

MEJORA GENÉTICA VEGETAL-IAS

Sara Fondevilla Aparicio

Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC
 Avda. Menéndez Pidal s/n
 14004 Córdoba
 sfondevilla@ias.csic.es

DESCRIPCIÓN DEL GRUPO

El grupo trabaja en la mejora genética de cultivos herbáceos, principalmente en leguminosas y quinoa. Los estudios incluyen la mejora clásica, la mejora asistida por marcadores y la identificación de mecanismos de resistencia a patógenos a nivel molecular y celular a través de estudios transcriptómicos e histológicos. Actualmente estamos llevando a cabo un programa de mejora genética de la quinoa que tiene como objetivo obtener nuevas variedades específicamente adaptadas a las condiciones agroclimáticas españolas, que tengan buenas características agronómicas, buena calidad comercial y nutricional y que sean resistentes a mildiu y sequía.

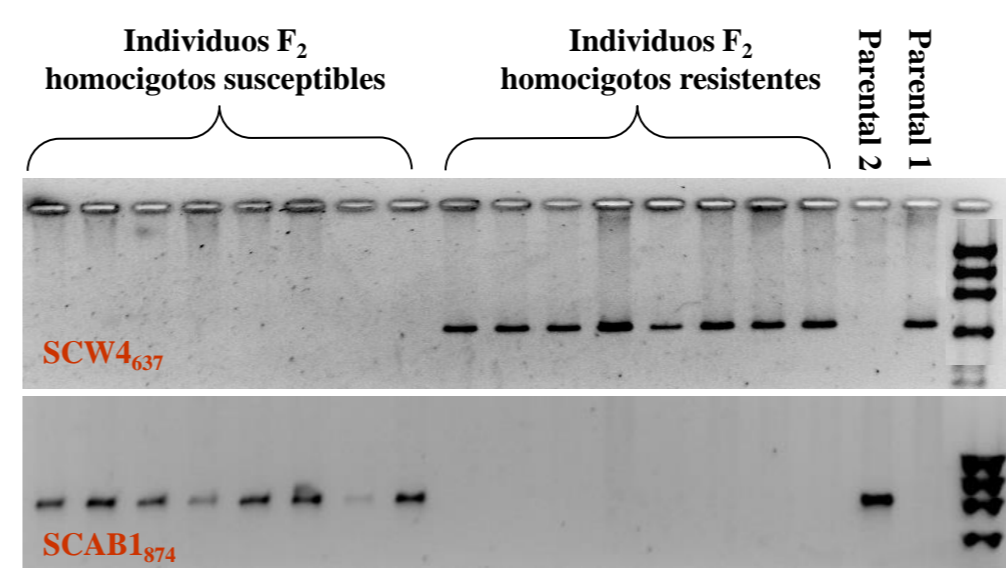
Para ello utilizamos las siguientes técnicas:

- Mejora clásica (cruzamientos y selección)

