

KARTIRANJE LOKUSA ZA KVANTITATIVNA SVOJSTVA (QTL) KOJI UTJEČU NA SASTAVNICE PRINOSA BOBA (*Vicia faba* L.)

Carmen María AVILA¹, Z. ŠATOVIĆ², Josefina Carmen SILLERO¹, S. Nadal¹,
D. Rubiales³, MaríaTeresa MORENO¹ Ana María TORRES¹

¹ CIFA-Alameda del Obispo, IFAPA, Area de Mejora y Biotecnología, Apdo 3092, E-14080
Córdoba, Spain

² Faculty of Agriculture, Department of Seed Science and Technology, Svetošimunska 25, 10000
Zagreb, Croatia

³ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Apdo. 4084, E-14080 Córdoba, Spain

Proizvodnja boba na većim površinama je tijekom povijesti bila praćena niskim i nestabilnim prinosima. Kako bi bob postao seljacima atraktivna alternativna kultura potrebno je usmjeriti pažnju na oplemenjivanje visokoprinostnih genotipova prikladnih za sjetvu u specifičnim agrotehničkim uvjetima. Prinos je kod boba kompleksno svojstvo određeno nizom međuovisnih sastavnica od kojih su neke kontrolirane poligenski. Ova činjenica znatno otežava proces odabira, pa je uspješnost tradicionalnih oplemenjivačkih programa niska.

Molekularni biljezi znatno olakšavaju otkrivanje genomske regije povezane s kvantitativnim svojstvima. Upotrebom genetskih karata moguće je procijeniti broj i učinak lokusa za kvantitativna svojstva (*Quantitative Trait Loci* - *QTLs*) koji kontroliraju genetsku varijabilnost u razdvajajućim populacijama. Štoviše, budući da se molekularni biljezi vezani s lokusima za kvantitativna svojstva mogu koristiti u neizravnom odabiru zanimljivih genotipova, oni čine temelj za razvoj programa odabira pomoću biljega (*Marker Assisted Selection* - *MAS*).

U svrhu izrade genetske karte korištena je populacija od 159 biljaka F_2 generacije iz križanja homozigotnih inbred linija 29H i Vf136. U poljski su pokus uključene familije generacije $F_{2:3}$, a analizirane su sljedeće sastavnice prinosa: broj cvjetova u cvatu, broj nodija s cvjetovima, visina (cm) najnižeg nodija s cvijetom, broj postranih plodnih grana, visina (cm) najnižeg plodnog nodija, udaljenost (cm) između prvog nodija s cvjetovima i prvog plodnog nodija, dužina mahune (mm), broj oplođenih ovula po mahuni, broj sjemenki po mahuni i broj mahuna po biljci.

Genetska karta se sastojala od 103 molekularna biljega raspoređenih u 18 skupina vezanih gena s ukupnom dužinom od 1308 cM. Od 103 kartirana biljega, 95 su bili biljezi RAPD uz 3 izoenzimska biljega, 2 biljega STS (*Sequence-Tagged Site*) za gene skladišnih bjelančevina sjemena boba kao i 3 mikrosatelitna biljega.

U svrhu identifikacije QTL-a za analizirana agronomska svojstva korištene su metode linearne regresije, jednostavnog intervalnog kartiranja (*Simple Interval Mapping* - *SIM*) i sastavljenog intervalnog kartiranja (*Composite Interval Mapping* - *CIM*). Identificirano je ukupno 15 QTL-a koji su bili raspoređeni na 9

od 18 skupina vezanih gena. Uočeno je grupiranje QTL-a za različita svojstva u specifičnim kromosomskim regijama. Ove bi regije mogle biti od koristi u budućim istraživanjima na području funkcionalne genomike. Većina QTL-a otkrivenih u ovom istraživanju imala je jače izražen dominantnih genski učinak od aditivnog što se obično smatra manje prikladnim u svrhu razvitka programa odabira pomoću biljega (MAS). No, komercijalna se proizvodnja boba uglavnom temelji na poboljšanim populacijama i sintetskim kultivarima koji se sastoje od nekoliko oplemenjivačkih linija. U sintetskim se kultivarima visok i stabilan prinos ostvaruje iskorištavajući heterozis kao i genetsku heterogenost sastavnica. Stoga veliki dominantni učinak QTL-a uočenih u ovom istraživanju ne sprječava njihovu upotrebu u budućim oplemenjivačkim programima jer njihovo uvođenje u oplemenjivačke linije može rezultirati pojavom još visokoprinosnijih heterozigotnih biljaka.

