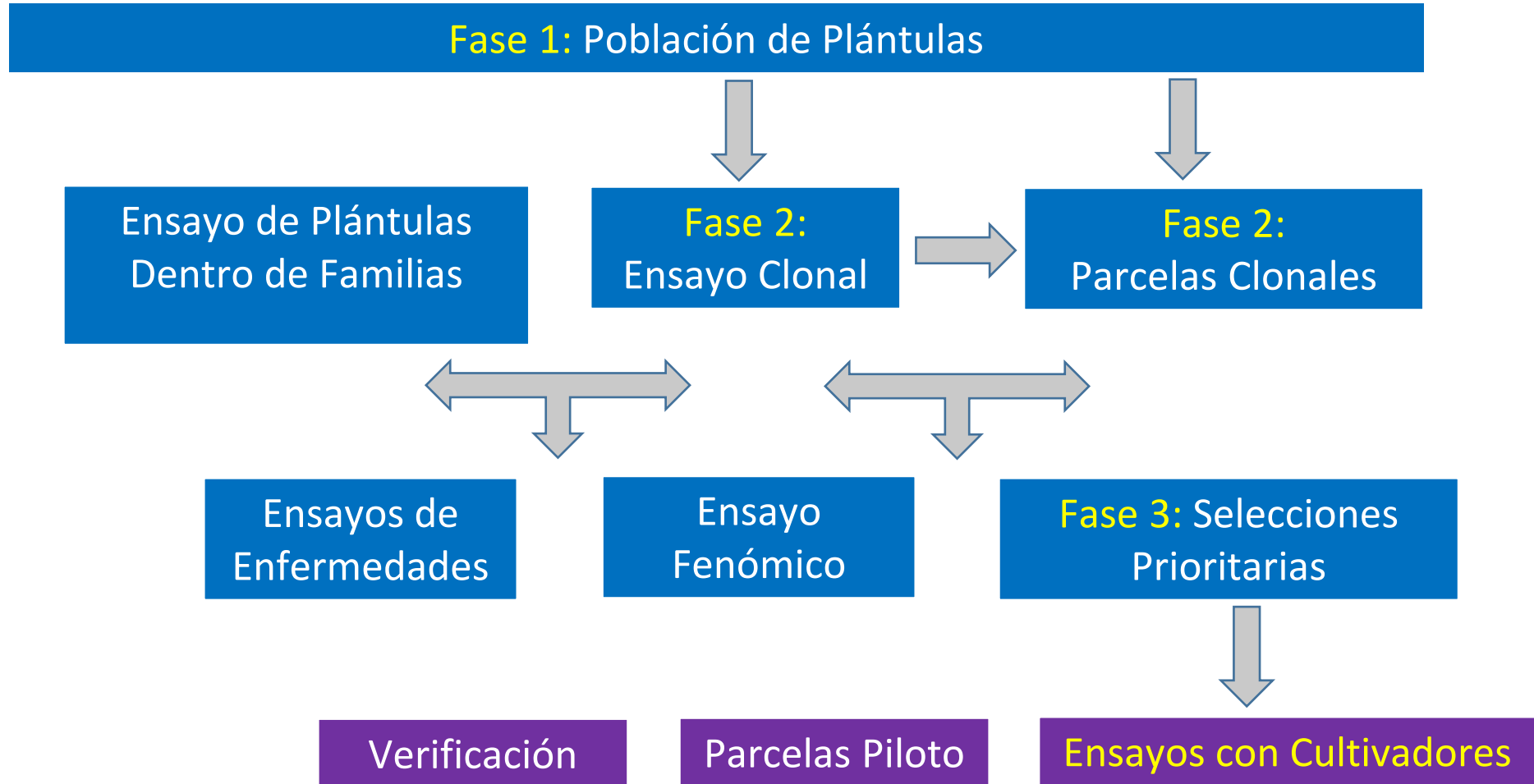
Producción de Fresas en U.S.



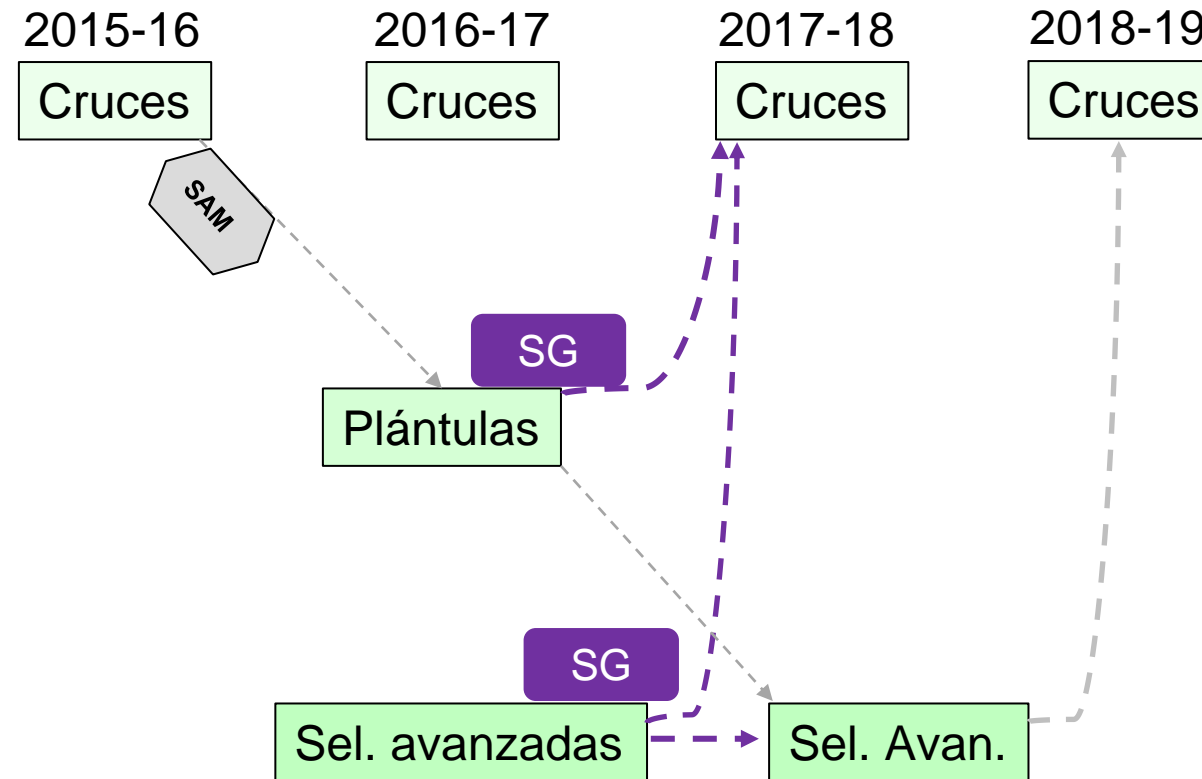
Variedades Florida 2021-22



Estudios Genéticos Anuales



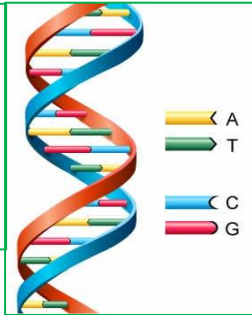
Ciclo de Mejoramiento



Selección Asistida con Marcadores (SAM)

