

# Identificación de QTLs asociados a calidad maltera en cebada cervecera

**Ariel Castro**

**EEMAC, Facultad de Agronomía, Universidad de la República**

**Curso CYTED “Bases fisiológicas y genéticas de la generación del rendimiento y la calidad en trigo pan y cebada cervecera. Implicancias para el manejo agronómico y el mejoramiento genético.**

**Pergamino, 2 y 3 de setiembre 2010**



## **El problema**

Identificar los componentes genéticos asociados a calidad en cebada

## **La herramienta**

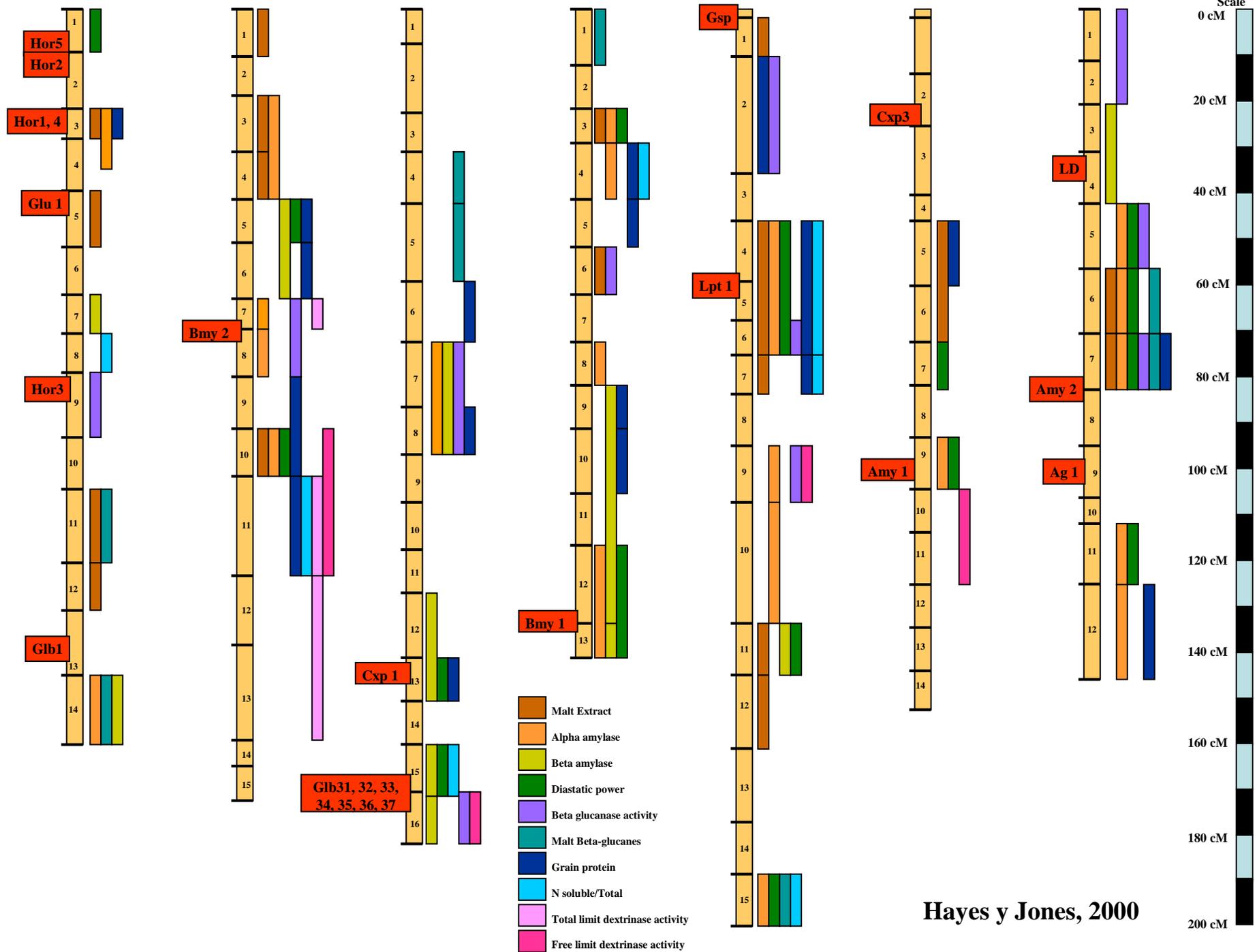
El uso de instrumentos genómicos para la identificación y localización de los componentes genéticos (Análisis de QTL, **Mapeo por DL**)

## **Algunos resultados**

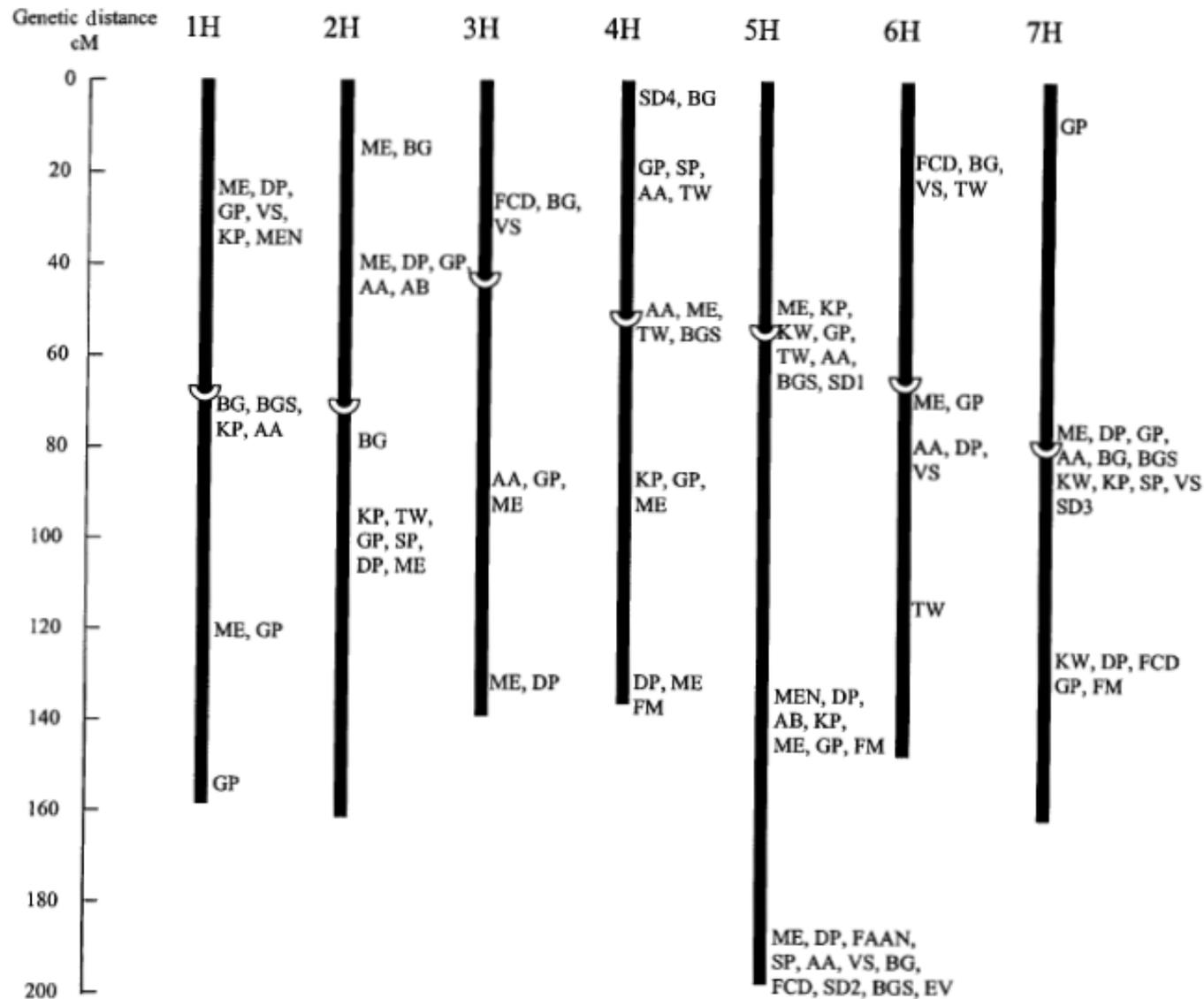
## **Algunas limitaciones y posibilidades**

