

MAPEO DE QTLs ASOCIADOS A CALIDAD PANADERA EN TRIGO BLANDO

S. Kerfal¹, P. Giraldo, M. Rodríguez-Quijano, J.F. Vázquez y J.M. Carrillo

Unidad de Genética. Departamento de Biotecnología. E.T.S.I.A. Universidad Politécnica de Madrid.
Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid

¹Dirección actual: DOW AGROSCIENCES R&D Crop protection,
Edif. Expo-Isla de la Cartuja s/n, 41092 Sevilla

Palabras clave: *Triticum aestivum*, RILs, QTL, calidad, prolaminas.

Resumen

La calidad panadera del trigo blando (*Triticum aestivum* ssp *vulgare* L.) es un carácter complejo controlado fundamentalmente por las prolaminas, proteínas del gluten. El principal objetivo de este estudio ha sido realizar un mapeo de QTLs relacionados con parámetros de calidad para detectar nuevos loci implicados en este carácter. El material de estudio fue una colección de 79 RILs derivadas del cruce entre un trigo “soft” y uno “hard”. Los ensayos de campo se llevaron a cabo durante dos años. Se evaluó la calidad de la masa mediante el test de sedimentación, y parámetros del mixógrafo y del alveógrafo. Se construyó un mapa basado en SSRs y 7 loci de prolaminas. El análisis por CIM (Composite interval mapping) detectó un total de 20 QTLs distribuido en diez cromosomas y asociados con las variaciones en los parámetros de calidad. Los resultados confirmaron las investigaciones anteriores sobre la relación conocida entre los alelos de proteínas de reserva y la calidad de la masa, y se detectaron QTLs nuevos en los cromosomas 2A, 7A y 5B que serán el punto de partida para futuros proyectos.

INTRODUCCIÓN

Los estudios sobre calidad panadera del trigo blando (*Triticum aestivum* ssp *vulgare* L.) son indispensable para poder satisfacer tanto las exigencias de la industria como las preferencias de los consumidores. Las prolaminas, gluteninas y gliadinas, son los principales determinantes de la calidad. Sin embargo, debe haber otros genes implicados, aún por caracterizar, que serían de gran interés en los programas de mejora de la calidad. La búsqueda de marcadores asociados con este carácter ha sido abordada por varios autores, habiéndose mapeado QTLs relacionados con distintos parámetros de calidad en muchos cromosomas del trigo. Sin embargo, los distintos materiales evaluados y las distintas técnicas empleadas hacen muy difícil comparar los resultados. En este trabajo se ha analizado una colección de 79 RILs mediante marcadores SSRs con el objetivo de identificar nuevos QTLs relacionados con la calidad panadera que proporcionen más información sobre la base genética de este complejo carácter y puedan ser utilizados como marcadores tempranos en procesos de selección.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se obtuvo una población de 79 RILs a partir del cruzamiento ‘Marius’ × ‘Cajeme71’. Estos parentales presentan grandes diferencias en extensibilidad y fuerza del gluten, así como distin-

ta composición alélica en los loci de prolaminas (Tabla1). Los ensayos de campo se realizaron durante 2 años (cosechas de 2006 y 2007) con un diseño de bloques al azar con 2 repeticiones. La caracterización de las prolaminas se hizo por electroforesis en geles de poliacrilamida SDS-PAGE y A-PAGE. Las pruebas de calidad realizadas fueron: test de sedimentación (SDSS), mixógrafo y alveógrafo. Para el mapeo de QTLs se genotipó la población con 263 SSRs polimórficos en los parentales y se construyó un mapa con el programa MAPMAKER. El mapeo de QTLs se llevó a cabo con el programa QTL-Cartographer 1.3.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se han mapeado veinte QTLs, en diez cromosomas distintos, relacionados con los parámetros de calidad analizados (Kerfal et al., 2010). De estos veinte QTLs, ocho han sido consistentes, detectándose en los dos años. De éstos, cinco QTLs (LOD=2.8-6.1, $R^2=13-29\%$) relacionados con parámetros del mixógrafo y del alveógrafo están asociados con los loci *Glu-B3* y *Glu-D1* de los cromosomas 1B y 1D confirmando la influencia de estos loci en la calidad de la masa. El QTL con mayor efecto (*Q_{Sed.upm-7AS}*, LOD=2.4-4.1, $R^2=17-24\%$), se localiza en el cromosoma 7A y está relacionado con el SDSS. En esa misma región se han localizado otros QTLs de menor efecto relacionados con el tiempo de mezcla y la extensibilidad de la masa medidos por el mixógrafo. Otro QTL consistente (*Q_{Mto.upm-2AS}*, LOD=1.9-3.3, $R^2=10-17$) se localiza en el cromosoma 2A y está relacionado con el tiempo de mezcla. También en la misma región se han encontrado otros QTLs relacionados con parámetros del mixógrafo. El último QTL consistente, asociado al SDSS, se localiza en el cromosoma 5B (*Q_{Sed.upm-5BS}* LOD=3.1-3.4, $R^2=17-22\%$). Estos tres cromosomas (2A, 7A y 5B) deben ser estudiados en más profundidad usando un mayor número de marcadores. Aunque no se ha encontrado ningún QTL consistente relacionado con la extensibilidad, la presencia de 4 posibles QTLs, la existencia de RILs con gran extensibilidad, y la gran importancia de este parámetro para la calidad de la masa, hacen que en futuros estudios se profundice en este aspecto.

AGRADECIMIENTOS

Esta investigación ha sido financiada por el proyecto AGL 2006-8025 del Ministerio de Ciencia y Tecnología.

REFERENCIAS

Kerfal S., Giraldo P., Rodríguez-Quijano M., Vázquez J.F., Adams K, Lukow O.M., Roder, M.S., Somers, D.J. and Carrillo, J.M. 2010. Mapping quantitative trait loci (QTLs) associated with dough quality in a soft × hard bread wheat progeny. *J Cereal Sci.* 52: 46-52.

Tabla 1. Composición de los parentales para los 7 loci de prolaminas polimórficos

	Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1	Glu-B3	Glu-D3	Gli-B1	Gli-D1	Gli-A2	Gli-B2
Marius	Null/c	7+9/c	4+12/c	<i>g</i>	<i>c</i>	<i>g</i>	<i>j</i>	<i>l</i>	<i>g</i>
Cajeme71	1/a	17+18/i	5+10/d	<i>h</i>	<i>a</i>	<i>d</i>	<i>a</i>	<i>p</i>	<i>c</i>