M. Moleculares SNP

1. identificar
2. localizar



Marcadores Moleculares

Phytophthora cactorum = Pc

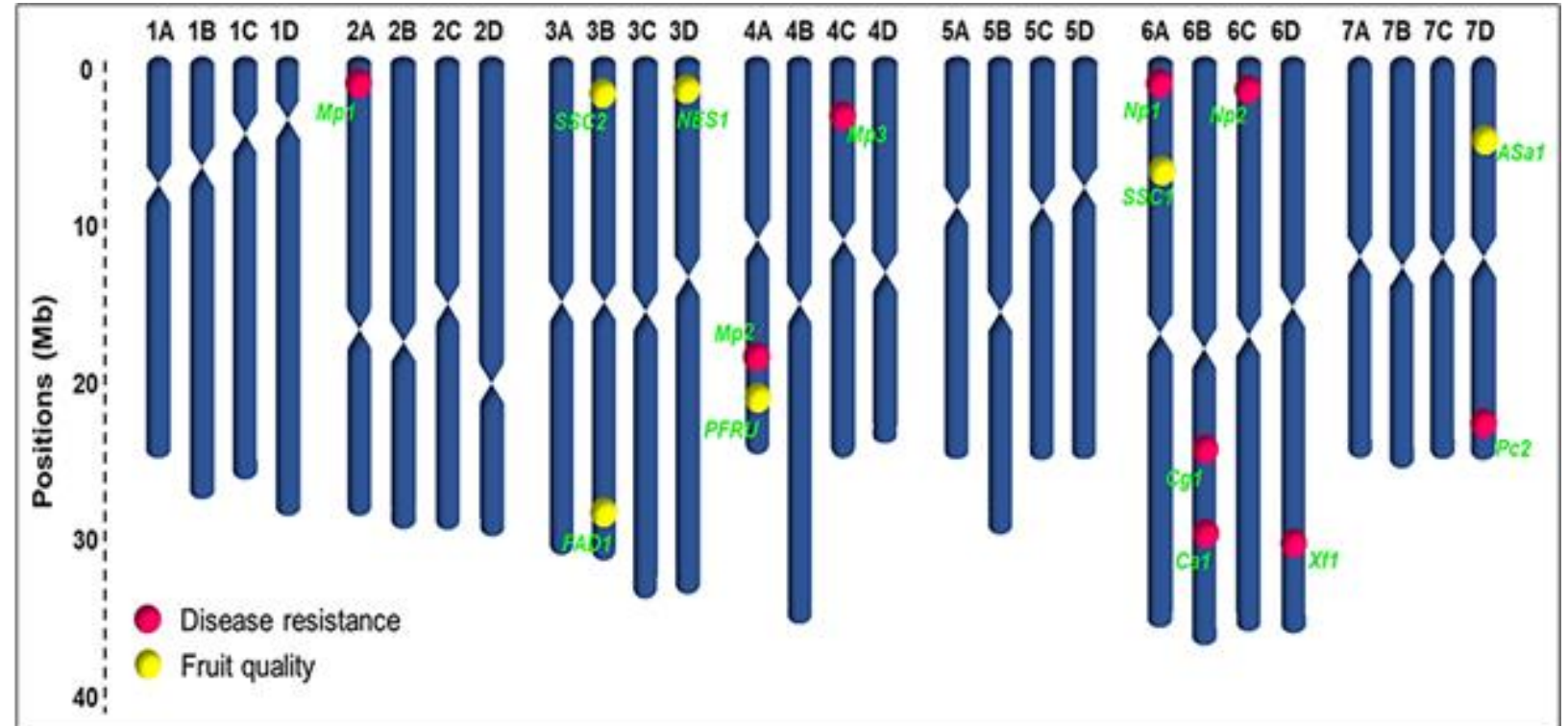
Colletotrichum gleosporioides = Cg

Colletotrichum acutatum = Ca1

Xanthomonas fragariae = Xf1

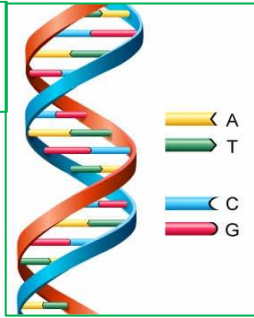
Día neutro = Dn

Gamma-decalactone = Gd



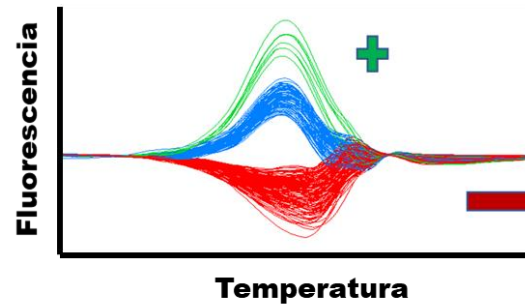
Selección Asistida con Marcadores Prueba de ADN

M. Moleculares
3. utilizar



- ✓ Antracnosis
- ✓ Fitóftora
- ✓ Mancha angular
- ✓ Día neutro
- ✓ Aroma - durazno