## ANALISIS DE QTL

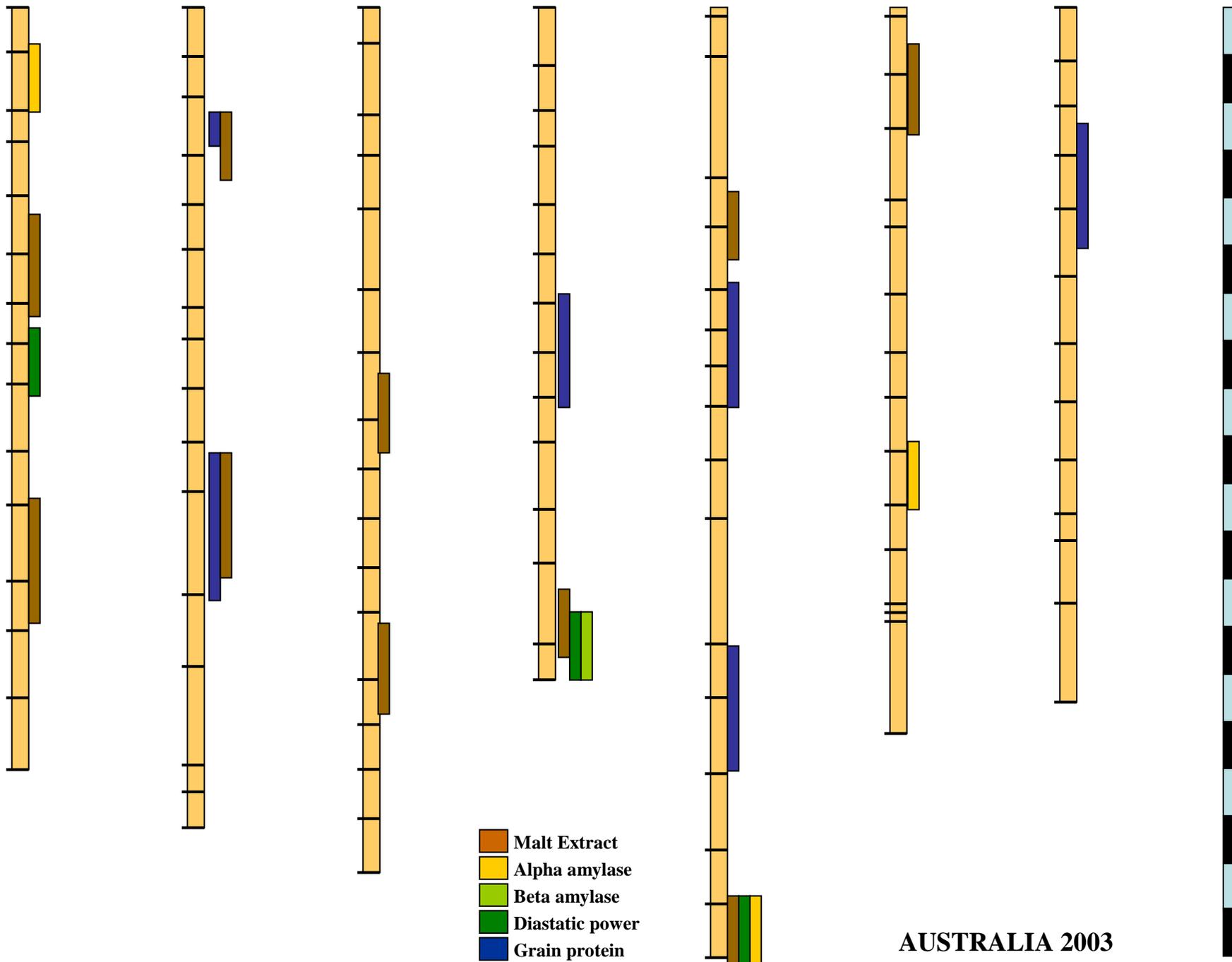
- Población balanceada (DH derivados de una  $F_1$ )
- Mapa de ligamiento de densidad razonable
- Datos fenotípicos



Hayes y Jones, 2000



**Fig. 1.** Chromosomal locations of mapped QTLs controlling malting quality related to the barley consensus linkage map (Qi *et al.* 1996). AA,  $\alpha$ -amylase; AB, starch granule A/B; BG,  $\beta$ -glucan; BGS,  $\beta$ -glucanase; DP, diastatic power; EV, early vigor; FAAN, free amino acid nitrogen; FCD, fine-coarse difference; FM, fermentability; GP, grain protein; KP, kernel plumpness; ME, malt extract; MEN, milling energy; SD, seed dormancy; SP, soluble protein; TW, test weight; VS, wort viscosity.

