

CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA GENÉTICO PARA TRIGO HARINERO MEDIANTE RFLPs Y SSRs

CONSTRUCTION OF A RFLPs AND SSRs MAP FOR BREAD WHEAT

Héctor Guillén-Andrade^{1*}, Mireille M. Khairallah², Ravi P. Singh², Fernando Castillo González³
y Dave Hoisington²

¹ Campo Experimental Valle de México, INIFAP. Apdo. Postal No. 10, C.P. 56230. Chapingo, Edo de México. México. Tel. (01) 5954-2877. Fax. (01) 5954-6228. ² Centro de Biotecnología, Aplicada CIMMYT. 6-641, 06600. México, D.F. Tel. (01) 5952-1983. ³ Especialidad de Genética, IREGEP. Colegio de Postgraduados 56230, Montecillo, Edo de México Tel. (01) 5804-5957. Fax. (01) 5804-5962.

* Autor responsable

RESUMEN

Una población de 117 líneas endogámicas recombinantes (RILs) F₆, derivada de la cruce de las variedades Frontana e INIA66, se analizó mediante el uso de marcadores moleculares para construir un mapa genético que servirá de base para determinar los QTL de caracteres que segregan en la población. Un segundo objetivo fue determinar el potencial conjunto de la utilización de dos tipos de marcadores: RFLPs y los microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs), en el análisis genético de una especie de genoma complejo, como el que posee el trigo harinero (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). Los progenitores se analizaron con 822 sondas de RFLPs y 68 pares de iniciadores. Mientras que los RFLPs mostraron un nivel bajo de polimorfismo (29 %), los SSRs tuvieron una mayor capacidad de detección del mismo (40 %). El análisis de las 117 RILs con 158 sondas RFLPs y 27 SSRs permitió la formación de 26 grupos de ligamiento. La especificidad de los SSRs fue un factor importante para la correcta designación de los grupos de ligamiento. Los resultados muestran que la combinación de diferentes clases de marcadores es una mejor estrategia para superar la limitante del nivel bajo de polimorfismo detectado al utilizar exclusivamente marcadores RFLPs en especies como el trigo.

Palabras clave: *Triticum aestivum* L., marcadores moleculares, polimorfismo.

SUMMARY

A population of 117 F₆ recombinant inbred lines (RILs) derived from the crossing of cultivars Frontana and INIA66, was analyzed with the aid of molecular markers in order to construct a genetic map. This map will be utilized for QTL determination of those complex traits segregating in the population. A second objective was to determine the joint potential of two types of molecular markers: RFLPs and SSRs for the analysis of a species with a complex genome, such as the one of bread wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). The parental genotypes were analyzed with 822 RFLPs probes and 68 primers. In spite of its number, the SSRs showed a larger number of polymorphic loci (40 %) than the RFLPs (29 %). The information generated with the analysis of the 117 RILs with 158 RFLPs probes and 27 SSRs resulted in 26 linkage groups. The specificity of the SSRs was important for the adscription of markers to linkage group where they were clustered. The results showed that the combination of different types of molecular markers is a good strategy to avoid the problem of a low level of polymorphisms when a single type of markers is utilized in species such as bread wheat.

Index words: *Triticum aestivum* L., molecular markers, polymorphism.