Filtrado - HRM

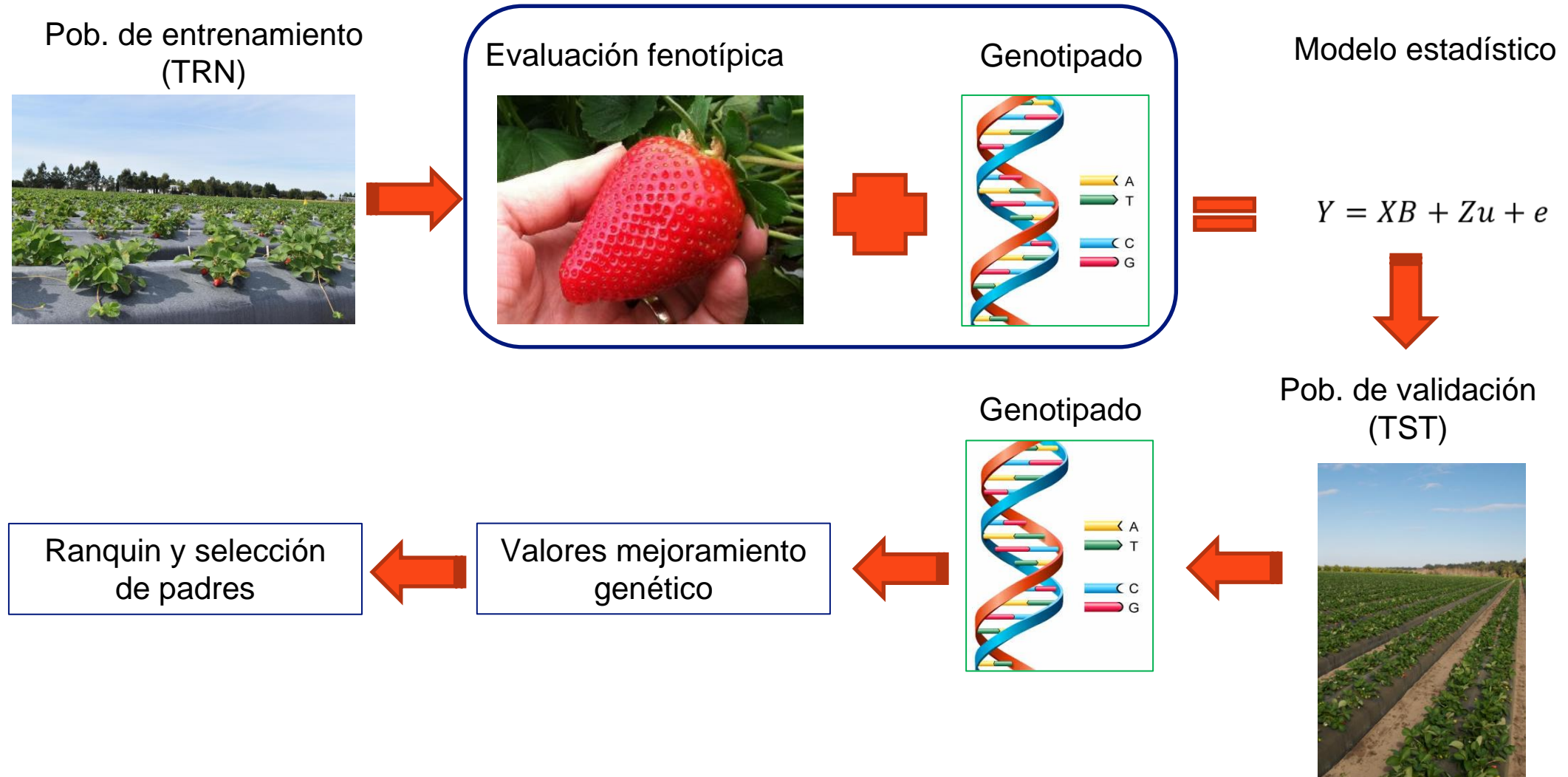


55,000 Plántulas



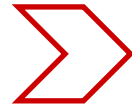
14,000 plantas – Fase 1

Modelo de Selección Genómica



Selección Genómica

Entrenamiento (TRN)



Validación (TST)



$$GBV_i = \sum_{j=1}^p x_{ij} \beta_j$$

Estimación de Parámetros

Habilidad Predictiva: (PA): $\text{corr}(y, \hat{g})$

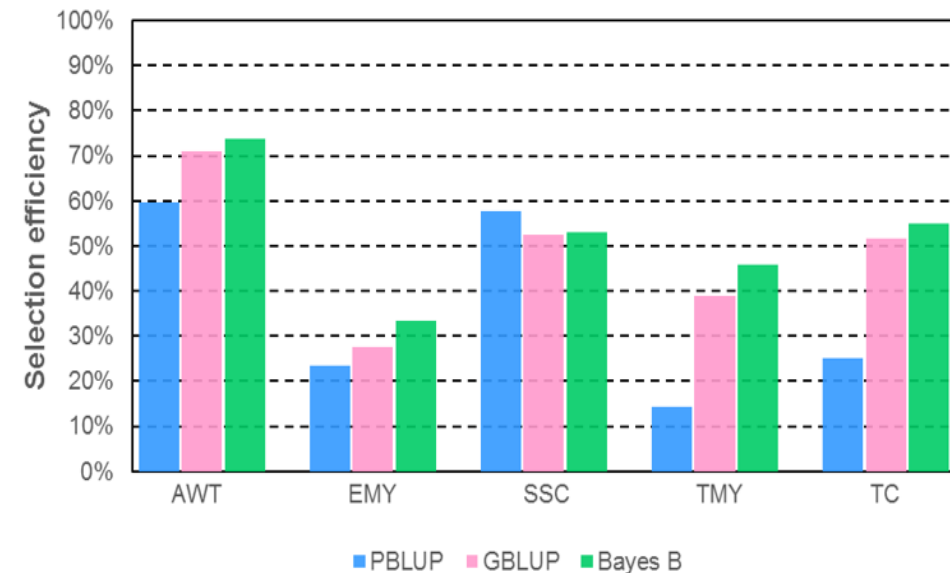
Precisión: $\text{corr}(g, \hat{g}) = \frac{PA}{h}$

Eficiencia de la Selección (ES) = $\frac{GG_{INC}}{gg_{COM}}$

Precisión de los métodos de SG T2/2013 (TRN) -> T2/2014 (TST)

Trait	PBLUP	RKHS	GBLUP	Bayes B	Bayes C	BRR	BL
AWT	0.549	0.636	0.606	0.610	0.603	0.601	0.594
EMY	0.415	0.621	0.557	0.629	0.608	0.608	0.580
SSC	0.630	0.748	0.708	0.726	0.723	0.719	0.726
TC	0.159	0.363	0.365	0.400	0.402	0.401	0.385
TMY	0.507	0.710	0.652	0.753	0.718	0.433	0.638