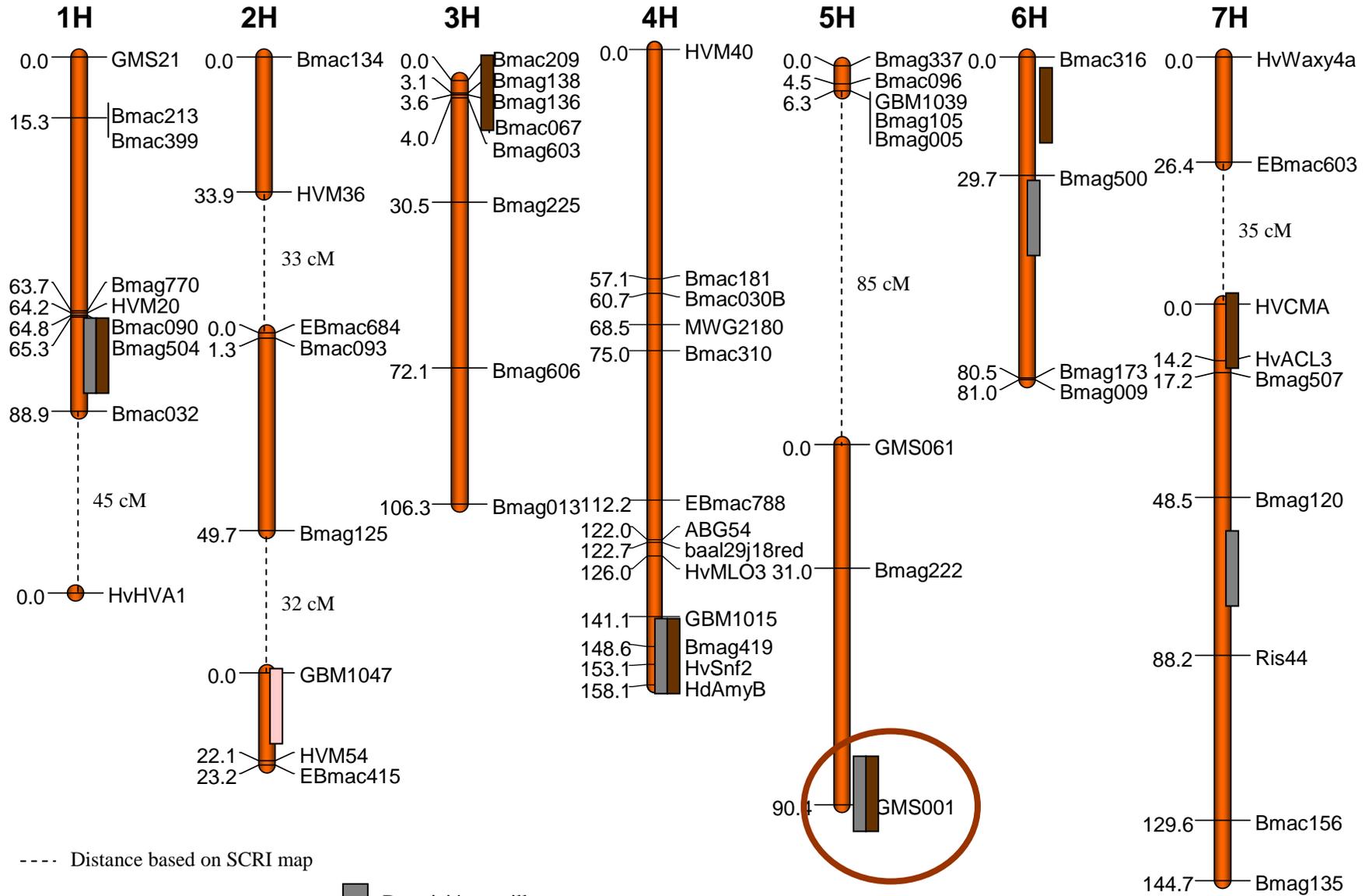


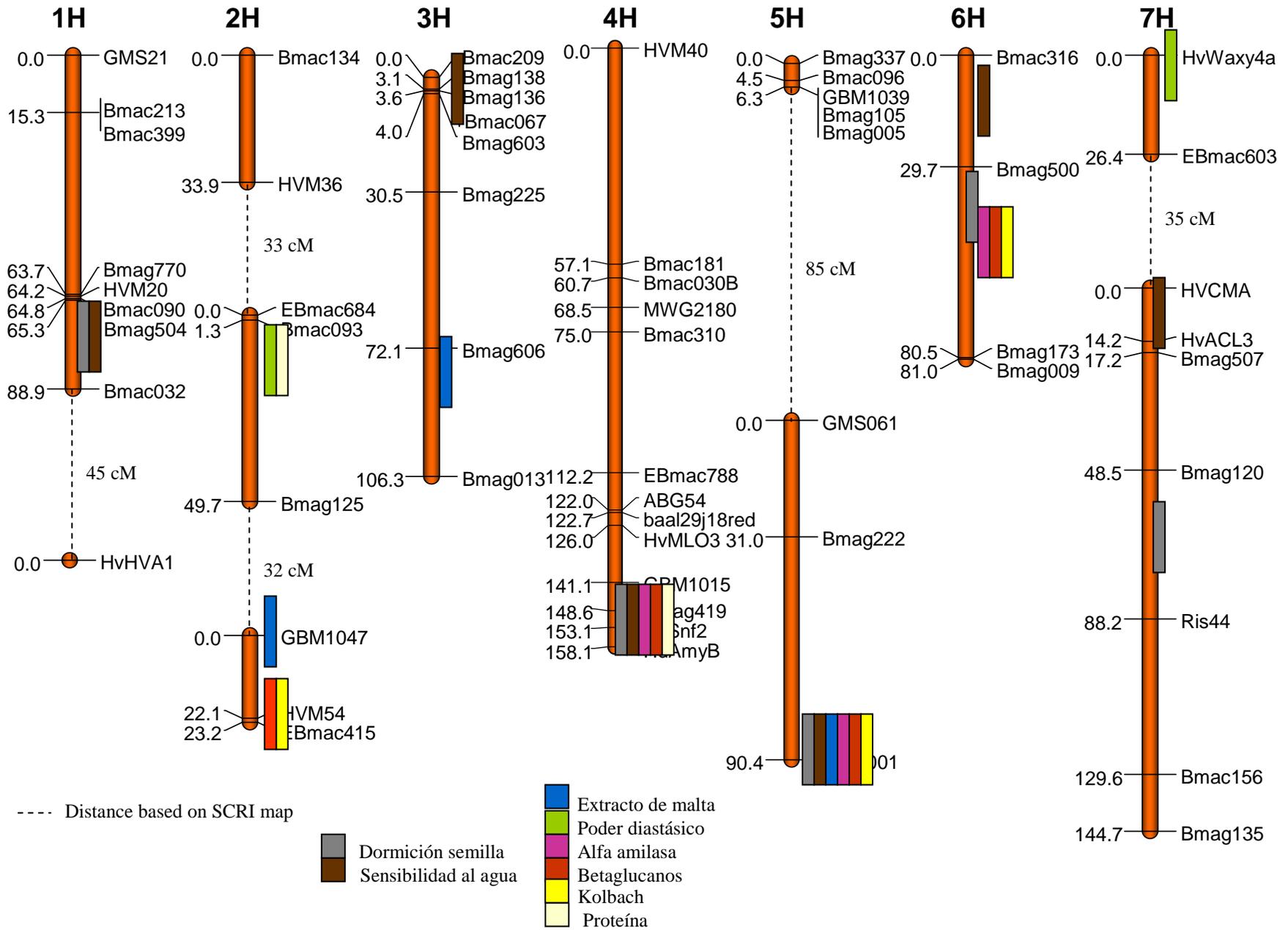
**Germoplasma utilizado (alta incidencia de algunas regiones, baja representatividad del germoplasma centroeuropeo de calidad)**