Ključne riječi: *Vicia faba* L., molekularni biljezi, genetsko kartiranje, lokusi za kvantitativna svojstva, sastavnice prinosa

MAPPING OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI (QTLs) AFFECTING YIELD COMPONENTS IN FABA BEAN (*Vicia faba* L.)

Carmen María AVILA¹, Z. ŠATOVIĆ², Josefina Carmen SILLERO¹, S. Nadal¹,
D. Rubiales³, MaríaTeresa MORENO¹ Ana María TORRES¹

¹CIFA-Alameda del Obispo, IFAPA, Area de Mejora y Biotecnología, Apdo 3092, E-14080
Córdoba, Spain

² Faculty of Agriculture, Department of Seed Science and Technology, Svetošimunska 25, 10000
Zagreb, Croatia

³ Instituto de Agricultura Sostenible-CSIC, Apdo. 4084, E-14080 Córdoba, Spain

Large-scale production of faba bean has been historically hindered by low and unstable yields. To turn faba bean into an attractive alternative crop for farmers breeding efforts should be directed to the identification of high yielding genotypes of faba beans well adapted to each farming condition. Yield in faba bean is a complex character determined by several interacting components, some of which are under polygenic control. This fact greatly hampers the selection process and the success of traditional breeding programs.

The advent of molecular markers has greatly facilitated the detection of genomic regions associated to quantitative characters. Using linkage maps, it is possible to estimate the number of loci controlling genetic variation in a segregating population and to estimate the effects of these loci (*Quantitative trait loci* - *QTLs*). Furthermore, since QTL-linked molecular markers allow the indirect selection of interesting genotypes, they constitute an essential tool for the development of Marker Assisted Selection (*MAS*) programs.

A population of 159 F₂ plants from the cross between the faba bean inbred lines 29H and Vf 136 was used for mapping. The corresponding F_{2:3} families were evaluated in field for the following yield components: flowers per inflorescence, nodes with flowers, height (cm) of the lowest node bearing flowers, number of lateral branches with pods, height (cm) of the lowest node bearing pods, distance (cm) between the first node bearing flowers and the first node bearing pods, pod length (mm), fertilized ovules per pod and the primary components of yield seeds per mature pod and pods per plant.

One hundred and three marker loci segregating in the F₂ population were mapped into 18 linkage groups covering 1308 cM of the faba bean genome. Out of these 103 markers, 95 were RAPD markers, 3 isozyme loci, 2 sequence-tagged site (*STS*) markers for seed protein genes, and 3 microsatellites.

Linear regression, Simple Interval Mapping (*SIM*) and Composite Interval Mapping (*CIM*) methods were used to identify QTLs for the evaluated agronomical traits. The analyses identified a total of 15 QTLs distributed on 9 of the 18 linkage groups. Six of the QTLs reported could be ascribed to specific

chromosomes. Several QTLs for different traits were highly concentrated in specific chromosomal regions. Such regions might be of interest for future studies in functional genomics. Most of the putative QTLs detected in this study showed dominant rather than additive effects, which may be considered less appropriate for a MAS programme. Nevertheless, it has to be considered that commercial production of faba bean is mainly based on improved populations and synthetic cultivars comprising several breeding lines. Synthetic cultivars take advantage of heterosis and heterogeneity to increase and stabilise yields. Consequently, the strong dominant effects of the QTLs found in this study do not preclude their use in faba bean breeding because their introgression into breeding lines may generate even more productive heterozygous plants.

Key words: *Vicia faba* L., molecular markers, genetic mapping, quantitative trait loci, yield components