ES con base en la predicción de T2/2013 (TRN) -> T2/2014 (TST)



Validación Independiente de SG a través de los años

Características de la SG

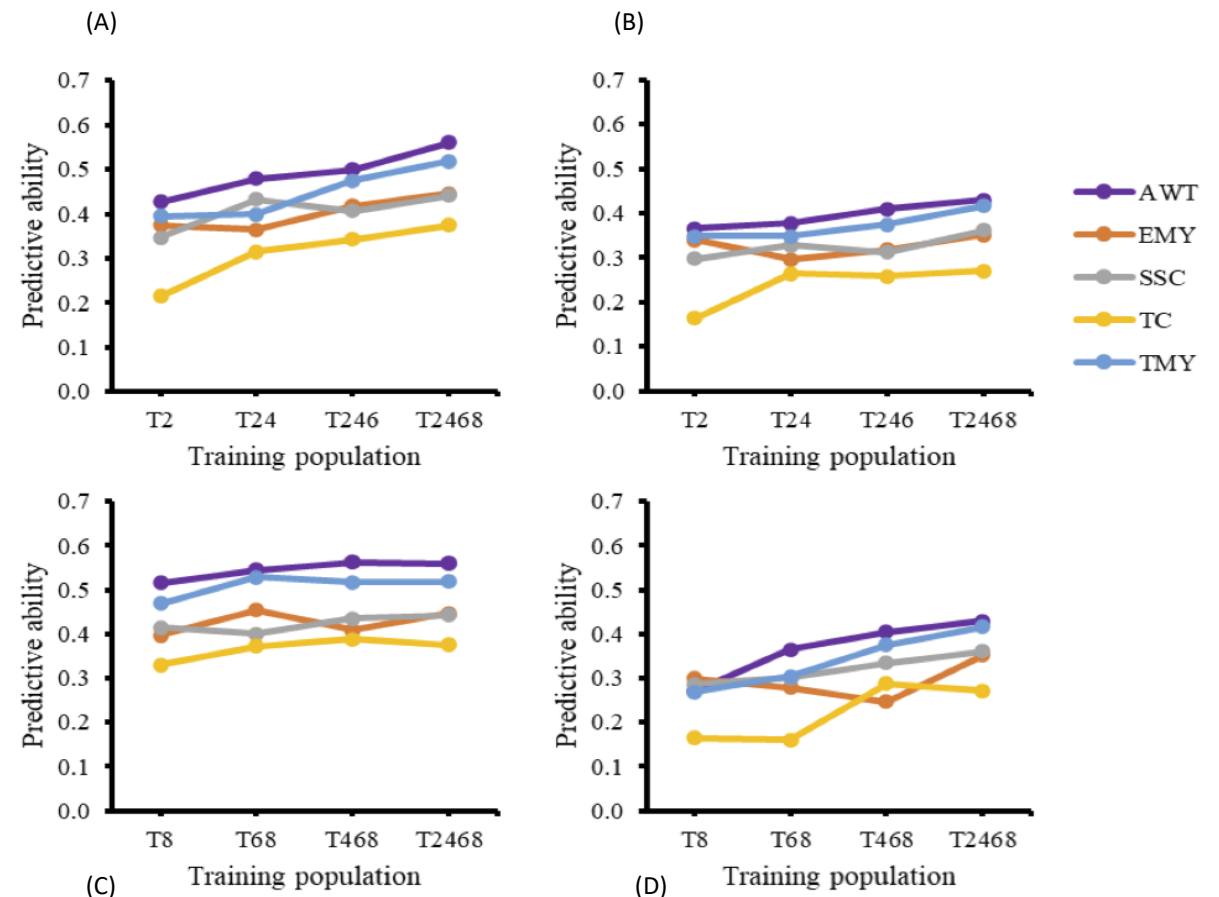
- TRN = 6 Ensayos clonales
- TST = Ensayo actual
- 1,715 Fenotipos
- AWT, EMY, TMY, TC, SSC
- Affimetrix IStraw35K SNP
- 9,908 SNP

Estructura de la Población

Trials	T2	T4	T6	T8	T10	N
T2	33	37	29	28	30	217
T4	8	30	57	40	43	240
T6	2	7	45	88	69	237
T8	3	1	14	43	107	273
T10	2	3	10	13	28	266

En la diagonal, número de familias por ensayo, arriba de la diagonal Individuos comunes y debajo de la diagonal padres comunes

Predicciones hacia adelante (A,B) y hacia atrás (C,D) del ensayo T10 incluyendo individuos comunes (A,C) y excluyéndolos (B,D)



3

Aplicaciones de la SG

Aplicaciones de la SG

- Selección of padres de la población de plántulas (Fase 1)
- Selección of padres del ensayo clonal (Fase 2)
- Selección de plántulas dentro de familias
- SG de resistencia a *P. mildew* y *Neopestaloptiosis spp.*
- SG de rasgos predichos con base en biomasa



Fase 1

Población de Plántulas



- 80 - 100 familias de hermanos completos
- 14,000 plántulas
- 2 copias por plántula



- Evaluaciones fenotípicas
- 350 selecciones por temporada

SG de Padres **Población** **de Plántulas**



Predicción Genómica

- **Método: Bayes B**
- **TRN: Ensayos clonales previos**
- **TST: 300-350 fenotipos**
- **Selección: 5 - 7 padres**

Fase 2

Ensayos Clonales Avanzados



Diseño Experimental

- 400-450 fenotipos
- Bloques al azar
- 5 replicaciones
- 2 eras por replicación
- Parcelas de 1 planta



