

CARTOGRAFÍA GENÉTICA DE QTLs ASOCIADOS A CARACTERES DE GRANO EN EL ACERVO GENÉTICO ANDINO DE JUDÍA (*Phaseolus vulgaris L.*)

Yuste-Lisbona, F.J.^{1#}; Santalla, M.^{2#}; Capel, C.¹; García-Alcázar, M.¹; De La Fuente, M.²; Capel, J.¹; De Ron, A.M.²; Lozano, R.¹

¹ Departamento de Biología Aplicada. BITAL, Universidad de Almería. Almería.

² Departamento de Recursos Fitogenéticos. Misión Biológica de Galicia. CSIC. Pontevedra.

[#] Ambos autores contribuyeron igualmente en este trabajo.

Abstract: A comprehensive QTL analysis was performed from a novel genetic linkage map generated in the Andean intra-gene pool. The results revealed that seed related traits are controlled by several QTLs, which have only individual effects, or may also be involved in epistatic or environmental interactions, indicating that seed related traits are inherited as a polygenic trait, and that epistasis could play a key role.

Keywords: Andean genetic linkage map, single-locus and epistatic QTLs, environment interactions, marker assisted selection.

Resumen: Se ha construido un nuevo mapa de ligamiento del acervo genético Andino de judía, el cual ha sido utilizado para realizar un análisis integrado de QTLs en esta especie. Los resultados mostraron que algunos caracteres de semilla están controlados por QTLs que tienen únicamente efectos individuales, mientras otros pueden estar involucrados así mismo en interacciones epistáticas o ambientales, indicando que el control genético de estos caracteres es poligénico, y que la epistasis juega un papel esencial.

Palabras clave: Mapa de ligamiento del acervo genético Andino, QTLs individuales y epistáticos, interacciones ambientales, selección asistida por marcadores.

1. Introducción

La judía “nuña” (*Phaseolus vulgaris* L.) es un cultivo originario de la región andina de Sudamérica, cuyo grano posee la capacidad de expandirse y reventar los cotiledones cuando éstos se someten a temperaturas altas (carácter “pop”). De esta forma se obtiene un alimento tostado, de mejor textura y de mejores características nutricionales que el de otros frutos secos, lo que supone mayor valor añadido por su condición de alimento saludable. Uno de los objetivos fundamentales para la mejora y diversificación de este cultivo es el desarrollo de herramientas moleculares que permitan incrementar la eficiencia en la selección de genotipos de interés. Con tal finalidad, hemos llevado a cabo la construcción de un mapa de ligamiento del acervo genético andino, así como la detección de QTLs individuales y epistáticos asociados a caracteres relacionados con el tamaño, el peso, el color, el brillo y la capacidad de reventar del grano de judía.

2. Material y métodos

La caracterización fenotípica del grano se ha realizado en una población RIL-F₇ constituida por 185 individuos procedentes del cruzamiento de dos líneas de origen andino, PMB-0225 y PHA-1037, en seis ambientes y condiciones de cultivo diferentes. Los programas informáticos JoinMap 4.0 (van Ooijen, 2006) y QTLNetwork 2.0 (Yang et al., 2008) han sido utilizados para la construcción del mapa genético y los análisis de QTLs, respectivamente.

3. Resultados y Discusión

El mapa genético generado incluye 194 loci (85 AFLPs, 95 SSRs, 13 SNPs y el locus P) distribuidos en 12 grupos de ligamiento que abarcan 824,9 cM del genoma de judía, con una distancia media entre marcadores de 4,3 cM. Los

análisis de QTLs, realizados han permitido localizar las regiones genómicas implicadas en el control genético de los caracteres evaluados. De este modo, se han identificado QTLs de efecto individual para el ancho (tres QTLs), el grosor (dos QTLs), la longitud (seis QTLs) y el peso (4 QTLs) de la semilla, siendo el porcentaje de variación fenotípica explicado por el conjunto de estos QTLs de 23.4, 8.4, 42.2 y el 9.4%, respectivamente. Respecto al color de la semilla, se han detectado dos QTLs, uno localizado en el grupo de ligamiento 7 junto al locus P, que explicó el 79.1% de la varianza fenotípica observada. En este mismo grupo se ha detectado uno de los tres QTLs identificados para el brillo, el cual mapea en la misma región donde previamente había sido localizado el gen Asp. Estos tres QTLs explicaron el 26.2% de la varianza fenotípica observada para este carácter. En cuanto a la capacidad de reventar del grano, se han identificado un total de catorce QTLs distribuidos en siete grupos de ligamiento, destacando los grupos 3, 5, 6 y 7 por presentar en la misma región genómica QTLs comunes para los tres caracteres evaluados. Estos QTLs explicaron el 22.2, 21.8 y el 11.7% de la variación fenotípica observada para el índice de dimensiones de reventado, el coeficiente de expansión y el porcentaje de grano no explotado, respectivamente.

Adicionalmente, se ha realizado un análisis bidimensional que ha permitido detectar las posibles interacciones epistáticas existentes. Los resultados muestran que la epistasis juega un papel clave en el carácter longitud de la semilla, donde se han identificado seis interacciones epistáticas que explicaron el 8.4% de la varianza fenotípica observada. Asimismo, se han identificado QTLs epistáticos para el color y el brillo de la semilla, siendo el porcentaje de variación fenotípica explicado por estos QTLs de 1.9 y 4.2%, respectivamente. Respecto a los caracteres de reventado, los QTLs epistáticos identificados para el índice de dimensiones de reventado, el coeficiente de expansión y el porcentaje de grano no reventado explicaron el 2.7, 2.8 y 3.5% de la varianza fenotípica observada, respectivamente. El efecto ambiental sobre la expresión de los distintos caracteres de grano evaluados se

reflejó en los resultados obtenidos. De hecho, con la excepción del brillo, se han detectado QTLs involucrados en interacciones ambientales en el resto de los caracteres analizados.

4. Conclusiones

El mapa genético generado y los marcadores asociados a los QTLs detectados constituyen nuevas herramientas de gran utilidad para su futura aplicación en la mejora y diversificación del grano de judía “nuña”.

Agradecimientos

Trabajo financiado por los proyectos PET2008-0167, EUI2009-04052, AGL2011-25562 (Ministerio de Ciencia e Innovación) y PGIDI03RAG16E (Xunta de Galicia). Los autores agradecen a QUIVAL-Frutos Secos El Nogal el apoyo técnico ofrecido.

Referencias

- van Ooijen, J. H. 2006. JoinMap®4, software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma BV, Wageningen. Netherlands.
- Yang, J., et al. 2008. QTLNetwork: mapping and visualizing genetic architecture of complex traits in experimental populations. *Bioinformatics* 24: 721-723.