

IDENTIFICACIÓN DE QTLS QUE CONFIEREN RESISTENCIA A GRASA EN JUDÍA

M.C. Asensio-Manzanera¹, E. Pérez-Vega², A. Ibeas¹, J.J. Ferreira²

¹ ITACyL. Unidad de Cultivos Leñosos y Hortícolas. Ctra. Burgos km 119, 47071 Valladolid

² Genética Vegetal, SERIDA. Apdo. 13, 33300 Villaviciosa, Asturias

Palabras clave: *Phaseolus vulgaris*, *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*, bacteriosis de halo, mapa genético, caracteres cuantitativos, líneas recombinantes

INTRODUCCIÓN

La grasa o bacteriosis de halo es una enfermedad causada por la bacteria *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (Psp) que afecta a la judía común en las zonas de cultivo de la mitad norte de España. Este patógeno se transmite fácilmente por semilla y hay pocos tratamientos efectivos para su tratamiento, de modo que la forma más eficaz de control, es el uso de genotipos portadores de resistencia genética. La información sobre el control genético de la resistencia a esta enfermedad es limitada. Generalmente se ha considerado que la resistencia a este patógeno es de naturaleza cualitativa y raza específica. Hasta el momento, se han identificado 5 genes de resistencia (Miklas et al, 2009, 2011) y se han desarrollado marcadores SCAR para dos de ellos (*Pse-1* y *Pse-2*) que confieren resistencia a las 9 razas conocidas excepto a la raza 6. El objetivo del trabajo, es investigar la herencia de la resistencia a dos aislados de Psp en la población de RIL derivadas del cruzamiento Xana x Cornell 49242 (RIL X/C).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizó una población de 111 líneas recombinantes (RILs XC) en las que previamente se ha desarrollado un mapa genético (Pérez-Vega et al., 2010). Como testigos en las inoculaciones, se utilizaron los parentales, Canadian Wonder y Cueto (susceptibles universales) y Red Mexican (resistente a raza 7 y susceptible a raza 6).

Las inoculaciones se llevaron a cabo con dos aislamientos de Psp (ITA-812 e ITA-684) caracterizados como raza 6 y raza 7, respectivamente. Los dos aislados proceden de campos de cultivo localizados en Castilla y León de plantas con síntomas de la enfermedad. Ambas razas son comunes en los cultivos locales de la meseta española. Con cada aislamiento, se realizaron dos evaluaciones y en cada una de ellas, se incluyeron dos repeticiones (con cinco plantas cada una) para cada línea recombinante. Las líneas se inocularon en estado de plántula mediante el método de agujas múltiples (Aggour et al, 1989) utilizando una hoja primaria para cada una de las razas. Las plantas se mantuvieron en invernadero con un fotoperiodo de 12 h de luz y 12 h de oscuridad, a una temperatura diurna de 20° C y nocturna de 15° C y una humedad relativa del 80 %. Los síntomas fueron evaluados a los 6-8 días después de la inoculación. La reacción de las plantas se evaluó en una escala 1-9 (adaptada de Aggour et al, 1989).

Los resultados de los tests de resistencia fueron sometidos a un análisis de varianza para identificar diferencias significativas. La localización de las regiones asociadas a caracteres cuantitativos (QTL) se realizó con el programa QGene 4.3.6 (<http://coding.plantpath.ksu.edu/qgene/>) mediante un análisis CIM (*compositive interval*

mapping) usando un intervalo de 10 cM. Se consideró significativo un QTL cuando el LOD >2,5 después de un análisis de 1000 permutaciones. Sólo los QTLs identificados en la media de las dos evaluaciones y en al menos una evaluación fueron considerados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La respuesta de las líneas recombinantes frente a este patógeno, mostró una distribución normal sugiriendo una herencia cuantitativa del carácter. El análisis de varianza no mostró diferencias significativas entre la respuesta a los dos aislados ni entre los dos test llevados a cabo. Sin embargo, este análisis de varianza reveló diferencias significativas entre los genotipos (líneas recombinantes) y para las diferentes interacciones.

Se localizaron 6 QTL (3 para cada aislado) en los grupos de ligamiento Pv4, Pv6 y Pv9 (ver tabla 1). En el grupo de ligamiento Pv6 se identificó una co-localización de QTL para ambos aislados. El QTL A6.2 para la respuesta a al aislamiento ITA-684, localizado en el extremo de Pv6, se detectó en los dos tests mostrando los mayores valores de LOD y de la proporción de la varianza explicada. Ninguno de los QTLs mapeados en este trabajo, se localizó en las regiones donde previamente se posicionaron los genes de resistencia *Pse-1* y *Pse-2* (Miklas et al., 2009, 2011). Estos resultados sugieren que en determinados genotipos de judía, la respuesta a este patógeno puede estar controlada por *loci* con un efecto cuantitativo en la expresión del carácter.

Referencias

- Aggour, A.R., Coyne, D.P., Vidaver, A.K. 1989. Comparison of leaf nad pod disease reactions of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) inoculated by different methods with strains of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* (Smith) Dye. Euphytica 43:143-152.
- Miklas, P., Fourie, D., Trapp, Larsen J., Chavarro, R.C., Blair, M., Gepts, P. 2011. Genetic characterization and molecular mapping *Pse-2* gene for resistance to halo blight in common bean. Crop Sci. 51:2439–2448.
- Miklas, P., Fourie, D., Wagner, J., Larsen, R.C., Mienie, C.M.S. 2009. Tagging and mapping *Pse-1* gene for resistance to halo blight in commonbean differential cultivar UI-3. Crop Sci. 49:41–48.
- Pérez-Vega, E., Pañeda, A., Rodríguez-Suárez, C., Campa, A., Giraldez, R. Ferreira, J.J. 2010. Mapping of QTLs for morpho-agronomic and seed quality traits in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 120:1367–1380.

Tabla 1. QTL identificados para la respuesta frente a dos aislados de *Psp* en la población de RIL X/C. Se indican los resultados de la LOD, porcentaje de la variación explicada y efecto aditivo de cada QTL.

Carácter	QTL	Marcador	Evaluación 1			Evaluación 2			Media		
			LOD	% Var.	Efecto aditivo	LOD	% Var.	Efecto aditivo	LOD	% Var.	Efecto aditivo
Aislado ITA-812	A4	<i>Sp L</i>	4	16,0	0,60	-	-	-	2,6	11,0	0,49
	A4.1	PvBR198	3,5	13,0	0,55	-	-	-	3,4	14,0	0,44
	A4.2	McatEat54	3,7	14,0	0,50	-	-	-	3,2	13,0	0,30
Aislado ITA-684	B6.1	PvBR198	4,5	18,0	0,60	-	-	-	3,5	14,0	0,60
	B6.2	McatEat54	7,2	26,0	0,69	3,9	15,0	0,5	7,6	27,0	0,71
	B9	ATA217	2,5	9,6	-0,40	-	-	-	3,1	12,0	-041