Rasgos Evaluados

- AWT , EMY, TMY, TC, SSC, FRM



Ensayos Clonales en Parcelas

- Evaluaciones fenotípicas
- 10 plantas por parcela
- parcela

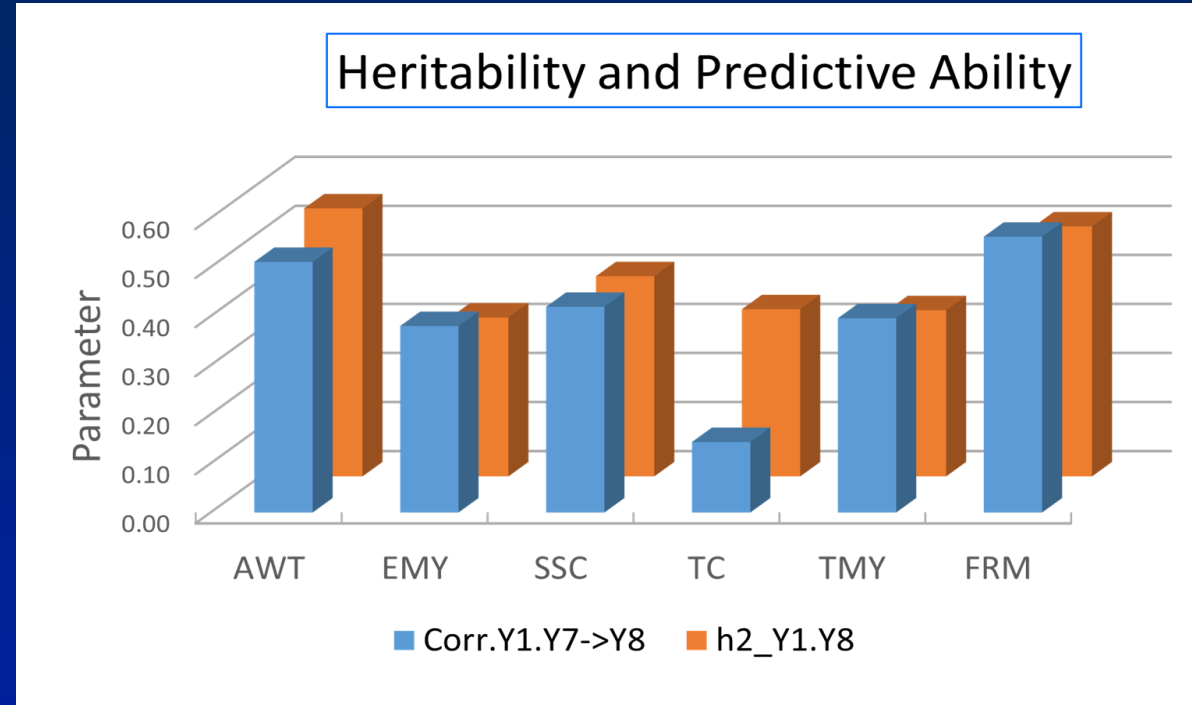
SG de Padres Ensayos Clonales Avanzados



Validación Independiente

- Método: Bayes B
- TRN: Últimos 4 ensayos clonales
- TST: Ensayo clonal actual
- Selecciones: 35-45 padres

SG de Padres Ensayos Clonales Avanzados



Método: GBLUP y Bayes B
TRN: 2013-2019, 1738 genotipos
TST: 2020-21, 434 genotipos
IStrow35K SNP: 3,350 SNPs

Stage3 Selecciones Prioritarias



Diseño Experimental


- Bloques al azar
- 5 replicaciones
- 15 genotipos
- 10 plantas/ parcela



Evaluación

- Rasgos principales
- Evaluación Sensorial de fruta (USDA)
- Paneles de degustación

GS Dentro de Familias



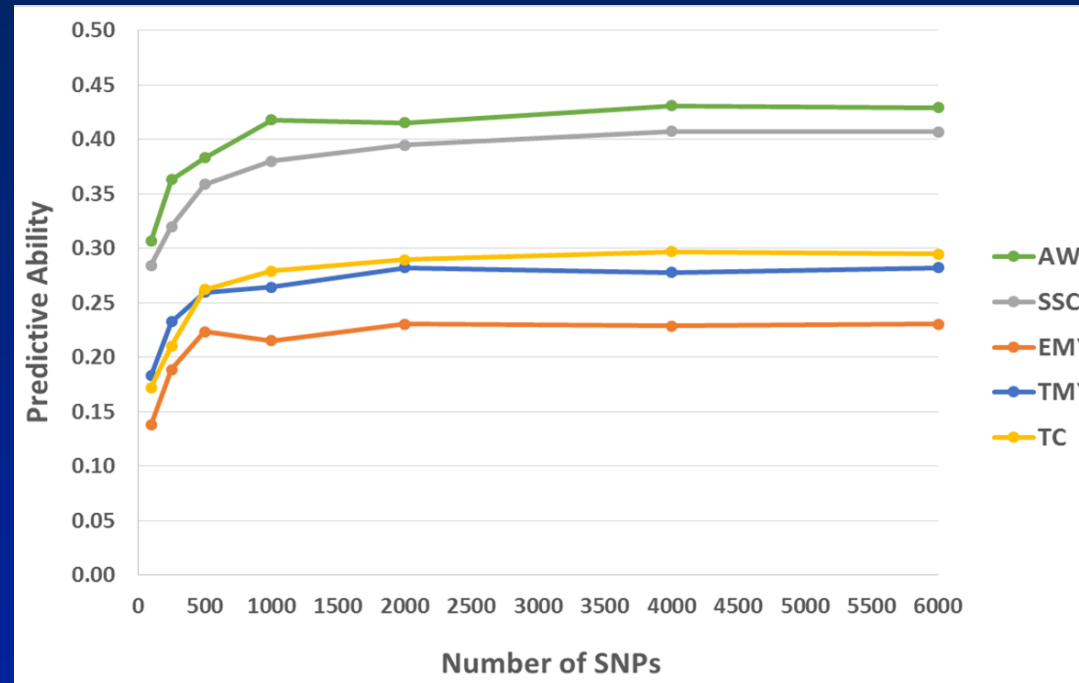
	♂	A	B	C	D
♀					
A			Fam 14	Fam 13	Fam 8
B				Fam 75	Fam 9
C					Fam 7
D					

Tapia et al., ISHS 2021. DOI 10.17660/ActaHortic.2021.1309.16

Cruces Controlados

- Métodos: GBLUP, RKHS y Bayes B
- TRN: 4 familias de medios hermanos
300 genotipos
- TST: cada familia, 75 genotipos

