

## VARIABILIDAD GENÉTICA DE GLIADINAS EN LA COLECCIÓN DE TRIGO DURO DEL CRF-INIA DE ACUERDO A LA TAXONOMÍA Y LA ZONA AGRO-ECOLÓGICA DE ORIGEN

M. Ruiz<sup>1</sup>, C. Royo<sup>2</sup>, P. Giraldo<sup>3</sup>, R. Fité<sup>1</sup>, M. Cátedra<sup>4</sup>, D. Villegas<sup>2</sup> y J.M. Carrillo<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Caracterización y Evaluación, CRF-INIA, 28800 Alcalá de Henares

<sup>2</sup>Programa Cultivos Extensivos, IRTA, Centro UdL-IRTA, 25198 Lleida

<sup>3</sup>Departamento de Biotecnología, ETSIA, 28040 Madrid

<sup>4</sup>IFAPA-Centro Rancho de la Merced, 11471 Jerez de la Frontera

**Palabras clave:** conv. *durum*, conv. *turgidum*, ssp. *dicoccon*, *Triticum turgidum*

### Resumen

Se ha analizado la variabilidad genética para gliadinas, por grupos taxonómicos y zonas agro-ecológicas, en una muestra de la colección española de trigo duro (*Triticum turgidum* L.). La diversidad genética total fue alta ( $H_t=0,80$ ) siendo la variación intra grupos mayor que entre grupos para la ssp. (*dicoccon*, *durum* y *turgidum*) y la zona. Las tres ssp. se separaron claramente, y mostraron alelos únicos para los loci analizados. La ssp. *dicoccon* mostró la mayor proporción de diferenciación entre zonas, especialmente para el locus *Gli-B1*. La ssp. *turgidum* presentó la mayor variabilidad, sobre todo en las variedades del norte y del este del país. La ssp. *durum* mostró menor variación entre zonas, pero con una separación de la zona norte del resto de las zonas, que se agruparon siguiendo un patrón este-oeste. El mayor número de alelos locales se detectó en las variedades del sur. En las tres ssp. se detectaron diferencias significativas entre zonas para los alelos de gliadinas.

### INTRODUCCIÓN

Para la creación de la colección nuclear de la colección de trigo duro (*Triticum turgidum* L.) del CRF-INIA se seleccionó, como paso previo, una submuestra de 200 accesiones representativa de los grupos taxonómicos de la colección y de las zonas agro-ecológicas del cultivo (Ruiz et al., 2008). Dentro de cada zona se buscó la máxima variabilidad en función de los datos disponibles (altitud, tipos de suelos...). Esta submuestra ha sido analizada con diferentes marcadores genéticos para ver cómo se estructura su variabilidad genética. Uno de los marcadores elegidos han sido las proteínas del endospermo gliadinas, por su utilidad para la discriminación de variedades en trigo. En este trabajo se presentan los resultados obtenidos en el análisis de la variabilidad genética por grupos taxonómicos y zonas agro-ecológicas con los alelos de gliadinas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se han analizado 192 accesiones de los grupos taxonómicos más representativos (ssp. *dicoccon*, ssp. *durum*, ssp. *turgidum*), de las que 187 son variedades locales distribuidas en 9 zonas agro-ecológicas (Ruiz et al., 2008): z1 (Álava, Barcelona, Gerona, La Rioja, Navarra), z2 (Cádiz, Córdoba, Sevilla, Huelva), z3 (Jaén, Granada, Málaga), z4 (Madrid, Tarragona Lérida, Castilla y León, Castilla La Mancha, Huesca), z5 (Extremadura), z6 (Almería, Murcia), z7 (Canarias), z8 (Baleares, C. Valenciana) y z9 (Cantabria, Lugo). Las gliadinas se analizaron con el método de Lafandra y Kasarda (1985). Los agrupamientos entre variedades se estudiaron