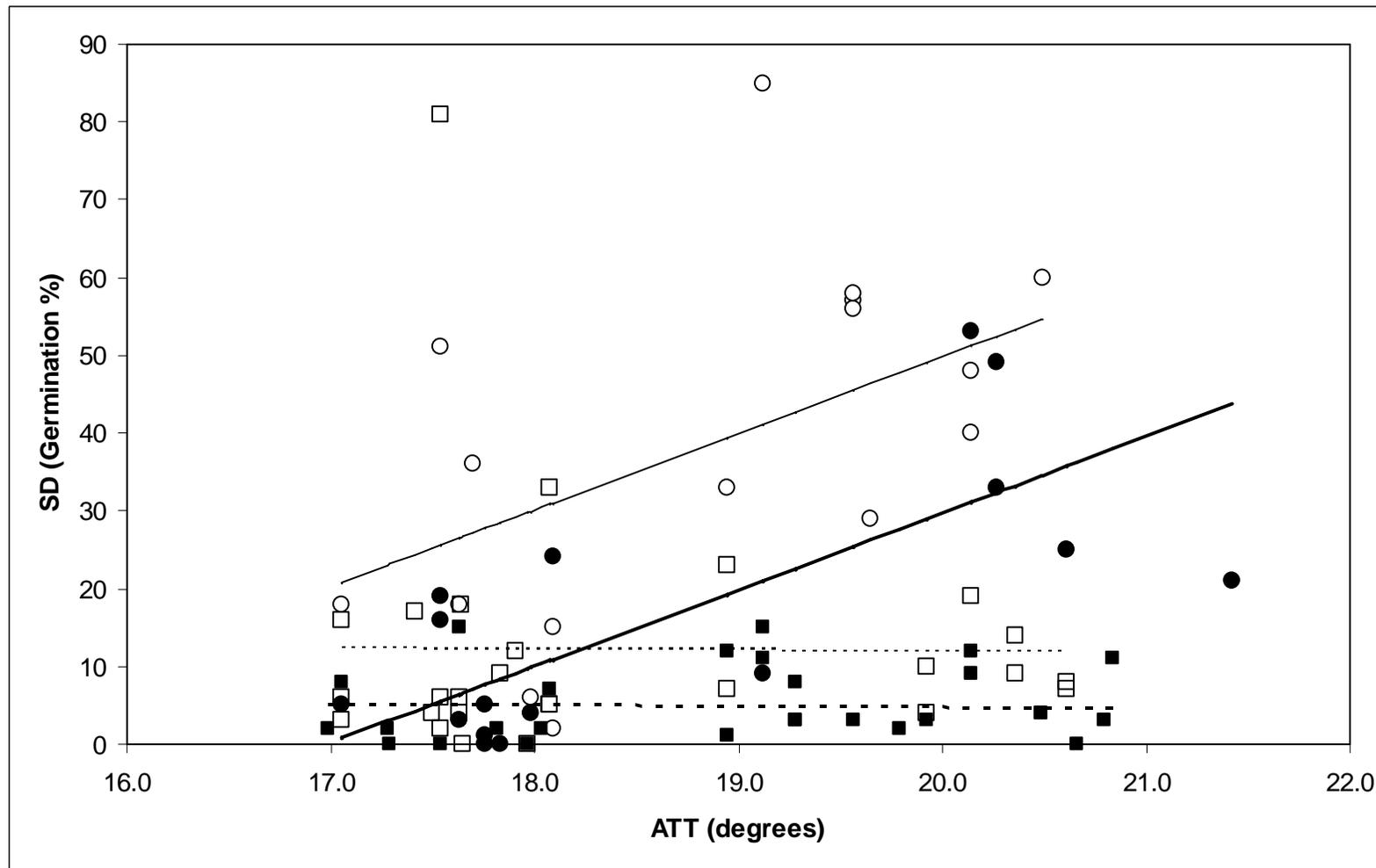
**Poblaciones basadas en cruzas alta/baja calidad**