Reducción del Número de Marcadores

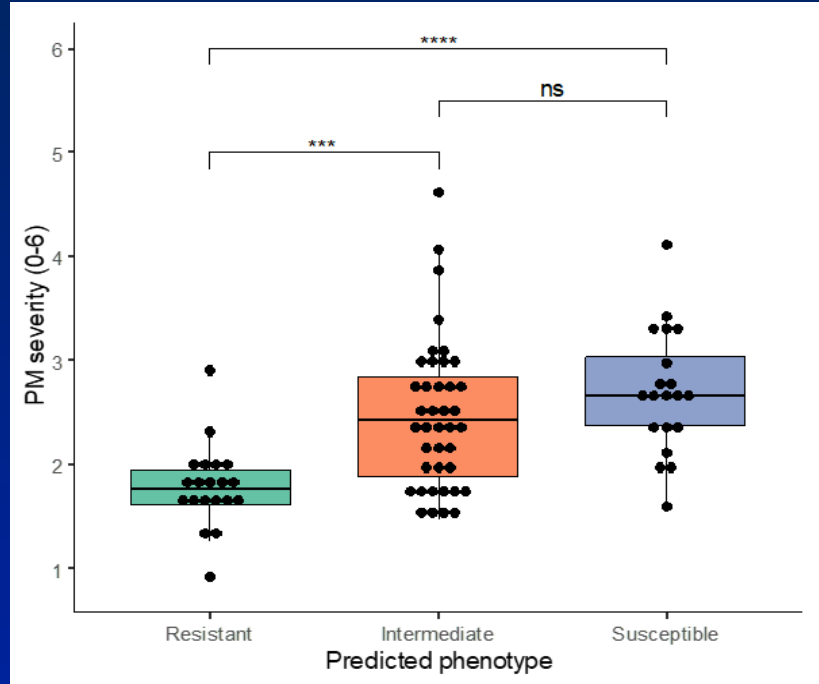


Validación Independiente

- Efecto del número de marcadores en la habilidad predictiva (PA)
- Pocos cruces por año
- 500 – 2,000 plántulas por familia
- Selecciones van a la Fase 2

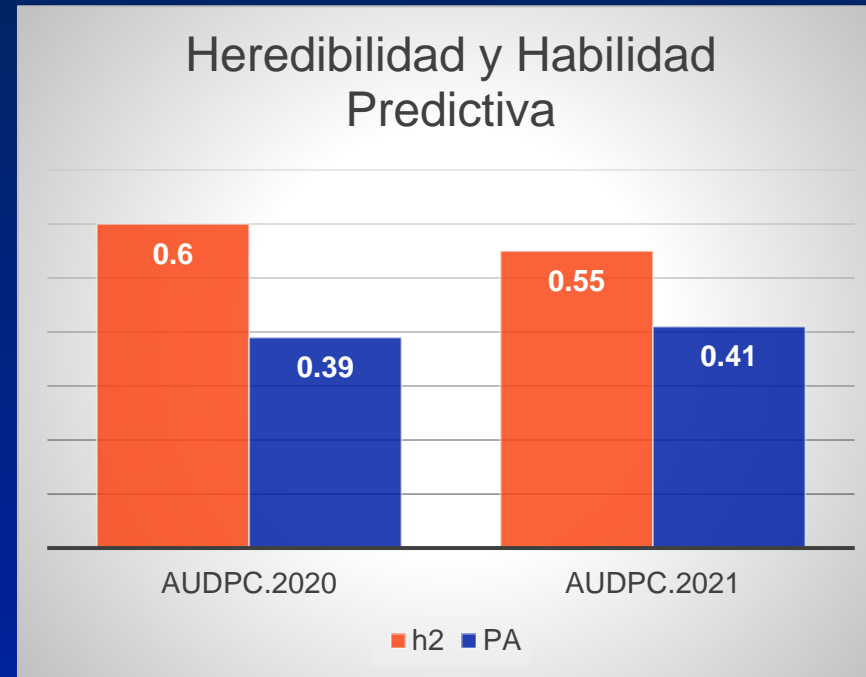
SG Dentro de la Familia 20.20

Resistencia a Powdery mildew



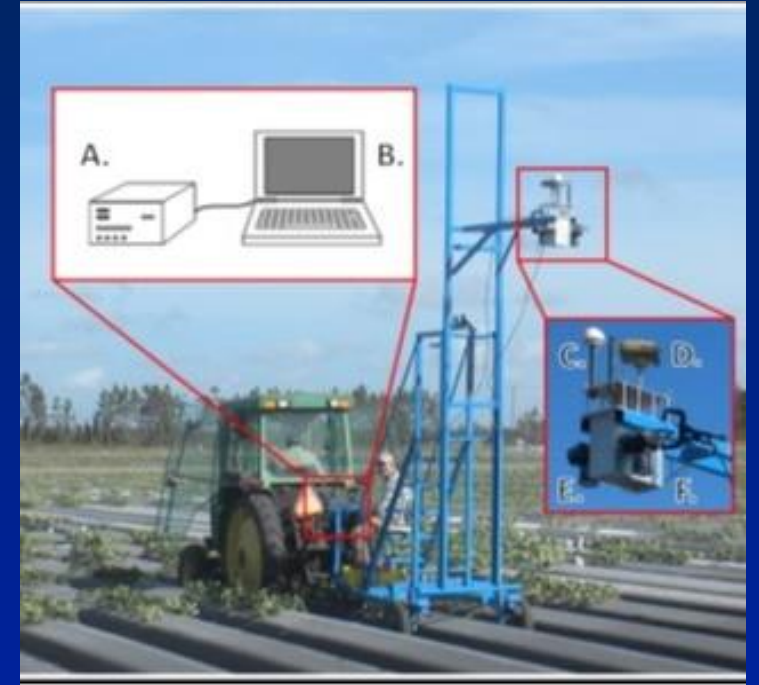
- Método: Bayes B
- TRN: 6 familias de hermanos completos, 437 genotipos
- TST: familia 20.20, 1696 genotipos
- LGC seqSNP: 497 SNPs

GS de Resistencia a Neopestaloptosis



- Método: BRR
- TRN: 2020-21, 412 genotipos
- TST: 2021-22, 348 genotipos
- LGC seqSNP: 497 SNPs

Proyecto Fenómico



Zheng et al. Remote Sens. 2022, 14, 4511.

