

BIODIVERSA: Región genómica relacionada con la acumulación de ácido dehidroascórbico en lechuga (*Lactuca sativa* L.)

Entidad Líder-
Coordinadora:



Autores: Medina-Lozano Inés,
Bertolín Juan Ramón,
Díaz Aurora

Otras entidades
socias o
participantes



Contacto: adiazb@cita-aragon.es

RETO

Dilucidar la base genética del contenido en vitamina C en lechuga (*Lactuca sativa* L.) como punto de partida para un proyecto futuro de biofortificación. Se ha llevado a cabo un estudio de asociación del genoma completo con el contenido de vitamina C total y de sus dos formas, ácido ascórbico (AA) y ácido dehidroascórbico (DHAA). El germoplasma ha consistido en un panel de diversidad (21 variedades comerciales y tradicionales) y una población de 205 plantas de la variedad tradicional rica en vitamina C 'Lechuga del Pirineo'.

RESULTADOS CONSEGUIDOS

- Detección de asociaciones genéticas significativas con el contenido en DHAA en una región de 5,1 Mb del cromosoma 2 (Fig. 1A,B).
- Identificación de genes candidatos (Fig. 1C), como pectinesterasa/inhibidor de pectinesterasa, F-box y ARNs largos no codificantes, hallados en otros cultivos.

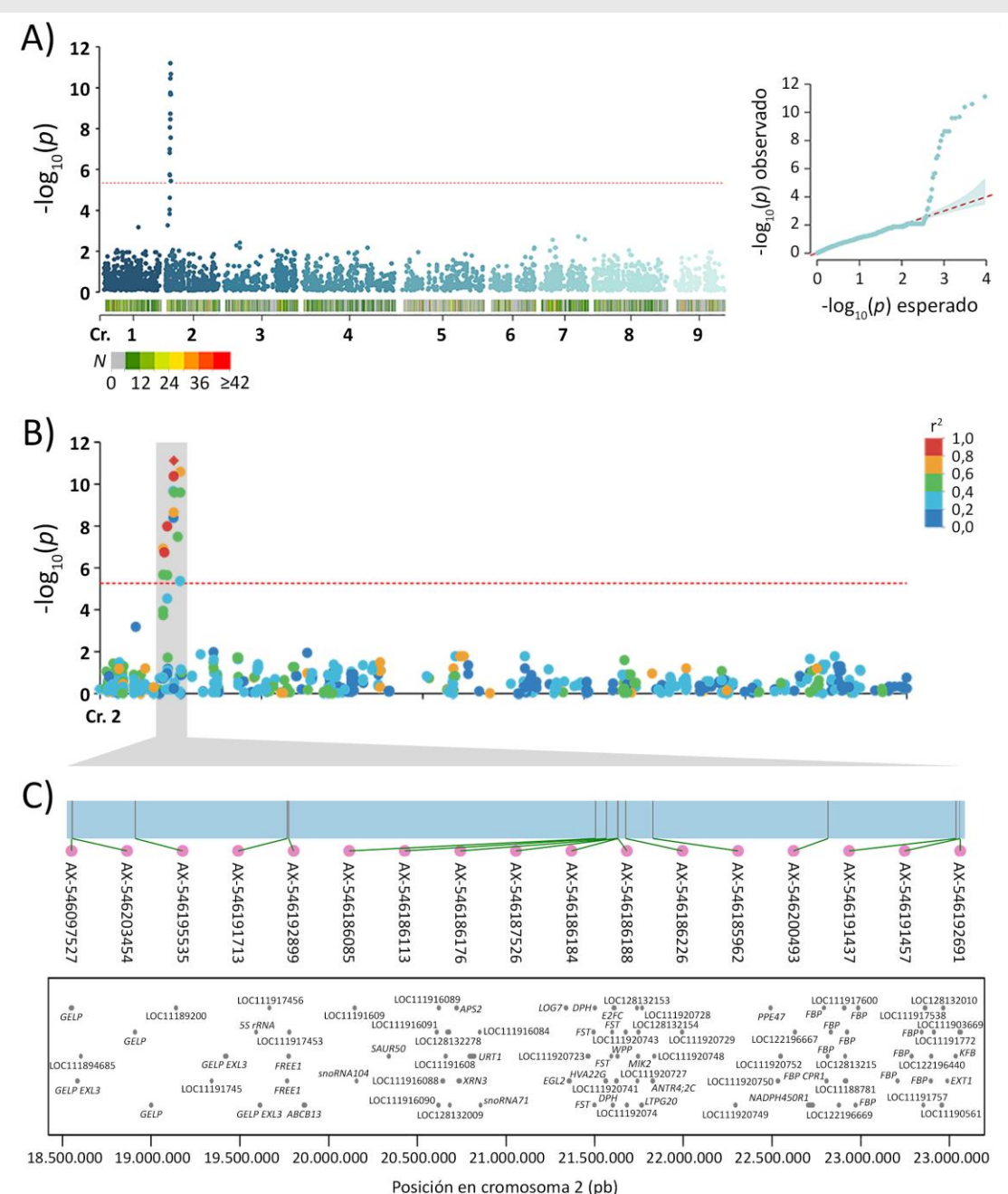


Figura 1. Estudio de asociación del genoma completo con el contenido en ácido dehidroascórbico (DHAA) en 21 variedades de lechuga y 205 plantas de 'Lechuga del Pirineo'. (A) Gráficos Manhattan y Q-Q. (B) Zoom del cromosoma 2. (C) Genes en la región del cromosoma 2 (5,1 Mb) con single nucleotide polymorphisms (SNPs) asociados significativamente al contenido en DHAA.