

Múltiples eventos de domesticación explican el origen de las variedades nativas de *G. hirsutum* en México

Melania Vega (1), Christian Quintero-Corrales (2), Alicia Mastretta-Yanes (3), Alejandro Casas (4), Ana Wegier (1)
 1 Lab. Genética de la Conservación JB-IBUNAM
 2 Botánica IBUNAM
 3 CONABIO, CONACYT
 4 Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad, UNAM



Introducción

Mesoamérica es uno de los más importantes centros de domesticación de plantas en el mundo [1]. Los procesos de domesticación consisten en la selección de individuos silvestres que se adaptarán a nuevos ambientes con el fin de satisfacer las necesidades humanas, e involucran diferentes expresiones de manejo que modifican la diversidad genética [2].

Aunque silvestres y domesticados diverjan y lleven procesos evolutivos diferentes, es posible que mantengan flujo génico e introgresión ocasionando complejos de especie silvestre a domesticado. El complejo silvestre a domesticado del algodón *Gossypium hirsutum* en México se compone de la siguiente manera (Fig. 1):

Debido a que es una especie considerada como vulnerable [3] y bajo protección especial se requiere de la aplicación de estrategias de conservación que consideren los procesos que mantienen y modifican la diversidad genética.



Fig. 1 Componentes del complejo de especie silvestre a domesticado del algodón en México.

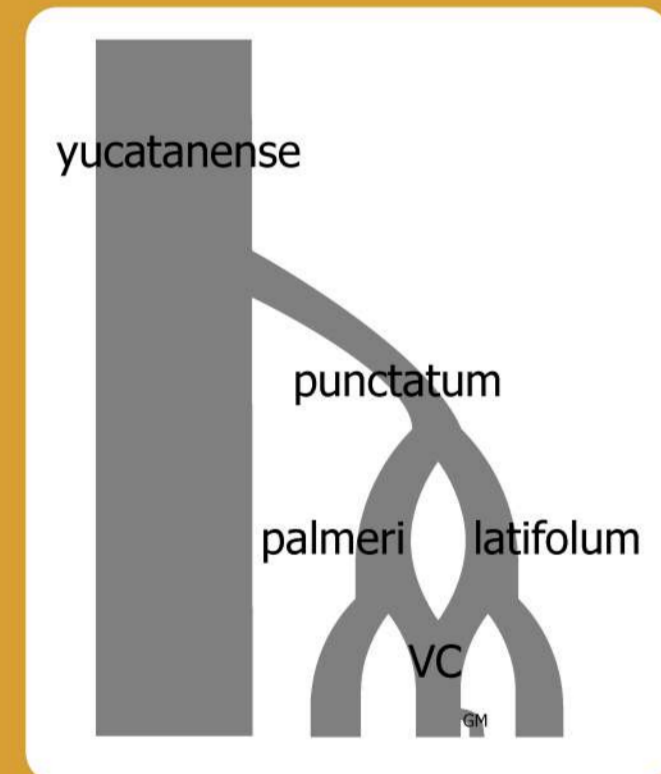


Fig. 2 Esquema sobre la hipótesis que señala a la Península de Yucatán como el centro de domesticación.

El uso del cloroplasto permite realizar análisis filogenéticos por sus características conservadas y al mismo tiempo mantiene suficiente diversidad para distinguir entre poblaciones, por lo que es ideal para el estudio de la domesticación. La hipótesis propuesta por Brubaker y Wendel [4] sobre la domesticación del algodón sugiere un único evento en la Península de Yucatán (Fig. 2). Sin embargo, este estudio excluye poblaciones silvestres y las variedades nativas actuales.

Objetivos

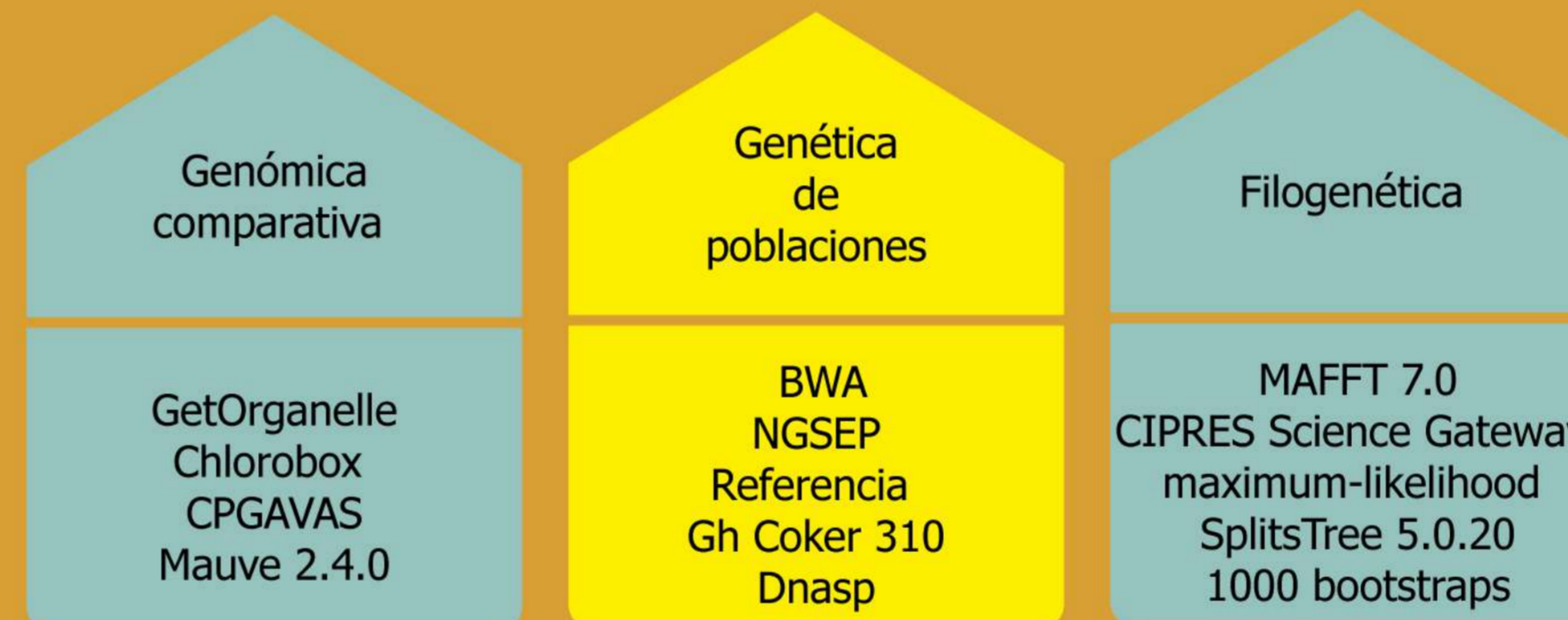
- 1) Demostrar si la domesticación del algodón sucedió por múltiples orígenes.
- 2) Analizar la estructura y diversidad del cloroplasto para expandir el conocimiento sobre los efectos genómicos del manejo y la domesticación.

Métodos

Silvestres (8)
 Variedades Nativas (19)
 Variedades Comerciales (5)



Secuenciación de ADN Illumina NovaSeq 6000PE 150X2



Resultados

La estructura cuatripartita del cloroplasto se mantiene (Fig. 3). Los 131 genes característicos de *G. hirsutum* están presentes en las muestras analizadas. Los cloroplastos de los domesticados tienden, en promedio, al aumento de su longitud, como sucede en el ricino [5]. Las regiones particulares de S, VN y VC están relacionadas a los genes *ndhB*, *rrn16S* y *trnG-GCC* por lo que los proponemos como marcadores para diferenciar entre algodones silvestres y domesticados.

