

## IDENTIFICACIÓN DE QTL INVOLUCRADOS EN LA DOMESTICACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL MELÓN

A. Díaz<sup>1</sup>, M.A. Mohamed<sup>1</sup>, A. Mercader<sup>1</sup>, J.L. Reig<sup>1</sup>, A.M. Martín-Hernández<sup>2</sup>, R. Dolçet-Sanjuán<sup>2</sup>, J.M. Álvarez<sup>3</sup>, A.J. Monforte<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP) (CSIC-UPV). Valencia

<sup>2</sup> IRTA, Centre de Recerca en Agrigenòmica CSIC-IRTAUAB-UB (CRAG), Barcelona

<sup>3</sup> Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Zaragoza

**Palabras clave:** *Cucumis melo*, Quantitative Trait Loci, líneas de introgresión, área de pulpa (PA), Contenido en Sólidos Solubles (SSC), peso de fruto (FW)

### Resumen

Dentro del melón (*Cucumis melo*) existen formas silvestres que suelen producir frutos de tamaño muy reducido y sin pulpa comestible. A partir de una población F<sub>2</sub> entre un melón silvestre (Trigonus) y el cultivar ‘Piel de Sapo’ (PS) mantenida *in vitro*, se ha generado un mapa genético con 107 SNPs que cubren los 12 Grupos de Ligamiento (LGs). Ésta se ha empleado para el estudio de la genética de caracteres relacionados con la domesticación: forma (FS) y tamaño de fruto (FW), contenido en pulpa comestible (PA) y en azúcares (SSC). Tras la evaluación de la población en tres ensayos distintos, se identificaron QTL con efectos estables en, al menos, dos ensayos: 12 para FS, 6 para FW, 1 para SSC y 1 para PA. Los QTL más robustos fueron *sscqt5.1* para SSC en el LG V, *paqt6.1* para PA en el LG VI y *fwqt8.1* para FW en el LG VIII, detectados en los tres ensayos. Todos ellos exhibieron valores negativos del efecto aditivo, es decir, los alelos de Trigonus disminuyen el valor de dichos caracteres. Por tanto, estos QTL son buenos candidatos para la búsqueda de regiones génicas involucradas en los procesos de domesticación y evolución del melón. Todos ellos han sido validados en familias de retrocruce avanzado (BC2S1 y BC2S2) empleando los marcadores ligados a cada uno de ellos. Las diferencias fenotípicas observadas en las plantas que portaban el alelo exótico resultaron siempre altamente significativas cuando se compararon con aquellas que portaban el alelo PS o con el propio parental PS. Actualmente se están generando líneas de introgresión de estos tres QTL que previsiblemente contribuirán a un mapeo más preciso de los mismos.

### INTRODUCCIÓN

El origen del cultivo del melón es un tema aún controvertido, sin embargo, estudios filogenéticos recientes apuntan a Asia como centro de origen primario (Sebastian et al., 2010). Algunos de los caracteres más importantes que se han visto afectados durante el proceso de domesticación son, en cuanto al fruto se refiere, la forma, el peso, el contenido en azúcares y el grosor de la pulpa.

El objetivo de este trabajo consistió en identificar QTL responsables de estos caracteres con un papel primordial en el proceso de domesticación del melón, así como la validación de sus efectos en poblaciones de retrocruce avanzado.

### MATERIALES Y MÉTODOS

Se emplearon 192 plantas de una población F<sub>2</sub> derivada del cruzamiento entre el melón silvestre Trigonus y el cultivar élite ‘Piel de Sapo’ para elaborar un mapa genético integrado por 107 marcadores SNP. Esta población se mantuvo *in vitro*, lo que nos permitió realizar tres ensayos distintos para la identificación de QTL mediante mapeo por intervalo compuesto, en Valencia y

Zaragoza durante 2011 y nuevamente en Valencia en el año 2012. Los QTL más robustos fueron validados en diversas familias de retrocruce avanzado BC2S1 y BC2S2 que se seleccionaron en base al genotipo de marcadores SNPs localizados en las regiones de los QTL.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se identificaron QTL para los caracteres estudiados, de los cuales 20 se reprodujeron en, al menos, dos ensayos: 12 para FS, 6 para FW, 1 para SSC y 1 para PA. Los más robustos fueron: *sscqt5.1* (para SSC en el LG V), *paqt6.1* (para PA en el LG VI) y *fwqt8.1* (para FW en el LG VIII), que se detectaron en los tres ensayos y exhibieron valores negativos del efecto aditivo, es decir, los alelos de *Trigonus* disminuyen los valores de SSC, PA y FW.

El QTL *paqt6.1* fue validado en tres ensayos distintos. En 2012 se evaluaron en Valencia dos familias BC2S1 que portaban los alelos de *Trigonus* y PS en homocigosis respectivamente para el marcador ligado a este QTL. El alelo exótico produjo una reducción del 10% en el valor de PA. Paralelamente, se testó la familia segregante 12M59 (BC2S1) en Paiporta (Valencia). Las diferencias en los valores de PA fueron altamente significativas, tanto al comparar los dos homocigotos entre sí, como el homocigoto para el alelo de *Trigonus* con el parental PS. En 2013 se verificaron los efectos del QTL esta vez en Zaragoza, comparando tres familias BC2S2, dos que portaban el alelo *Trigonus* en homocigosis (13M1 y 13M2) y otra homocigota para el alelo PS (13M3). Las familias 13M1 y 13M2 produjeron frutos con valores de PA significativamente menores.

En 2012 se verificaron los QTL *sscqt5.1* y *fwqt8.1* estudiando familias BC2S1. En ambos casos, las plantas homocigóticas *Trigonus* para los marcadores de la región de sendos QTL produjeron frutos con valores reducidos y altamente significativos de SSC y FW.

Actualmente se están generando líneas de introgresión para cada uno de los tres QTL (*sscqt5.1*, *paqt6.1* y *fwqt8.1*) cuyos efectos han sido validados hasta el momento. Estas líneas se utilizarán en próximos trabajos para mapear dichos QTL de forma más precisa, lo que podría conducir, en último término, a la clonación de los mismos.

## AGRADECIMIENTOS

Esta investigación ha sido financiada por MINECO (AGL2009-12698-C02-02, AGL2012-40130-C02-02), y ERA-PG program (PIM2010PKB-00691). AD disfrutó de un contrato JAE-Doc por el CSIC, AM y AIM obtuvieron una beca del IAMZ.

## REFERENCIAS

Sebastian, P., H. Schaefer, I. R. H. Telford, S. S. Renner. 2010. Cucumber (*Cucumis sativus*) and melon (*C. melo*) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107:14269-14273.