



Miguel Hernández
Universidad Miguel Hernández de Elche

**Identificación de loci de caracteres
cuantitativos implicados en la morfogénesis
foliar en *Arabidopsis thaliana***

Salvador Bernal Torres
Elche, 2003

JOSÉ LUIS MICOL MOLINA, Catedrático de Universidad en el área de conocimiento de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

JOSÉ MANUEL PÉREZ PÉREZ, Ayudante de Universidad en el área de conocimiento de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche,

HACEMOS CONSTAR

que el presente trabajo ha sido realizado bajo nuestra dirección y recoge fielmente la labor realizada por el alumno Salvador Bernal Torres. Las investigaciones reflejadas en esta memoria se han desarrollado íntegramente en la División de Genética del Departamento de Biología Aplicada de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

José Luis Micol Molina

José Manuel Pérez Pérez

Elche, 27 de noviembre de 2003.

V.- DISCUSIÓN

V.1.- Variabilidad encontrada en los caracteres sometidos a estudio

Para la realización de este estudio cuantitativo de la morfogénesis foliar en *Arabidopsis thaliana* hemos analizado morfométricamente las hojas del tercer nudo en 125 líneas recombinantes endógamas (RIL) derivadas del cruzamiento *Ler* × *Cvi*. Dichas hojas se recolectaron 25 días después de la siembra, y se cuantificaron los parámetros del área y del perímetro del limbo, la longitud y la anchura del limbo, y la longitud y la anchura del peciolo, en 15 hojas de cada genotipo. Los valores medios para estos parámetros en la población de RIL analizadas no difirieron significativamente de los obtenidos en un estudio realizado previamente con la población de RIL del cruzamiento *Ler-0* × *Col-4* (Pérez-Pérez *et al.*, 2002). Es de destacar, sin embargo, que aunque los valores máximos de los distintos parámetros analizados en ambas poblaciones de RIL fueron muy similares, en la población de RIL derivada del cruzamiento *Ler* × *Cvi*, los valores mínimos fueron inferiores. Hemos estimado en este estudio que la heredabilidad en sentido estricto de los caracteres analizados fue elevada, lo que nos indica que la mayor parte de la varianza fenotípica observada se debe a causas genéticas. Estos valores de heredabilidad fueron similares para las dos poblaciones estudiadas. Hemos calculado también las correlaciones existentes entre las variables estudiadas que en la mayoría de los casos fueron altamente significativas (véase el apartado IV.3.1.9 de Resultados, en la página 53), por lo que los mecanismos genéticos que las controlan deberían ser similares.

V.2.- Características de los QTL identificados en este trabajo

Para la localización en el genoma de *Arabidopsis thaliana* de los QTL implicados en la morfología foliar hemos utilizado 111 marcadores genéticos (véase el apartado III.9 de Materiales y Métodos, en la página 23), que nos han permitido identificar un total de 12 QTL. Tres de ellos modifican a todos los parámetros de la morfología foliar (*ju-LS1*, *ju-LS2* y *ju-LS3*), otros tres lo hacen con el limbo pero no con el peciolo (*ju-LaS1*, *ju-LaS2* y *ju-LaW1*) mientras que cinco modulan exclusivamente al peciolo (*ju-PS1*, *ju-PS2*, *ju-PLE1*, *ju-PLE2* y *ju-PLE3*). El último de los QTL encontrados, *ju-LLE1*, modifica la longitud de toda la hoja sin tener efecto sobre su anchura (véase el apartado IV.4.1 de Resultados, en la página 55). En la cartografía de QTL realizada previamente (Pérez-Pérez *et al.*, 2002) se habían identificado 16 QTL implicados en la determinación de la arquitectura de las hojas juveniles del tercer nudo, cinco de los cuáles afectaban a

la totalidad de la hoja, seis eran específicos del limbo, cuatro del peciolo, y uno de la longitud total de la hoja (Pérez-Pérez *et al.*, 2002).