**Calidad de los datos**

# BCD47/BARONESSE







4H

5H

$r^2 = 0.521$

BCD47

BCD47



BCD47

Baronesse



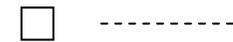
Baronesse

BCD47

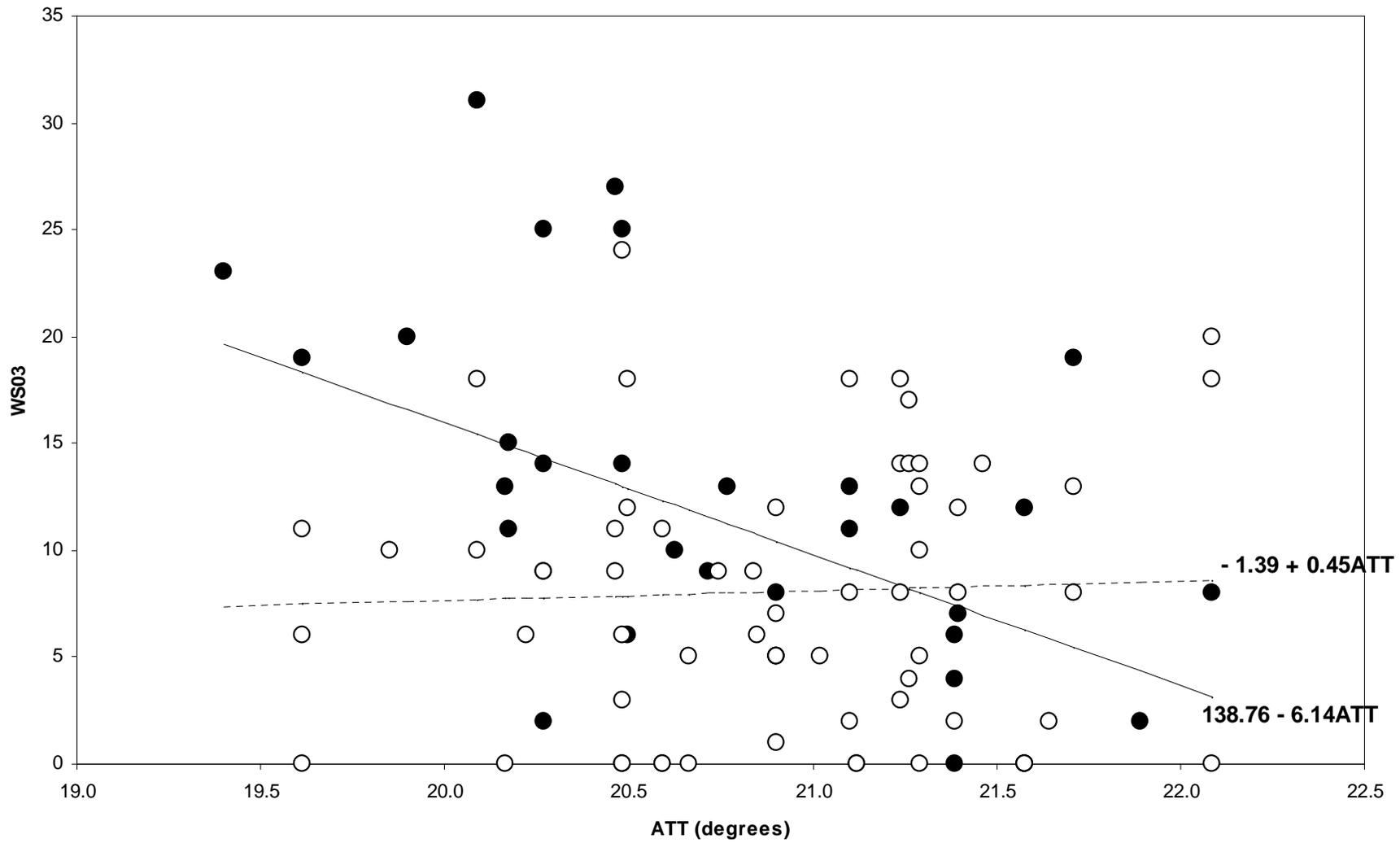


Baronesse

Baronesse



Castro et al., 2010



5H  
 BCD47 ● —  
 Baronesse ○ —

$r^2 = 0.157$

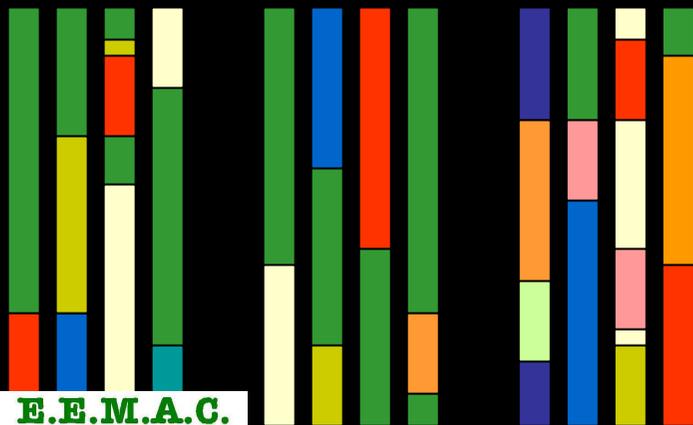
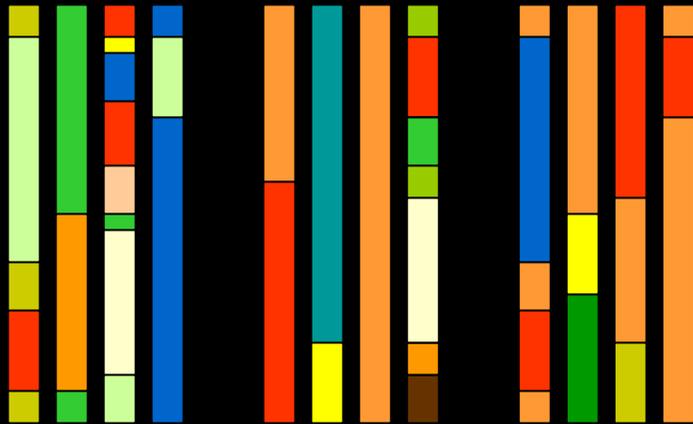
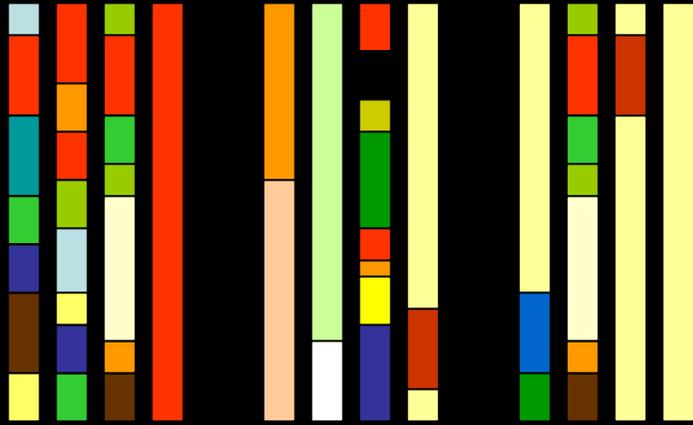
- **Coincidencia de efectos de dormancia, sensibilidad al agua y calidad maltera**
- **QTL en 5H. Consistencia con reportes anteriores. Ligamiento vs. múltiples alelos (Morex/Harrington)**
- **Riesgos de mejorar solo por calidad**

## **PROBLEMAS DEL ANALISIS DE QTL PARA CALIDAD**

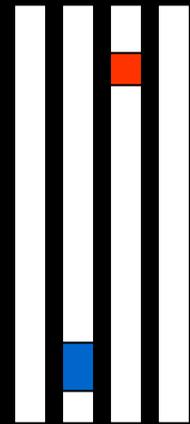
- **Variación limitada a las diferencias entre progenitores**
- **Baja representatividad de las poblaciones (cruzas alta/baja calidad)**
- **Influencia del proceso de micromalteo**
- **Calidad de los datos**

## Herramienta: Mapeo por desequilibrio de ligamiento

- Desarrollada en especies donde el desarrollo de poblaciones segregantes balanceadas presenta dificultades de diverso tipo
- Basada en la caracterización genotípica de poblaciones sin requerimientos particulares
- Inicialmente dirigida a caracteres de efectos relativamente mayores
- Su base esta en el desequilibrio de ligamiento entre genes y marcadores

