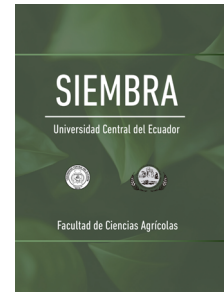


## Huellas de selección en la domesticación del Frijol Lima

### Traces of selection in the domestication of the Lima bean.

Leydi Tatiana García Navarrete<sup>1\*</sup>, Daniela Lozano<sup>2</sup>, Jorge Duitama<sup>2σ</sup>,  
María Isabel Chacón Sánchez<sup>1</sup>




*Siembra* 9 (3) (2022): Edición especial: RESUMENES DEL II SIMPOSIO INTERNACIONAL SOBRE EL FRIJOL LIMA (*Phaseolus lunatus* L.): Retos y Perspectivas ante Escenarios de Cambio Climático

<sup>1</sup> Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Agronomía. Bogotá, Colombia.

<sup>2</sup> Universidad de los Andes, Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación. Bogotá, Colombia.

 <sup>σ</sup> <https://orcid.org/0000-0002-4407-0954>

 <sup>σ</sup> <https://orcid.org/0000-0002-9105-6266>

<sup>σ</sup> Nacionalidad Colombiana. Es Licenciada en Biología de la Universidad Pedagógica Nacional, con maestría en Bioinformática de la Universidad Nacional de Colombia. Actualmente, es estudiante de doctorado en genética y fitomejoramiento de la Universidad Nacional de Colombia. Ha trabajado en equipos multidisciplinarios realizando investigaciones en genómica vegetal y bioinformática para diferentes cultivos, incluyendo leguminosas, gramíneas y brasicáceas. Durante su trabajo ha producido recursos genómicos que incluyen: un genoma de referencia para frijol Lima, caracterización y análisis de bases de datos de variación genómica y análisis de expresión diferencial. En los últimos dos años, ha trabajado en la caracterización de factores de transcripción involucrados en la síntesis, degradación y almacenamiento de ácidos grasos y flujo de carbono en plantas con semillas oleaginosas como Camelina y Pennycress. Su interés investigativo incluye el área de la genómica, la bioinformática, evolución del genoma vegetal y aspectos relacionados a domesticación.

\* Autor de correspondencia: [ltgarcian@unal.edu.co](mailto:ltgarcian@unal.edu.co)

Procesos evolutivos como la domesticación generan cambios en la composición genética de las poblaciones de diferentes cultivos, dejando señales en los genomas como la distorsiones en el espectro de frecuencias de sitio, mayores niveles de desequilibrio de ligamiento, menor variabilidad local y mayor diferenciación entre poblaciones silvestres y domesticadas. En los últimos años se ha incrementado el conocimiento sobre el proceso de domesticación debido a los avances en las tecnologías de secuenciación que han permitido el ensamblaje del genoma de especies no modelo como el Frijol Lima. En esta investigación se generó el re-secuenciamiento del genoma completo (WGRS) de 60 accesiones de frijol Lima con el objetivo de identificar regiones genómicas potencialmente asociadas con huellas de selección en esta especie. El análisis de los datos se llevó a cabo a través de enfoque integrador empleando tres estrategias que comparan las accesiones silvestres y domesticadas dentro de cada acervo genético. Estas estrategias fueron: (1) Evaluación de índices de diversidad mediante un enfoque genómico de ventana deslizante, (2) evaluación de índices de diversidad mediante un enfoque gen por gen, (3) un enfoque basado en la frecuencia de alelos que calcula estadísticas de diferenciación genética entre poblaciones. Se identificaron mediante el primer enfoque un total de 362 regiones (34,8Mpb) en el acervo Andino, incluyendo 2.517 genes candidatos bajo selección. En el acervo Mesoamericano se hallaron 372 regiones (32,02 Mpb) con 2.207 genes. Mediante el segundo enfoque se identificaron 739 y 1.016 genes para el acervo genético Andino y mesoamericano, respectivamente. Estos resultados sugieren que alelos de diferentes genes fueron seleccionados en los procesos de domesticación mesoamericano y andino, configurando un proceso de selección convergente.

**Palabras claves:** Huellas de selección, domesticación, re-secuenciación del genoma completo

SIEMBRA

<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>

ISSN-e: 2477-8850

ISSN: 1390-8928

Periodicidad: semestral

vol. 9, núm.3, 2022

[siembra.fag@uce.edu.ec](mailto:siembra.fag@uce.edu.ec)

DOI: [https://doi.org/10.29166/siembra.v9i3\(Especial\)](https://doi.org/10.29166/siembra.v9i3(Especial))



Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial