

HOMOLOGÍA DE MAPAS DE HABA Y CHÍCHARO CON LA ESPECIE MODELO *Medicago truncatula* MEDIANTE MARCADORES STS

HOMOLOGY BETWEEN THE FABA BEAN AND PEA MAPS WITH THE MODEL SPECIES *Medicago truncatula* USING STS

**Ramón Díaz Ruiz^{1*}, Belén Román Del Castillo², Zlatko Sátovic³, José Ignacio Cubero Salmerón⁴
y Ana Torres Romero²**

¹Campus Puebla, Colegio de Postgraduados. Km 125.5 Carretera Federal Méx-Puebla. 72760, Puebla, Pue. México. Tel: 01 (22) 285-0013, Fax: 01 (22) 285-1444 ² IFAPA, CIFA-Alameda del Obispo, Área de Mejora y Biotecnología. Apdo. 3092. 14080, Córdoba, España. ³Faculty of Agriculture, Department of Seed Science and Technology. Svetosimunska 25. 10000, Zagreb, Croatia. ⁴Departamento de Genética, E.T.S.I.A.M. Apdo 3048. 14080, Córdoba, España.

* Autor para correspondencia (dramon@colpos.mx)

RESUMEN

La presencia de regiones conservadas en especies diferentes (sintenia) permite identificar genes o regiones del genoma involucrados en funciones similares. Así, un marcador estrechamente ligado a un carácter presente en una especie lo podría estar en todas las especies donde amplifique ese marcador. La investigación tuvo como objetivo amplificar marcadores STS (Sequence Tagged Sites) funcionales provenientes de la especie modelo *Medicago truncatula* y de *Pisum sativum*, en *Vicia faba*, encontrar polimorfismos mediante enzimas de restricción e incluirlos en su mapa genético, para determinar posibles homologías entre los genomas de estas especies. Para ello, se utilizó una población F₆ compuesta por 165 líneas derivadas del cruzamiento Vf6xVf136. Se analizaron 57 iniciadores STS, 37 específicos de *M. truncatula* y 20 de *P. sativum*. El mapeo de los STS que mostraron variación se hizo con el programa MAPMAKER V2.0. Aunque se obtuvo una buena amplificación en 10 STS de *M. truncatula* y seis de *P. sativum*, sólo cinco mostraron polimorfismo, cuatro de *M. truncatula* y uno de *P. sativum*. Los resultados obtenidos permitieron deducir que el Subgrupo I.A del cromosoma 1 en *V. faba* es homólogo al GL05 de *M. truncatula*, debido a la localización del STS MTU04. El PCT ubicado en el subgrupo I.B del cromosoma 1 indica homología con el GL04 de *M. truncatula*. La ubicación de los marcadores NPAC y AATC en el subgrupo II.A del cromosoma 2, demuestra homología con el GL03 de *M. truncatula* y *P. sativum*. Finalmente, el VBPI ubicado en el cromosoma 5 muestra correspondencia con el GL07 de *M. truncatula*. Los resultados representan un avance en los estudios de sintenia realizados entre estas especies que serán corroborados al disponer de mayor número de marcadores estándar distribuidos en sus genomas.

Palabras clave: *Vicia faba*, *Pisum sativum*, *Medicago truncatula*, STS, mapas genéticos.

SUMMARY

The existence of conserved regions in different species (synteny) allows the identification of genes or genomic regions with similar functions. Thus, a marker tightly linked to a trait in a certain species might be present in other species where this marker can be amplified. The objective was to amplify functional STS markers (Sequence Tagged Sites) from the model species *Medicago truncatula* and from *Pisum sativum*, in *Vicia faba*, to identify polymorphisms by means of restriction enzymes, and finally to map them into the genome of this species. The final aim was to establish possible homologies among the genomes of these species. To do so, an F₆ population of 165 lines derived from the cross Vf6 x Vf136 was used. A total of 57 STS primers were analyzed, 37 from *M. truncatula* and 20 from *P. sativum*. Mapping of the polymorphic markers was performed with the program MAPMAKER V2.0. Although 10 *M. truncatula* STS and six from *P. sativum* were successfully amplified, only five of them showed polymorphism: four from *M. truncatula* and one from *P. sativum*. Results allowed to deduce that Sub-group I.A from chromosome 1 in *V. faba* is homologous to GL05 from *M. truncatula*, due to the localization of STS MTU04. PCT, located in sub-group I.B from chromosome 1, indicates homology with GL04 from *M. truncatula*. Location of NPAC and AATC markers mapped in the sub-group II.A from chromosome 2, allowed to infer homology with GL03 from *M. truncatula* and GL03 from *P. sativum*, respectively. Finally, VBPI located in chromosome 5 indicates correspondence with the GL07 from *M. truncatula*. The obtained results represent an advance in the synteny studies among these species and will be corroborated as more standard markers distributed throughout their genomes are available.

Index words: *Vicia faba*, *Pisum sativum*, *Medicago truncatula*, STS, genetic maps.