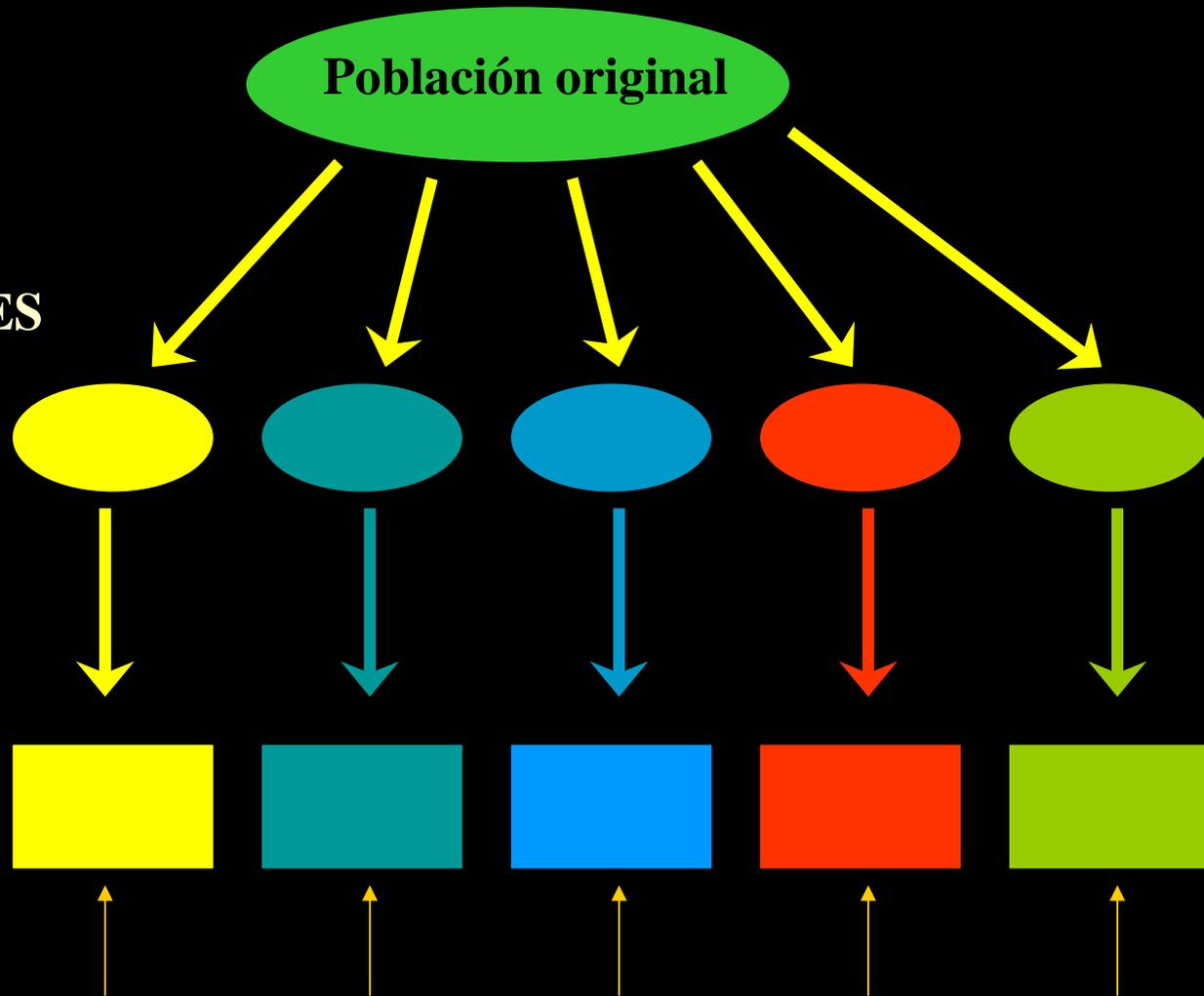


→ **Información Fenotípica** →



## SUBPOBLACIONES

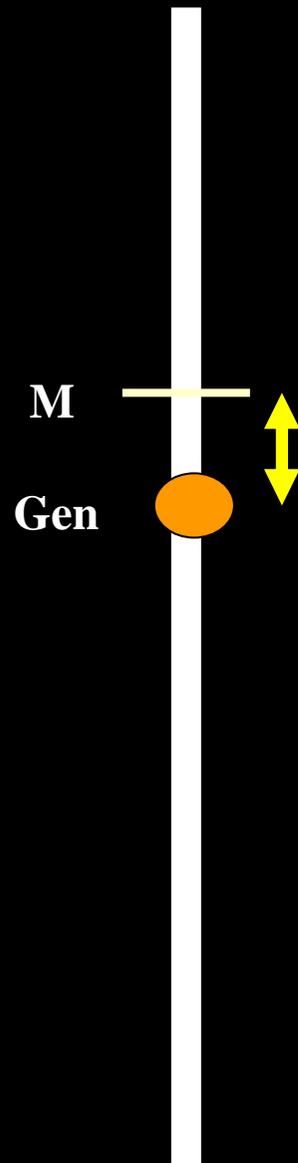
Selección  
Adaptación  
Deriva



**DESEQUILIBRIOS DE LIGAMIENTO ENTRE  
MARCADORES Y EL CARÁCTER DE INTERES**

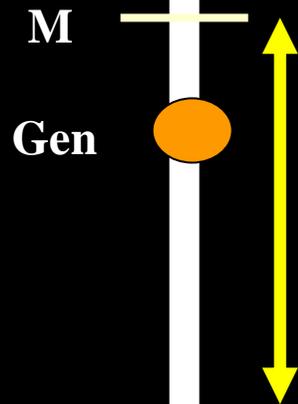
## Causas de DL:

- Expansión de la población a partir de un número reducido de fundadores
- Sub-poblaciones con frecuencias alélicas diferenciadas
- Efectos de presiones de selección
- Interacciones epistáticas favorecidas por la selección

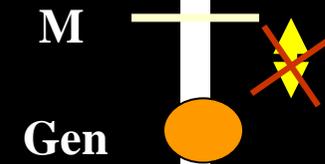


El mantenimiento de la asociación depende del número de recombinaciones desde el evento original

Pocas recombinaciones



Muchas recombinaciones



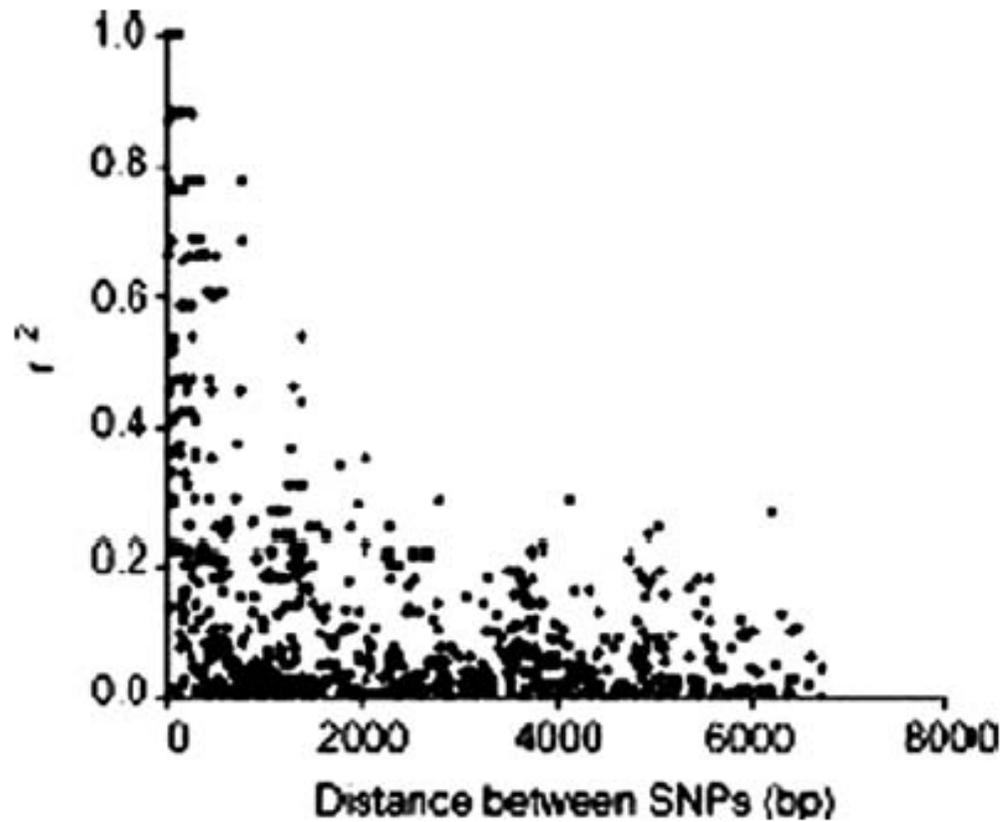


Figure 2. Linkage disequilibrium (LD) decay plot of *shrunken 1* (*sh1*) locus in maize. LD, measured as  $r^2$ , between pairs of polymorphic sites is plotted against the distance between the sites (reproduced with permission from Flint-Garcia *et al.*, 2003).