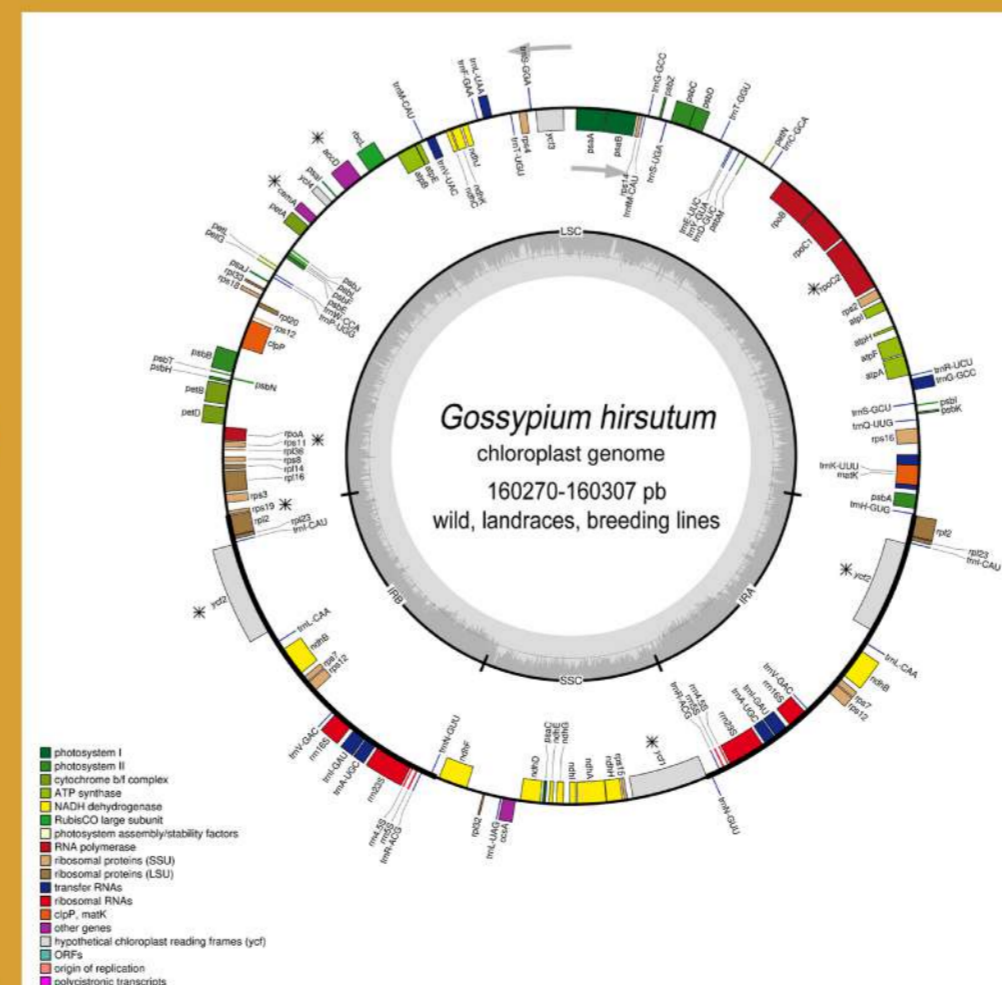


Fig. 3 Esquema de la estructura de los cloroplastos de *G. hirsutum*.

Conclusión

El manejo asociado a la domesticación, el flujo génico y la introgresión han modificado y mantenido la diversidad genética del cloroplasto de *G. hirsutum* que se distribuye en México. la diversidad observada en este estudio, independientemente si se trata de silvestres o variedades nativas, merece ser conservada. Los procesos de domesticación descritos en algodón son congruentes con el patrón observado en otros cultivos mesoamericanos.

