

LOCALIZACIÓN DE QTLs PARA CARACTERES RELACIONADOS CON LA DOMESTICACIÓN DEL GIRASOL

LOCALIZATION OF QTLs FOR DOMESTICATION-RELATED TRAITS IN SUNFLOWER

Carlos J. Lozano Cavazos¹, M. Humberto Reyes-Valdés^{2*}, Francisco Castillo Reyes²,
Jesús Rodríguez de la Paz², Octavio Martínez de la Vega³ y Alma P. García Villanueva²

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Km. 6.5 Carretera Celaya-San Miguel de Allende. A. P. 112. 38110, Celaya, Guanajuato, México. ²Departamento de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. 25315, Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. ³Centro de Investigaciones y Estudios Avanzados-Irapuato, Instituto Politécnico Nacional. Km. 9.6 Carretera Irapuato-León. 36500, Irapuato, Guanajuato, México.

* Autor para correspondencia (mhreyes@uaaan.mx)

RESUMEN

El mejoramiento del girasol (*Helianthus annuus* L.) depende en gran medida de la introducción de diversidad genética proveniente de material silvestre. El objetivo de este trabajo fue construir un mapa de ligamiento basado en marcadores AFLP a partir de una población F_{2:3} derivada de un cruzamiento inter-subespecífico de girasol (*H. annuus* var. *macrocarpus* x *H. annuus* ssp. *texanus* Heiser), así como detectar posiciones de loci de caracteres cuantitativos (QTL) a través del enfoque analítico de mapeo por intervalos. Se evaluaron los siguientes caracteres contrastantes entre girasoles cultivados y silvestres, presumiblemente relacionados con la domesticación: altura de planta, número de capítulos (ramificación) y diámetro de capítulos por planta, número y peso de achenios por capítulo, días a floración, días a madurez fisiológica y contenido de aceite de achenios. La evaluación fenotípica se llevó a cabo en condiciones de campo, con un diseño de bloques incompletos con dos repeticiones. Se consideró un nivel de significancia estadística de amplitud genómica de 0.05 en la detección de los QTL. Para establecer los valores críticos de los estadísticos de prueba se hicieron pruebas de permutación sólo con los grupos de ligamiento con puntuaciones LOD (logaritmo de la razón de verosimilitudes) > 1.5. Además, para cada carácter se hizo un análisis de varianza por locus individual no ligado, con lo cual se identificaron cuatro loci no ligados que afectan el número de achenios por capítulo y los días a madurez fisiológica, con P < 0.001. Se identificó un QTL significativo con amplitud genómica de 0.017 para peso de achenios que podría representar una región del genoma relacionada con la domesticación, y cinco QTLs posibles en cinco caracteres. Los QTLs detectados, que incluyen los hipotéticos, explicaron de 7.1 a 11.9 % de la varianza fenotípica.

Palabras clave: *Helianthus annuus* L. var. *macrocarpus*, *H. annuus* L. ssp. *texanus*, mapa de ligamiento.

SUMMARY

Improvement of cultivated sunflower (*Helianthus annuus* L.) depends largely on the introduction of genetic diversity from wild species. The purpose of the present study was to construct a linkage map based on AFLP markers from an F_{2:3} population derived from a sunflower inter-subspecific cross (*H. annuus* var. *macrocarpus* x *H. annuus* ssp. *texanus* Heiser), as well as to detect quantitative trait loci (QTL) positions by interval mapping. The following contrasting traits between cultivated and wild sunflowers, putatively related to domestication, were evaluated: plant height, head number (branching), and head diameter per plant, number and weight of achenes per head, days to flowering, days to physiological maturity, and seed oil content. The phenotypic evaluation was carried out in field conditions, by using an incomplete block design with two replications. A genome-wide statistical significance of 0.05 was used to detect QTLs. To establish the empirical significance threshold values, permutation tests were performed only in linkage groups showing a LOD (logarithm of odds) score > 1.5. Moreover, single marker-analyses using analysis of variance per unlinked individual locus for each trait were carried out, which identified four unlinked loci for number of achenes per head and days to physiological maturity with P < 0.001. We identified one QTL with genome-wide significance of 0.017 for achene weight, which could be representative of a genome region produced by domestication, plus five putative QTLs in five characters. All the detected QTLs, including putative ones at the chosen significance level, explained from 7.1 to 11.9 % of the phenotypic variance.

Index words: *Helianthus annuus* L. var. *macrocarpus*, *H. annuus* L. ssp. *texanus*, linkage map.