Diseño Experimental

- Datos de tres años
- 2 eras y 16 parcelas/ era
- 16 genotipos por parcela

- Biomasa seca : Destrucción semanal de parcelas
- Adquisición de datos de imágenes

Rasgos Indirectos de Biomasa

Análisis de Datos

Biomasa Seca (g) = $-22.95 + 156.72 \cdot \text{Área Copa} + 266.5 \cdot \text{Promedio Altura Copa} + 0.8 \cdot \text{Semanas después de Plantado}$

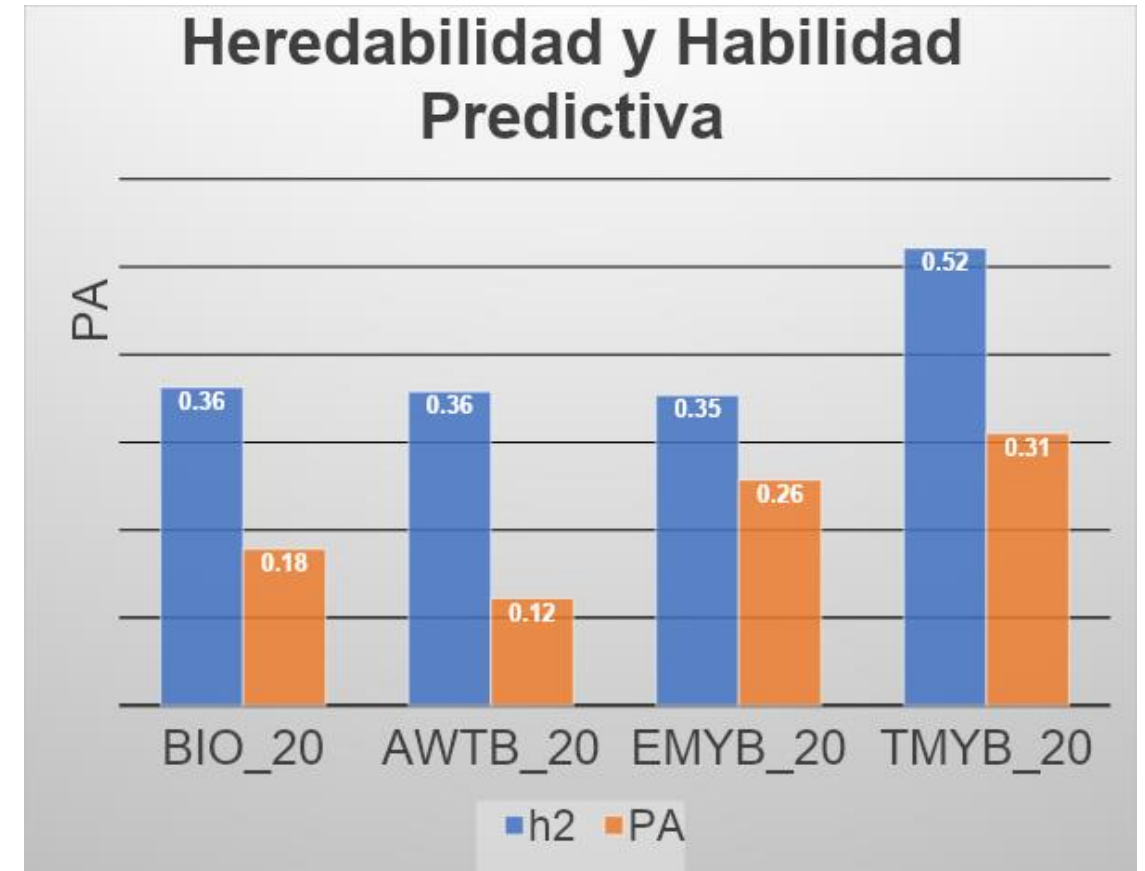
Selección Genómica

Método: GBLUP

TRN: 2020-21, 174 genotipos

TST: 2021-22, 342 genotipos

Genotipado: 8,749 SNPs



SG de Rasgos de Fresas en Escenarios Complejos

Periodos

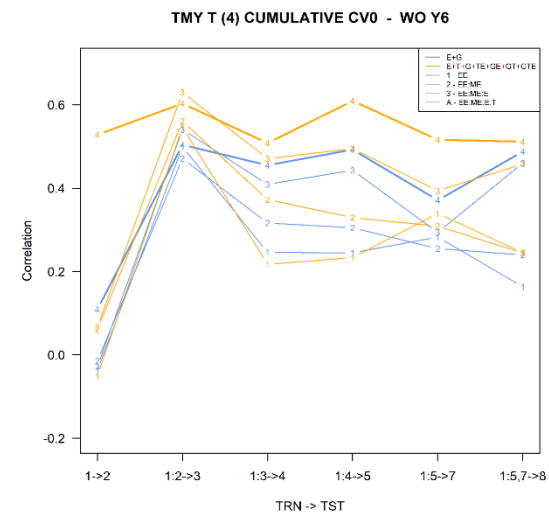
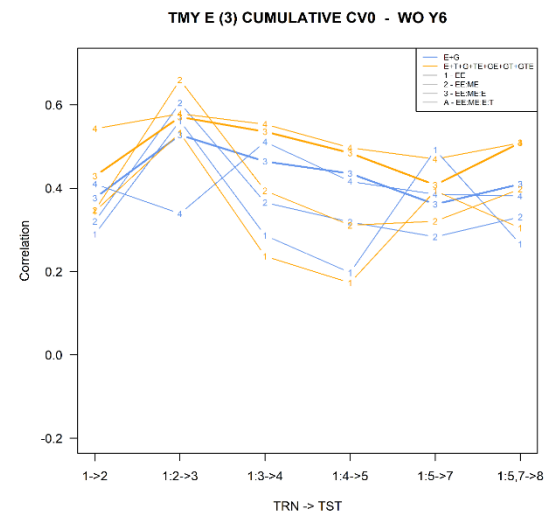
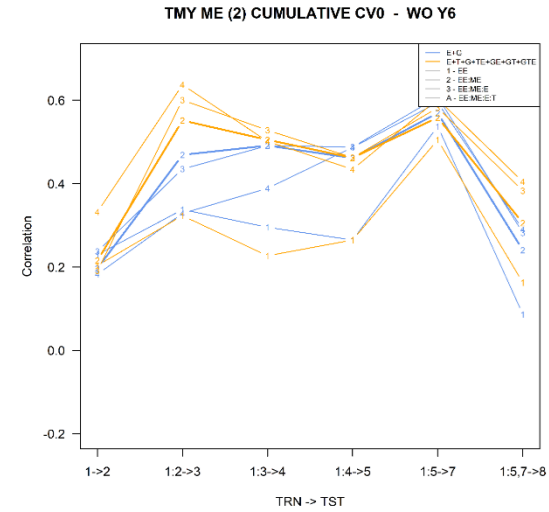
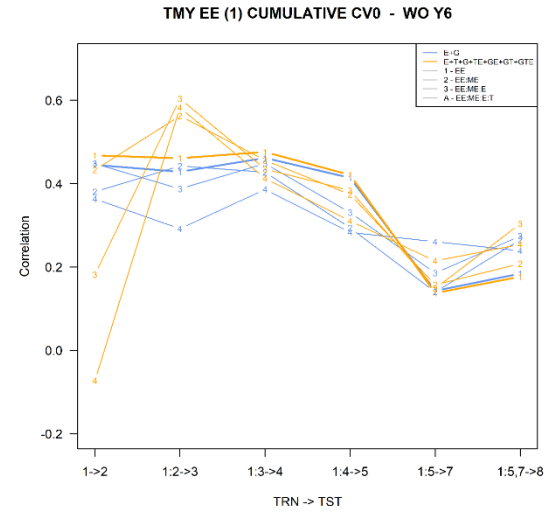
- EE: Noviembre
- ME: Nov + Diciembre
- E: Nov + Dic +Enero
- T: Toda la temporada