mediante un Análisis de Correspondencias Múltiple (ACM). La diversidad total (Ht), intra (Hs) e inter (Dst) grupos y la proporción de diferenciación entre grupos (Gst) se calcularon de acuerdo a Nei (1973). Los dendogramas con las zonas de origen se realizaron con la distancia de Nei (1972) y el método de agregación UPGMA.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La diversidad genética total fue alta (Ht = 0,80) siendo la variación intra-grupo mayor que entre grupos, tanto para taxonomía (Hs = 0,74, Dst = 0,06) como para zonas agro-ecológicas (Hs = 0,62, Dst = 0,11). Las tres ssp. se separaron por su composición en gliadinas con los tres primeros ejes factoriales del ACM. Todos ellos presentaron alelos únicos para los cuatro loci analizados. La ssp. *turgidum* fue la más variable y más similar a la ssp. *dicoccon* que la ssp. *durum*. La taxonomía tuvo mayor influencia en la separación entre zonas que los alelos de gliadinas. El mismo resultado se obtuvo para las zonas respecto a los grupos taxonómicos. En consecuencia, la variación genética se analizó por separado para cada grupo taxonómico.

Para la ssp. *durum*, no se detectaron agrupamientos en función del origen. En el dendograma las z1 y 9 (norte de España) se separaron del resto de las zonas. Éstas mostraron una separación este-oeste: z2, 3, 4 y 5 separadas de z6 y 8. Según su clasificación por rendimientos históricos (Ruiz et al., 2008), las zonas del primer grupo poseen mayores rendimientos que las del segundo. La presencia de alelos locales fue mayor en el Sur. Las z7 y 8 mostraron menor variabilidad genética (0,30 y 0,49, respectivamente), y las z4, 3 y 5 mayor variabilidad (0,79, 0,77 y 0,71, respectivamente). El locus *Gli-B1* fue el menos variable. El *Gli-A1* y *Gli-A2* mostraron diferencias significativas entre zonas.

En el ACM las variedades de la ssp. *turgidum* de las z9 y 8 mostraron una separación clara. La variación entre zonas fue mayor que en la ssp. *durum* (Dst = 0,30 vs. 0,18). Los alelos locales aparecieron sobre todo en el este y el norte. Las z1, 9, 8 y 6 fueron las más diferentes y con mayores Ht (0,75-0,64). Como en la ssp. *durum* el *Gli-B2* fue el locus más variable. El *Gli-B1* y *Gli-A2* mostraron diferencias significativas entre zonas.

Las variedades de la ssp. *dicoccon* se separaron en el ACM por su zona de procedencia (z1, 4 y 9). Este grupo fue el que mostró mayor valor de Gst (0,40) aunque el *Gli-B1* fue el único locus con mayor variación entre que intra-zona. Este resultado es importante para diferenciar las variedades en función de su origen. Se detectaron alelos locales en las tres zonas. El *Gli-A2* fue el locus con mayor Ht y menor Dst, y la z1 la de menor variabilidad. El *Gli-B1* y *Gli-B2* mostraron diferencias significativas entre zonas.

Las diferencias taxonómicas y geográficas detectadas, especialmente para la ssp. *dicoccon*, serán consideradas en la creación de la colección nuclear de trigo duro.

## AGRADECIMIENTOS

Proyecto RF2006-00020-C03 del INIA y fondos FEDER.

## REFERENCIAS

- Lafiandra, D. and Kasarda, D.D. 1985. One and two-dimensional (two-pH) polyacrylamide gel electrophoresis in a single gel: separation of wheat proteins. *Cereal Chem.* 62: 314-319.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106: 283-292.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *PNAS* 70: 3321-3323.
- Ruiz, M., Royo, C., Carrillo, J.M., Catedral, M., Fité, R., Villegas, D. y Giraldo, P. 2008. Creación de la colección nuclear española de trigo duro. *Actas Hort.* 51: 53-54.