Agrociencia Uruguay 2018 | Volume 22 | Supplement: doctoral theses | Article e1932
DOI: 10.31285/AGRO.22.1932
ISSN 2730-5066

Doctoral Thesis Abstract

Strategies to apply genomic selection into a wheat breeding program: Doctoral thesis abstract

Doctorando/a
Lado, Bettina

Director/a
Gutiérrez, Lucía
University of Wisconsin - Madison, USA

Codirector/a
Poland, Jesse
Kansas State University, Uruguay

Codirector/a
Quincke, Martín
Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay

Abstract

The inclusion of genomic selection (GS) in a breeding program allows us to shorten breeding time, increasing the genetic gain per unit of time. GS can be used to predict the best crosses, accounting for allelic complementation between parents and/or predicting individuals' performance. Mixed models used in GS are a powerful tool to include individuals´ correlations, environments and traits, allowing the use of the whole available information. The goal of this study is the optimization of GS as a tool in the wheat breeding program, to manage the genotype by environment interaction, multi-trait prediction, and best crosses selection. Historical data from the national wheat breeding program were used; data were obtained from 35 environments, 1495 experimental lines, evaluated for yield; and 695 lines evaluated for baking quality. Multi-trait and multi-environment models were compared modeling correlations to predict new individuals, and individuals partially phenotyped. Best crosses were also predicted considering or not considering the variance between parents. Results showed that multi- environment and multi-trait models were useful to optimize the breeding program resources, by predicting partially phenotyped lines. Finally, crosses selection considering parent's mean performance was as good as including the variance in selection for grain yield, but not for quality traits.

Keyword: genotype by environment interaction, multiple traits, crosses selection, genetic value, mixed models

CC BY

Lado B. Strategies to apply genomic selection into a wheat breeding program: Doctoral thesis abstract [Resumen en Internet]. 2018 [cited dd mmm yyyy];22(Suppl.):e1932.
Doi: 10.31285/AGRO.22.1932.

Estrategias para la aplicación de selección genómica en un programa de mejoramiento de trigo: Resumen de tesis doctoral

Resumen

La inclusión de selección genómica (SG) en un programa de mejoramiento permite acortar los tiempos, incrementando la ganancia genética por unidad de tiempo. SG puede ser usado en la predicción de los mejores cruzamientos evaluando la complementariedad alélica entre los padres y/o prediciendo el desempeño de individuos. Los modelos mixtos utilizados en SG son una herramienta poderosa que permite incluir correlaciones entre individuos, ambientes y caracteres permitiendo utilizar toda la información disponible. El objetivo de este trabajo es optimizar herramientas para la inclusión de SG en el programa de mejoramiento genético de trigo (PMGT), para el manejo de la interacción genotipo por ambiente (IGA), la predicción de múltiples caracteres y la selección de los mejores cruzamientos. En este trabajo se utilizaron datos históricos del PMGT de Uruguay, proveniente de 35 ambientes, 1495 líneas experimentales evaluadas para rendimiento y 695 líneas evaluadas para caracteres de calidad panadera de trigo. Se compararon modelos multi-carácter y multi-ambiente modelando correlaciones en la predicción de nuevos individuos e individuos parcialmente fenotipados. También se predijeron los mejores cruzamientos considerando y no considerando la varianza genética entre ambos padres. Los resultados muestran que los modelos multi-ambiente y el multi-carácter son útiles para la optimización de recursos de un programa de mejoramiento, prediciendo líneas parcialmente fenotipadas. Finalmente, seleccionar cruzamientos considerando la media del desempeño de los padres fue tan bueno como considerar además la varianza genética entre ambos padres para rendimiento de grano; no fue así en los cruzamientos seleccionados para calidad panadera dónde hubo diferencias entre ambos métodos.

Palabras clave: interacción genotipo por ambiente, caracteres múltiples, selección de cruzamientos, valor genético, modelos mixtos

Fecha de la defensa: 20 de diciembre de 2018

Tribunal:

Presidente	Relator/a	Relator/a
Pablo Speranza *Universidad de la República, Facultad de Agronomía, Uruguay*	Silvia Germán *Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay*	Francisco Peñagaricano *University of Wisconsin-Madison, USA*