

Identificación y mapeo de la resistencia a antracnosis introgresada en judía común a partir de *Phaseolus coccineus* combinando BSA y WGS

E. Portilla-Benavides*, A. Campa y J.J. Ferreira

Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA), Asturias.

S2P16

1

INTRODUCCIÓN

- La antracnosis de la judía común, causada por el hongo *Colletotrichum lindemuthianum*, presenta una interacción raza-específica y una elevada variabilidad patogénica¹.
- Phaseolus coccineus*, especie del acervo genético secundario de *P. vulgaris*, constituye una fuente potencial de alelos de resistencia.
- En el SERIDA se desarrollaron líneas interespecíficas (HYB) derivadas de *P. vulgaris* × (*P. vulgaris* × *P. coccineus*), utilizando MDRK como parental susceptible y la accesión V215 como donante de resistencia.
- La línea HYB028 mostró resistencia a la raza 38 de antracnosis.

2

MATERIALES Y MÉTODOS

A Población de estudio

Midas (S) x HYB028 (R)
Población F_{2,3}: 85 familias

B Fenotipado antracnosis²

- Raza 38
- Escala 1-9

R: síntomas ≤3, S: síntomas ≥4
H: segregación R y S

C BSA

- bulk Resistente y bulk Susceptible
- (10 individuos F₂/bulk)

D Genotipado (WGS)

parentales + V215 + bulk R + bulk S

E Análisis resultados

- BSA usando el ΔSNP index con QTLseqR v.0.7.5.2³
- Validación por análisis de ligamiento usando marcadores InDel y paquete OneMap v. 3.0.0

3

RESULTADOS

3.1 Segregación fenotípica

La segregación observada en la población F_{2,3} fue de 21R:40H:24S ajustada a la proporción esperada para un gen mayor de carácter dominante (χ^2 1:2:1 = 0.51, p = 0.78).

3.2 Resultados BSA + WGS

Se identificaron dos regiones candidatas asociadas con la resistencia a la raza 38 (Fig 2) en los cromosomas Pv07 y 11 (Tabla 1).

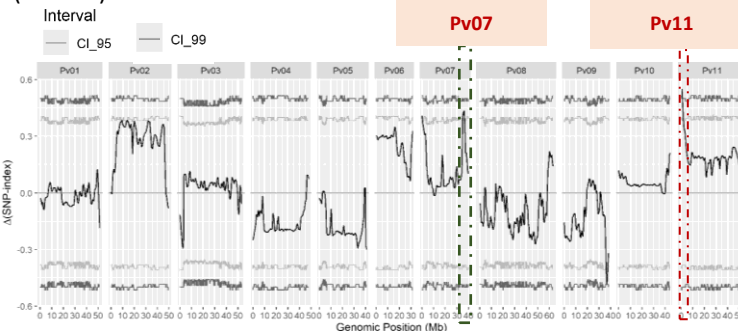


Tabla 1. Posición genómica de las regiones candidatas identificadas reveladas en el análisis de BSA + WGS.

Chr.	Start	End	Num. SNPs	PeakΔSNP	AvgΔSNP
Pv07	35033203	36601569	3341	0.44	0.43
Pv11	8276	2034699	4182	0.63	0.54

3.3 Validación por análisis de ligamiento

Los resultados indicaron la independencia de la resistencia con la región del Pv07 y un ligamiento con la región del Pv11 (Fig 3)

Fig. 3 Mapa de ligamiento con la resistencia (R38) en las regiones candidatas Pv07 y Pv11

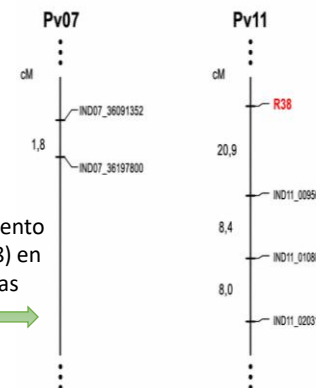


Fig 2. Distribución del ΔSNP index en los 11 cromosomas de judía común considerando dos intervalos de confianza (IC)

Objetivo

Caracterizar y mapear la resistencia a la raza 38 presente en la línea HYB028 derivada de *P. coccineus*, combinando análisis de segregaciones agrupadas (BSA) y secuenciación de genoma completo (WGS)

4

CONCLUSIONES

- La resistencia a la raza 38 en HYB028 está controlada por un gen mayor.
- La combinación de WGS y BSA constituye una estrategia para la localización rápida de regiones genómicas implicadas en el control genético de un carácter.
- El acervo genético secundario de la especie *Phaseolus vulgaris* tiene gran potencial en la mejora genética de judía común. Se está investigando el perfil de resistencia que ofrece este locus.

REFERENCIAS

- Padder et al 2017 <https://doi.org/10.4454/jpp.v9i2.3867>
- Pastor-Corrales et al., 1995. Plant Dis. 79:63-67
- Mansfeld BN, Grumet. 2018. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2018.01.0006>

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo fue financiado por el proyecto Legume Generation (Boosting innovation in breeding for the next generation of legume crops for Europe), con apoyo de la Unión Europea a través de Horizonte Europa, (GA101081329). E. Portilla-Benavides recibe la ayuda PRE2022-102763, financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FSE