

Variabilidad genética y huellas de domesticación en *Phaseolus lunatus*

Daniela Alexandra Lozano Arce^{1*}, Tatiana García², María Isabel Chacón Sanchez²,
Jorge Duitama¹

1. Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia
2. Departamento de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia.

*Dirección de correspondencia: d.lozanoa@uniandes.edu.co

El frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.) es una de las cinco especies domesticadas del género *Phaseolus*. Su distribución se encuentra desde México hasta Argentina presentando una amplia gama de adaptaciones ecológicas. Por esto, es considerado como un cultivo prometedor para mejorar la seguridad alimentaria en escenarios previstos de cambio climático.

Los elementos transponibles (TE) son el componente más abundante de los genomas de las plantas y pueden afectar drásticamente la evolución del genoma y la variación genética. Por lo tanto, es importante caracterizar tanto los patrones comunes como las diferencias específicas, dentro y entre especies. En este trabajo presentamos la caracterización más completa desarrollada hasta el momento de elementos transponibles en el genoma de frijol Lima. Combinando diferentes métodos basados en homología y estructura implementados en las herramientas RepeatMasker y ETDA, apoyados en un catálogo de elementos transponibles para frijol común, se identificaron, clasificaron y anotaron 186.109 elementos transponibles en el genoma del frijol Lima. Esta base de datos generada cubre 210Mbp del genoma, siendo LTR/Gypsy la superfamilia más representativa de las anotaciones con un 37% en la base de datos, seguido de las superfamilias DNA/CACTA con un 16% y LTR/Copia con el 9%. Además, las anotaciones de TEs con porcentajes más bajos están representados por la superfamilia MITEs. Estos TEs están distribuidos en las familias principales de TEs de plantas de manera consistente con el frijol común y otras especies.

Por otra parte, para investigar la variabilidad genómica de la especie, en este trabajo, se secuenció el genoma completo (WGS) de 60 accesiones de *P. lunatus* con la tecnología de Illumina incluyendo muestras de dos poblaciones domesticadas y dos silvestres. Se obtuvo un promedio de profundidad superior a 10x para cada una de las accesiones secuenciadas. Las lecturas de cada accesión fueron alineadas al genoma de referencia y luego se identificaron y genotiparon un total de 59.88.625 SNVs y 598.305 indels, utilizando el software NGSEP. Con el objetivo de identificar huellas de selección (en específico barridos selectivos) relacionadas a la domesticación dual del frijol Lima tanto en Mesoamérica como en los Andes, se empleó el programa RAI SD. Se detectaron un total de 716 barridos selectivos (456

del acervo genético andino y 260 del acervo genético mesoamericano). Se detectó un mayor número de huellas de selección en las accesiones domesticadas que en las silvestres, especialmente en las accesiones domesticadas del acervo genético andino. Se observó también que entre los materiales domesticados de ambos acervos genéticos se presentaron pocos barridos selectivos en común. Estos resultados sugieren no sólo que, desde los inicios de la domesticación, las poblaciones domesticadas han estado sujetas a más presiones selectivas que las silvestres, sino que posiblemente la domesticación dual de frijol Lima se alcanzó por vías genéticas diferentes. Esperamos que los recursos genómicos generados en este trabajo sean de gran utilidad para la investigación del proceso de domesticación de leguminosas y contribuya al desarrollo de estrategias de mejoramiento genético de frijol Lima.