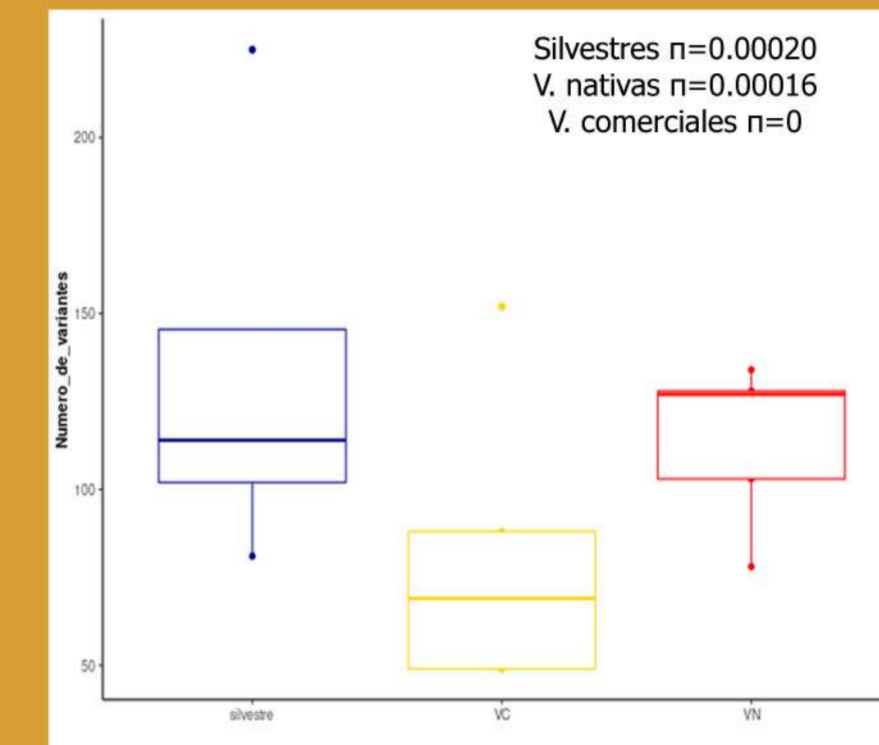


Fig. 4 Diagrama de caja que señala la diferencia entre el número de variantes genómicas entre silvestres y domesticados. Los S muestran mayor diversidad.