Para comparar los resultados obtenidos en este estudio con los de la población de RIL derivada del cruzamiento *Ler-0* × *Col-4*, hemos cotejado las posiciones de mapa y el intervalo de confianza de los QTL identificados en ambos trabajos. Hemos identificado tres QTL en el análisis de la población *Ler* × *Cvi* (*ju-PSI1*, *ju-PLE1* y *ju-LaSI2*) que podrían corresponder a otros tantos encontrados en el estudio de la población *Ler-0* × *Col-4* (*ju-LSI2*, *ju-PLE2* y *ju-LSI3*, respectivamente). Tanto *ju-PSI1* como *ju-LSI2* (Pérez-Pérez *et al.*, 2002) radican en el cromosoma 2, ambos ligados al marcador *erecta*. Dado que la estirpe parental *Ler* es portadora de la mutación *erecta* (*er*) que produce órganos cortos (Torii *et al.*, 1996), no podemos descartar que dicho QTL sea en realidad el gen *ERECTA*. Es curioso que este QTL modifique solamente al tamaño del peciolo en la población *Ler* × *Cvi* y a toda la hoja en la población *Ler-0* × *Col-4*, en esta última población, sin embargo, afecta exclusivamente al peciolo de las hojas adultas del séptimo nudo. *ju-PLE1*, que radica en el cromosoma 3, y *ju-LaSI2* en el cromosoma 4, se corresponden con *ju-PLE2* y *ju-LSI3*, respectivamente, de la población de RIL de *Ler-0* × *Col-4*, y, en ambos casos el efecto aditivo positivo lo produce el alelo de *Ler*.

Hemos identificado en este estudio tres QTL cuya posición de mapa es similar a la de otros tantos identificados en el estudio de la población *Ler-0* × *Col-4* (Pérez-Pérez *et al.*, 2002), cuyo efecto aditivo presentaba signos opuestos. *ju-LSI2*, cuyo efecto aditivo se debe al alelo de *Ler*, se encuentra en el cromosoma 1, en donde se había ubicado previamente a *ju-LSI1*, cuyo efecto aditivo se debe al alelo de *Col-4* (Pérez-Pérez *et al.*, 2002). Este resultado puede sugerir la existencia de una serie de alelos de este QTL, siendo *Cvi* el de menor efecto, a continuación el de *Ler* y finalmente el de *Col-4*. El QTL identificado en este trabajo y que hemos denominado *ju-LSI1* radica en la misma región del cromosoma 5 en la que se identificó a *ju-LSI5* (Pérez-Pérez *et al.*, 2002). De la misma manera, podemos sugerir la existencia de una serie creciente de alelos para este QTL (*Col-4* < *Ler* < *Cvi*).

También hemos identificado en este trabajo cuatro QTL cuyo efecto aditivo se debe al alelo del parental *Ler* y que no se habían detectado previamente (Pérez-Pérez *et al.*, 2002), los que hemos denominado *ju-LaWI1*, *ju-PSI2*, *ju-LLE1* y *ju-PLE2*. Es probable que estos QTL no se identificaran en el estudio de las RIL derivadas del cruzamiento *Ler-0* × *Col-4* debido a que no existían diferencias en el efecto de los alelos de *Ler* y *Col-4* para estos QTL. En nuestro estudio, sin embargo, ha sido posible su detección debido a que el efecto del alelo de *Cvi* es menor que el de *Ler*. Por último, cabe destacar

en este estudio la identificación de tres QTL (ju-*LSI3*, ju-*PLE3* y ju-*LaSI1*) que no habían sido encontrados en el estudio de la población de Ler-0 × Col-4, dado que su efecto aditivo se debe al alelo de Cvi.

V.3.- Posible identidad de los QTL identificados en este trabajo

Hemos consultado las bases de datos en las que se encuentra depositada la información derivada de la secuenciación del genoma de *Arabidopsis thaliana*, comprobando que cada una de las regiones correspondientes a los QTL identificados en este trabajo contiene varios cientos de presuntos genes. Si se excluye a los que parecen ser pseudogenes, casi todos los restantes deben considerarse candidatos a corresponder a los QTL cartografiados según se recoge en esta memoria. De muchos de ellos es poco lo que puede afirmarse, dado que están anotados en las bases de datos como genes cuyo producto es una “proteína hipotética”. Entre los restantes, sin embargo, algunos parecen candidatos más verosímiles, como el gen *AINTEGUMENTA* (*ANT*) o el anteriormente mencionado *ER*, que aparecen en la Tabla 11, en la página 60, cuyas mutaciones modifican considerablemente al tamaño de sus órganos (Mizukami y Fischer, 1999; Torii *et al.*, 1996).

La comprobación de la correspondencia entre los genes descritos en el párrafo anterior y los QTL que hemos identificado excede el propósito de este trabajo. No obstante, la información que hemos obtenido permitirá avances sustanciales en la identificación y posterior manipulación de los genes de *Arabidopsis thaliana* que contribuyen a la variabilidad natural en la arquitectura foliar. Esta última afirmación es válida no sólo para los genes de *Arabidopsis thaliana*, el sistema que hemos estudiado, sino también, y muy especialmente, para numerosas especies cultivadas en las que sus ortólogos podrán ser identificados, caracterizados y, eventualmente, manipulados a fin de obtener nuevas variedades.