Table 2. Linkage disequilibrium (LD) in different plant species.

Species	Mating system	LD range
Maize	Outcrossing	0.5–7.0 kb
	Outcrossing	0.4–1.0 kb
Barley	Selfing	10–20 cM
Tetraploid wheat	Selfing	10–20 cM
Rice	Selfing	100 kb
Sorghum	Selfing	< 4 cM
	Selfing	≤10 kb
Sugarcane	Outcrossing/Vegetative propagation	10 cM
<i>Arabidopsis</i>	Selfing	250 kb
Soybean	Selfing	> 50 kb
Sugar beet	Outcrossing	< 3 cM
Potato	Selfing	0.3–1.0 cM
Lettuce	Selfing	~200 kb
Grape	Vegetative propagation	> 500 bp
Norway spruce	Outcrossing	~100–200 bp
Loblolly pine	Outcrossing	100–150 bp
Loblolly pine	Outcrossing	~1500 bp

Gupta et al., 2005

## Ventajas

- No requiere el desarrollo de poblaciones segregantes
- Permite el uso de una base genética más amplia
- Permite utilizar bases de datos ya generadas para el conjunto de materiales en estudio
- Permite una estrategia de acumulación de información y ampliación de la base

## Estructura

- Causa asociaciones marcador/variable no debidas a una cercanía física
- Puede deberse a frecuencias alélicas originales diferentes entre sub-poblaciones, evoluciones diferenciadas por variables no asociadas (2H-6H/contenido de proteína)
- Debería ser considerada en el análisis (covariable)

**Representatividad de las poblaciones**

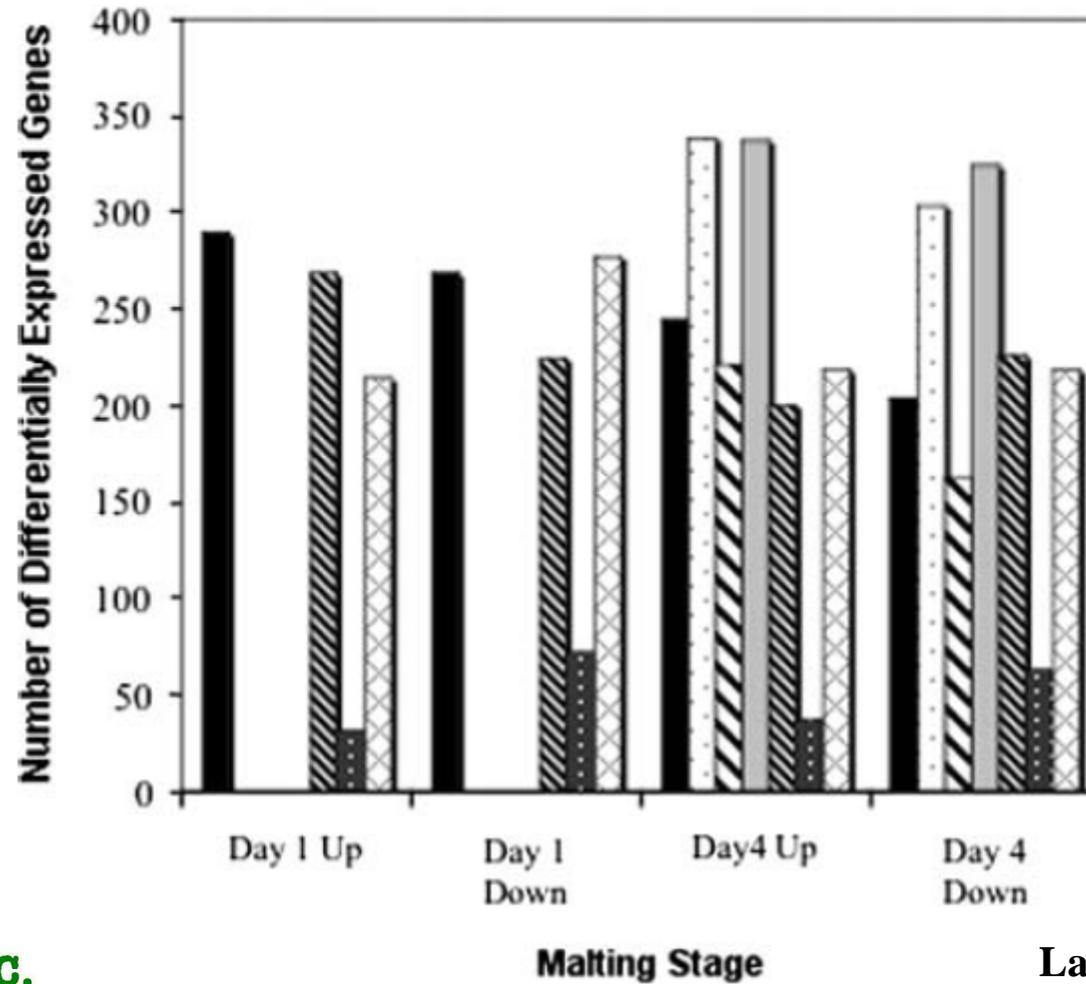
**Influencia del proceso de micromalteo**