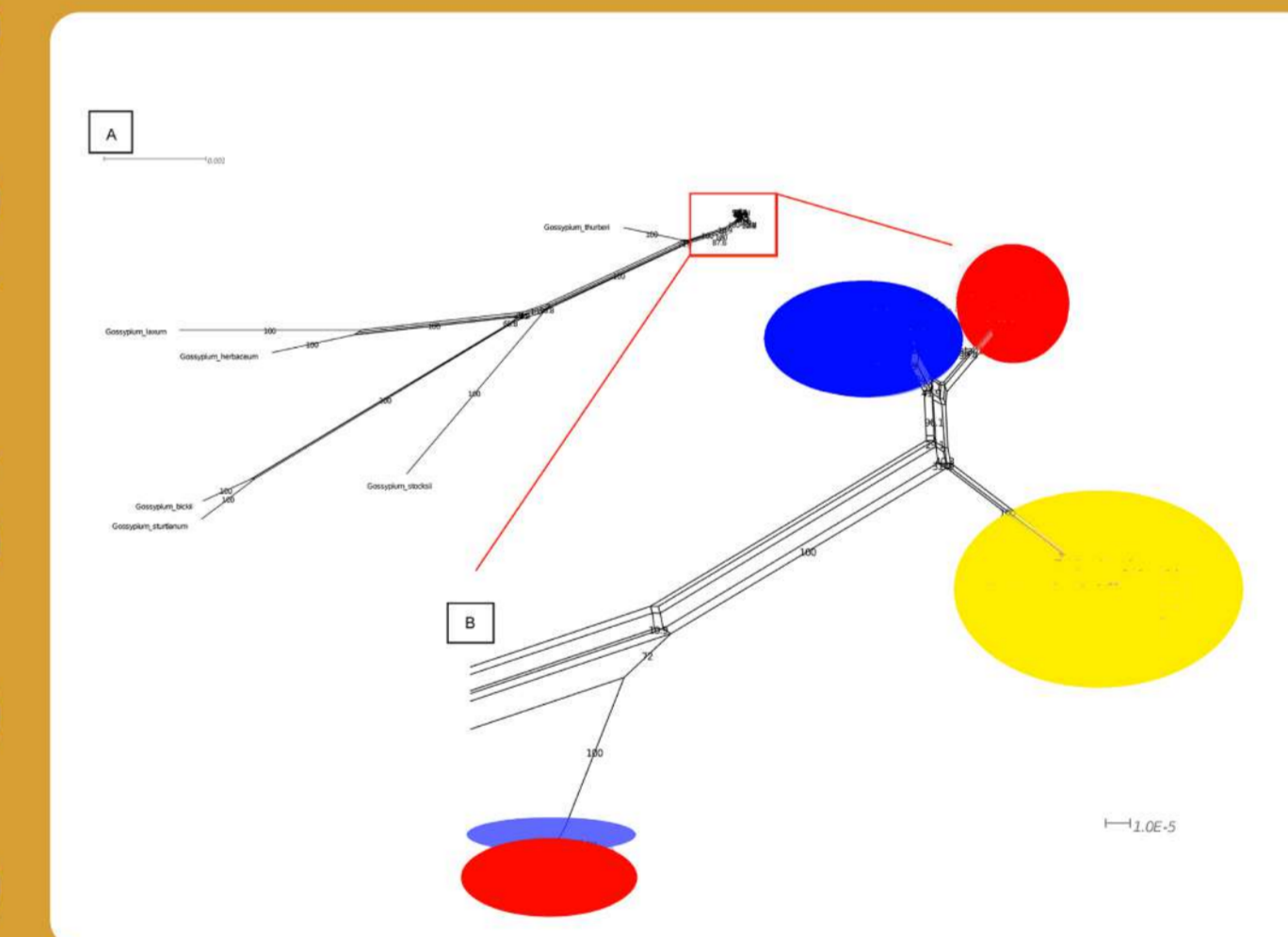


Fig. 5 Red filogenética en la que se muestran las relaciones de parentesco entre los componentes del complejo silvestre a domesticado del algodón

Las variedades nativas están emparentadas con diferentes poblaciones silvestres mostrando múltiples orígenes de domesticación. Las VN forman parte importante del desarrollo de las VC.

Agradecimientos

Por el apoyo financiero de la CONABIO y de la UNAM a través de los proyectos: "Programa de conservación de las poblaciones silvestres del género *Gossypium* en México. Tercera etapa" y Análisis de la evolución adaptativa en hexápodos que interactúan con plantas con transgenes del complejo silvestre – domesticado de algodón. UNAM-PAPIIT IN214719



Referencias
 1. Zizumbo-Villarreal, D.; Colunga-GarcíaMarín, P. Origin of Agriculture and Plant Domestication in West Mesoamerica. Genetic Resources and Crop Evolution 2010, 57, 813–825
 2. Casas, A., Otero-Arnaiz, A., Pérez-Negrón, E., & Valiente-Banuet, A. 2007. In situ management and domestication of plant in Mesoamerica. Annals of Botany, 100,1101-1115 doi:10.1093/aob/mcm126
 3. Wegier, A., Alavez, V., Vega, M. & Azurdia, C. 2019. *Gossypium hirsutum*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T71774532A71774543. https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T71774532A71774543.en. Downloaded on 30 November 2021.
 4. Brubaker, C.L. & Wendel, J. 1994. Reevaluating the origin of domesticated cotton (*Gossypium hirsutum*: Malvaceae) using nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). American Journal of Botany 81(10):1309-1326.
 5. Muraguri, S.; Xu, W.; Chapman, M.; Muchugi, A.; Oluwaniyi, A.; Oyeibanji, O.; Liu, A. Intraspecific Variation within Castor Bean (*Ricinus Communis* L.) Based on Chloroplast Genomes. Ind. Crops Prod. 2020, 155, 112779.