Modelos

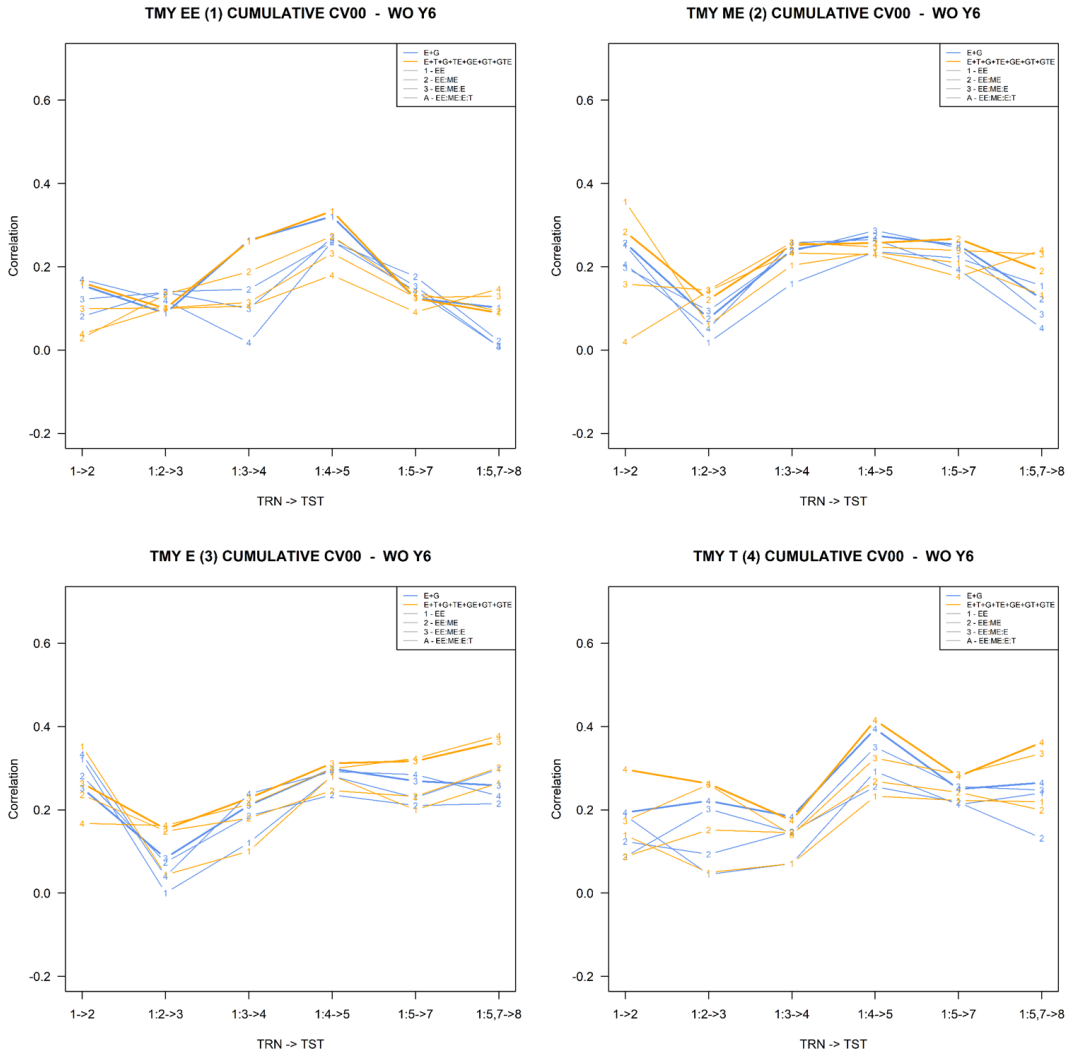
- $Y = E+G$
- $Y = E+G+GE$
- $Y = E+T+G+TE$
- $Y = E+T+G+GT$
- $Y = E+T+G+GE+GT+GTE$

		Tested Genotypes	
		YES	NO
Tested Environments	YES	CV2	CV1
	NO	CV0	CV00

Predicción Genómica Acumulada de TMY



Predicción Genómica Acumulada de TMY



Ventajas de la SG para el Programa de Mejoramiento de Fresas

- La SG de padres en la población de plántulas (Fase 1) permite acelerar el uso de un subconjunto de padres, disminuyendo para estos el ciclo de mejoramiento en un año
- Las predicciones genómicas (GEBV) de las selecciones clonales avanzadas son más precisas que las basadas en el pedigrí (BV) aumentando las ganancias genéticas
- El uso del genotipado con chips de baja densidad para la selección de plántulas, dentro de familias, aumenta las ganancias genéticas al aumentar la intensidad de selección
- La selección de plántulas, dentro de familias, resistentes a enfermedades indica el potencial de la SG para enfermedades oligogénicas
- Las nuevas variables indirectas basadas en biomasa pueden ser predichas y seleccionadas para aumentar la producción de fruta sin aumentos paralelos en el tamaño de la planta



Acknowledgements

The Breeding Laboratory

The Genomics Laboratory

Collaborators



Dr. V. Whitaker



Dr. S. Verma



Dr. C. Dalid



Dr. Ronald Tapia



Dr. Luis Osorio



Dr. S. Gezan



Dr. D. Jarquin



Dr. Juan J. Acosta