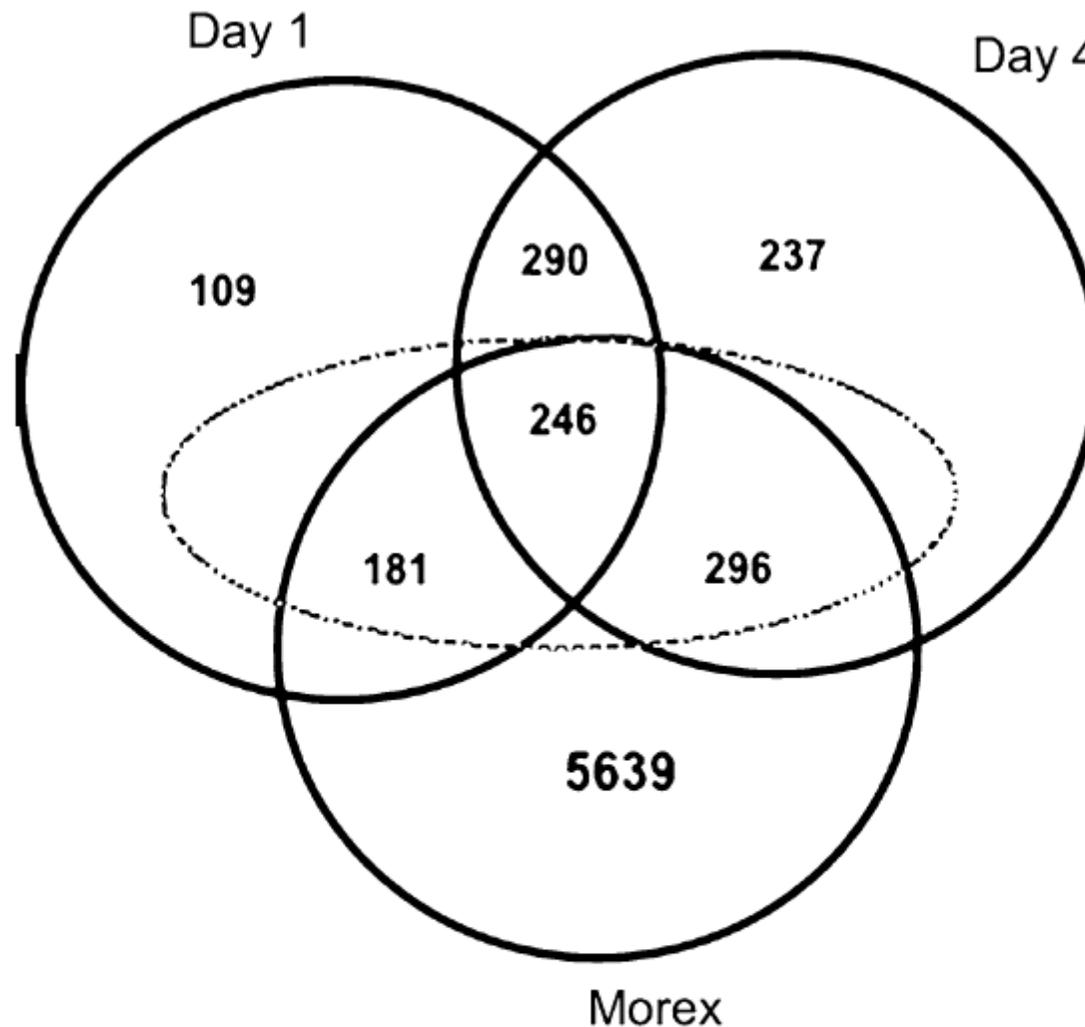
**Condiciones ambientales**

**Redescubrir lo ya hecho**

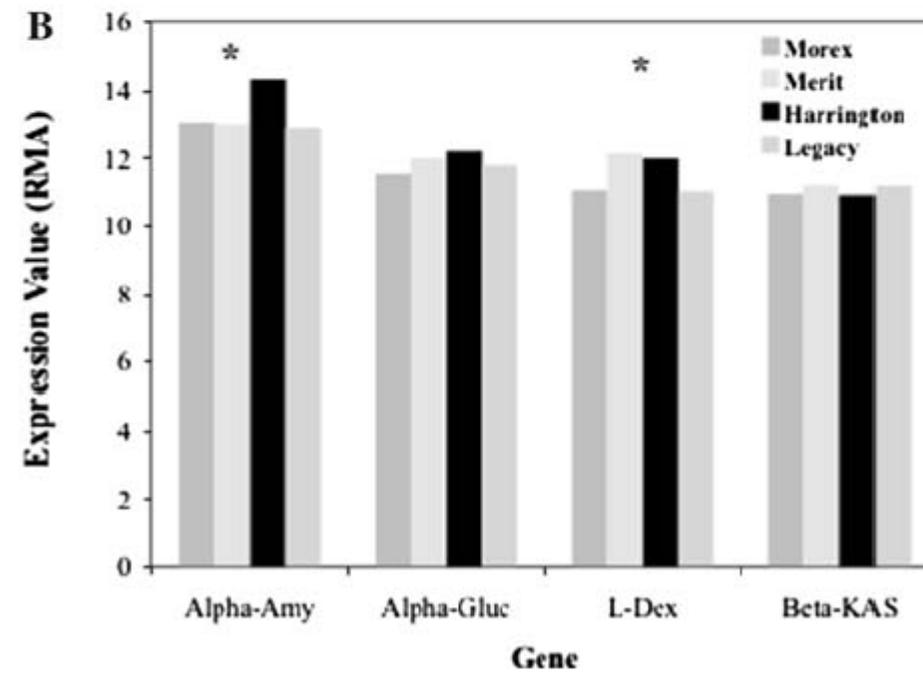
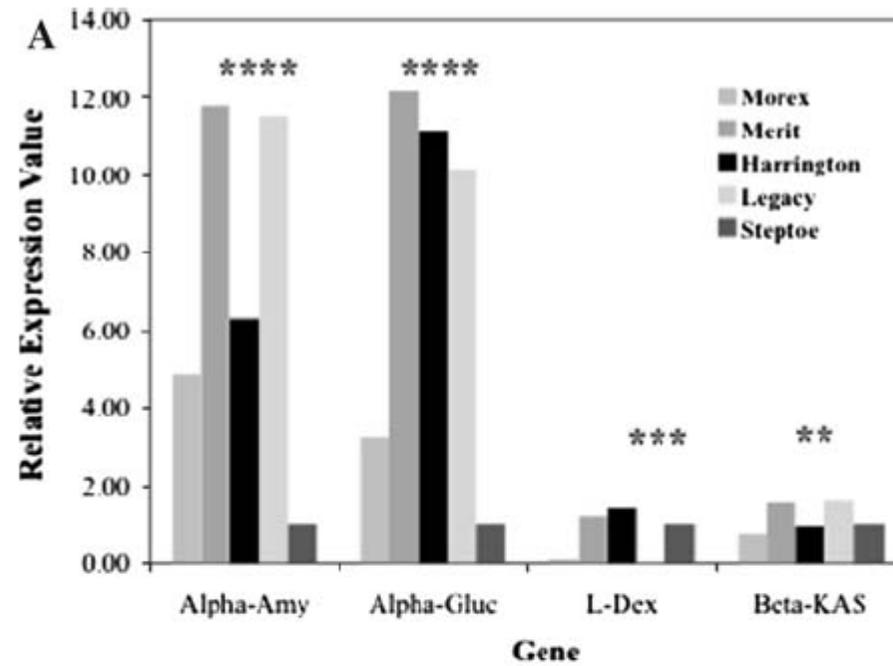
**Descubrir lo obvio?**

- 6 row vs. 2 row
- Harrington vs. Legacy
- ▨ Harrington vs. Merit
- ▩ Harrington vs. Morex
- ▤ Legacy vs. Merit
- Legacy vs. Morex
- ▧ Merit vs. Morex





**Fig. 3** Venn diagram showing the overlap between differentially expressed genes in four malting stages of Morex, and differentially expressed genes in the cultivars-comparisons for day 1 and day 4. The broken-lined ellipse shows the 723 genes that overlapped between the Morex malting stages, day 1 cultivars-comparisons, and day 4 cultivars-comparisons. Expression levels of these 723 genes were used to correlate with malting quality phenotypes



**Table 4** Summary of genes showing positive (+) or negative (-) correlations with six malting quality phenotypes

Stage	$\alpha$ -amylase		Diastatic power		Free amino nitrogen		Fine extract		Malt protein		S/T protein	
	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-
Day 1	8	10	38	55	9	15	27	72	37	14	8	15
Day 4	6	10	49	54	7	22	30	64	30	14	5	23
Total	12	19	72	85	15	33	47	102	54	26	11	34

**Mapa de efectos: regiones complicadas, regiones “sencillas”**

**Regiones conservadas?**

**Selección de progenitores y planificación de cruzas**

**Selección genómica?**

**Resignificación del análisis de QTL “tradicional”**