

PREDIZIONE GENOMICA PER LA RESISTENZA ALLA RUGGINE IN PISELLO

La selezione genomica (GS) si è diffusa rapidamente negli anni recenti come strumento assistito da marcatori per il breeding nel settore vegetale, specialmente per i tratti correlati a malattie difficili da misurare. Uno di questi tratti è la resistenza alla ruggine (*Uromices pisi*) nel pisello (*Pisum sativum* L.), malattia difficile da valutare perché fortemente influenzata dall'ambiente. Qui si riporta uno studio sull'efficacia della GS per prevedere la resistenza alla ruggine in piselli, come rappresentato dai dati raccolti dal campo ed in condizioni controllate su un insieme di 320 accessioni. La genotipizzazione è stata effettuata utilizzando 24.279 marcatori DArT-Seq sviluppati attraverso genotyping-by-sequencing. Gli effetti sull'accuratezza della previsione di diversi modelli GS, incluso l'approccio delle relazioni genomiche, sono stati confrontati utilizzando la cross-validazione. Inoltre, le interazioni marcatore × ambiente (MxE) sono state incluse in un modello di previsione lineare (GBLUP) come covariata per valutare l'efficienza della previsione. Infine, sono stati confrontati diversi modi di combinare i dati dei tratti provenienti da ambienti che utilizzano tratti singoli o indice multi-tratto (MTI) che combinano tratti da condizioni controllate. La migliore capacità predittiva raggiunta per la malattia della ruggine è stata 0,633 attraverso MTI, ottenuta utilizzando l'analisi GBLUP. GBLUP e Bayesian LASSO hanno ottenuto prestazioni leggermente migliori rispetto all'altro modello testato. Le capacità predittive delle strategie in Cross-Validation di test/training sono state molto variabili, evidenziando l'effetto dell'interazione GxE. L'inclusione delle interazioni marcatore × ambiente non ha aumentato l'accuratezza della previsione per le linee che non erano state fenotipizzate, ma ha migliorato significativamente i risultati della previsione tra gli ambienti. Questo studio riporta che le capacità predittive sono aumentate grazie alla combinazione di diversi tratti in uno utilizzando un MTI, sia per prevedere i breeding values per le linee che non sono state valutate, sia per fornire breeding values meglio stimati per le linee fenotipizzate. Pertanto, la GS è potenzialmente utile per i programmi di miglioramento genetico in pisello che cercano la resistenza alla ruggine, fornendo un buon approccio quando le interazioni genotipo x ambiente rappresentano delle sfide.