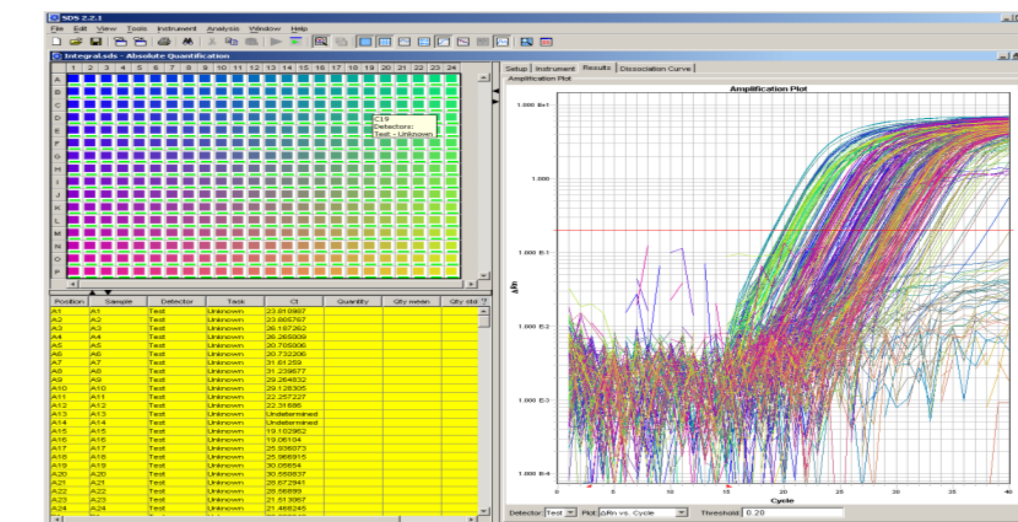


Cruzamientos de quinoa en invernadero

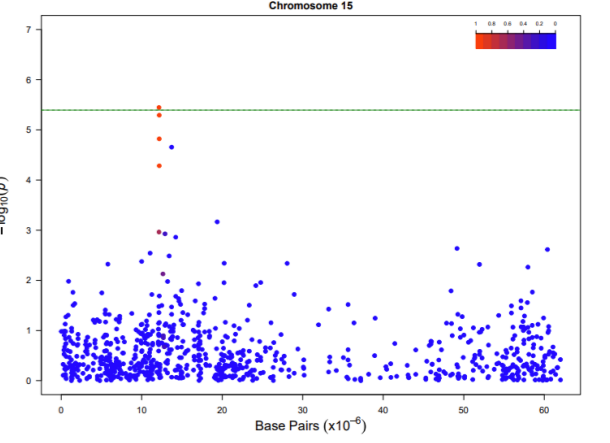
- Marcadores moleculares y transcriptómica (RNA-Seq, GWAS, BSA, qRT-PCR)



Desarrollo de marcadores moleculares ligados a un gen de resistencia

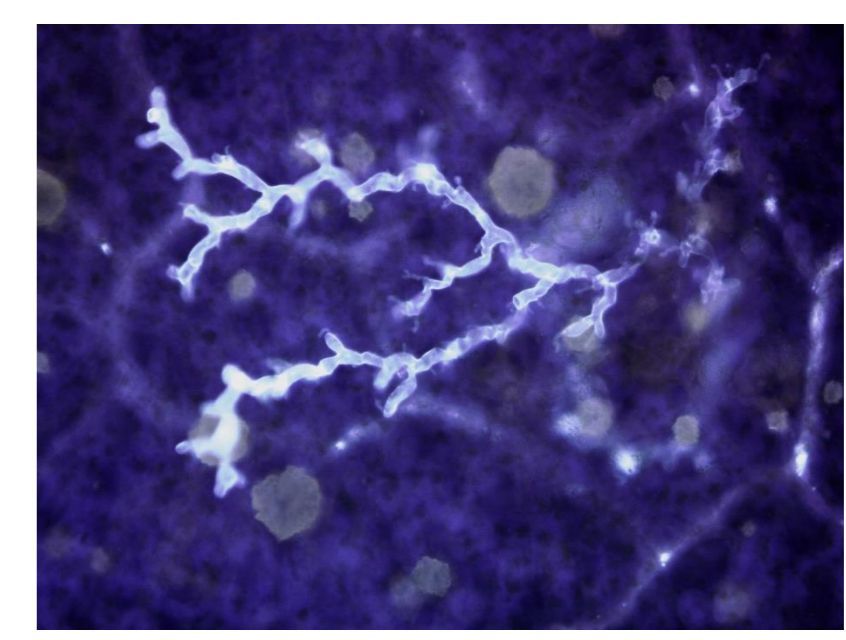
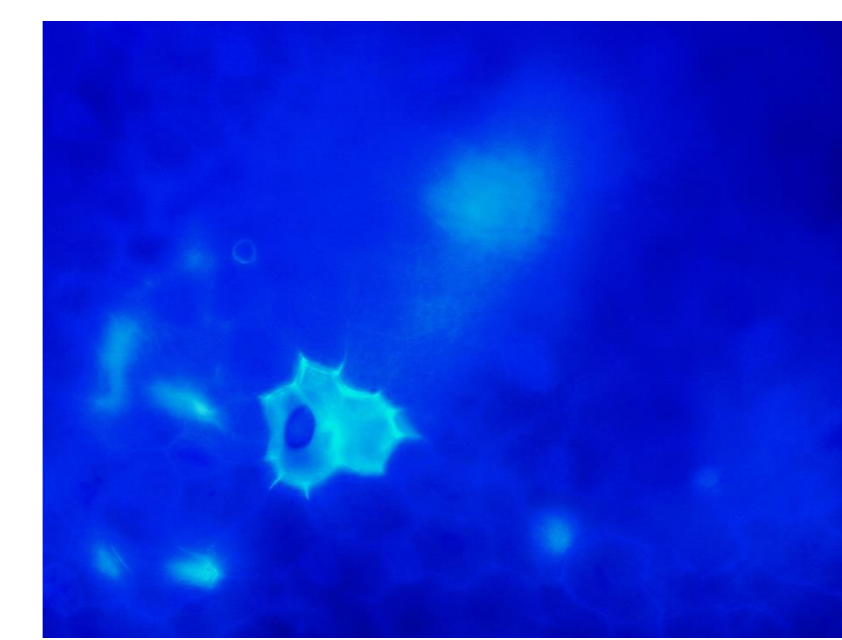


Estudios de expresión génica mediante qRT-PCR



GWAS

- Evaluaciones macroscópicas y microscópicas de resistencia a enfermedades



Síntomas macroscópicos y microscópicos del mildiu de la quinoa

- Selección en campo y cámaras climáticas

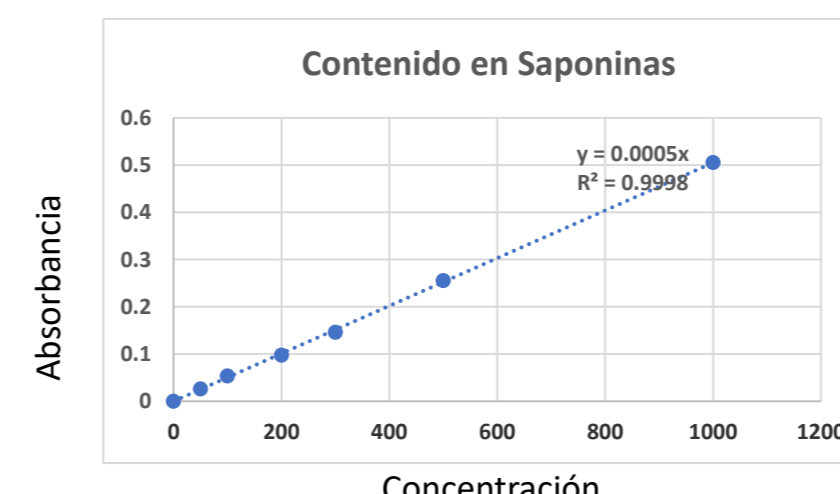


Evaluación de caracteres agronómicos en campo



Planta de quinoa infectada con mildiu en cámara

- Espectrofotometría



Determinación del contenido en saponinas en quinoa mediante espectrofotometría

PUBLICACIONES DEL GRUPO

1. Fondevilla S, Arias-Giraldo LF, García-León FJ, Landa BB (2023) Molecular characterization of *Peronospora variabilis* isolates infecting *Chenopodium quinoa* and *Chenopodium album* in Spain. *Plant Disease*, 107(4): 999-1004.
2. Calderón-González A, Matías J, Cruz V, Molinero-Ruiz L, Fondevilla S (2023) Identification and characterization of sources of resistance to *Peronospora variabilis* in quinoa. *Agronomy* 13: 284.
3. Fondevilla S, Krezdorn N, Rubiales D, Rotter B, Winter P (2022) Bulk segregant transcriptome analysis in pea identifies key expression markers for resistance to *Peyronellaea pinodes*. *Scientific reports*, 12: 18159.
4. Fondevilla S, González-Bernal MJ, Omri Ben Youssef N y Rubiales D (2022) Development of Quantitative Real-Time PCR Assays to Quantify *Erysiphe pisi* and *Erysiphe trifolii* and Its Implementation for Monitoring Their Relative Prevalence in Pea Crops in Spain and Tunisia. *Agronomy*, 12: 234.

FINANCIACIÓN



NutriCropRED2022-134382-T
 PID2019-103978RB-I00
 PID2022-140238OB-I00



CYTED 119RT0567



P18-TP-592