

# **Identificación de QTLs asociados a fenología 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 responsables de la fenología 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 posibilidades**

## EL PROBLEMA

	FNC 6-1 FNC I22	MN 599	Quebracho	Clipper
Biomasa Total (Kg/ha)	> 12000	> 12000	> 12000	> 12000
<b>Índice de Cosecha</b>	<b>0.328</b>	0.375	<b>0.426</b>	0.378
Espigas/m <sup>-2</sup>	<b>&lt;500</b>	<b>&lt;500</b>	>600	<b>&gt;600</b>
Granos/espiga	>25	20-25	20-25	<b>&lt;20</b>
Peso de mil granos (g)	44.7	49.3	<b>49.1</b>	47.1
Ciclo a espigazón	M-L	M	C	M
<b>Llenado de grano</b>	32.	33	<b>36</b>	32
1a.+2a.	95	97	<b>96</b>	94
<b>Fertilidad de macollos (%)</b>	72	<b>52</b>	<b>63</b>	65

Castro et al., 1995

## EL PROBLEMA

	Rendimiento (Kg/ha)	Índice de cosecha	Porcentaje de 1a + 2a
	1992	1992	1992
PFC 86109	5791	0.401	95.3
Berit	5959	0.442	88.9
Berolina	5979	0.422	89.3
LCI 176	5848	0.367	89.0
Quebracho	5625	0.433	95.3
Bowman	5388	0.407	95.5

Castro et al., 1997

## EL PROBLEMA

	Rendimiento (Kg/ha)		Índice de cosecha		Porcentaje de 1a + 2a	
	1992	1993	1992	1993	1992	1993
PFC 86109	5791	3829	0.401	<b>0.349</b>	95.3	<b>87.7</b>
Berit	5959	<b>3229</b>	0.442	0.377	88.9	86.8
Berolina	5979	3957	0.422	0.375	89.3	<b>82.9</b>
LCI 176	5848	3528	0.367	<b>0.292</b>	89.0	<b>84.6</b>
Quebracho	5625	3887	0.433	<b>0.426</b>	95.3	<b>95.0</b>
Bowman	5388	4149	0.407	0.381	95.5	<b>97.1</b>

Castro et al., 1997

## **EL PROBLEMA**

- Es el componente genético el determinante?
- Cuales son las bases genéticas de la fenología?
- La asociación entre ciclo/llenado/tamaño de grano, está basada en efectos pleiotrópicos en sentido amplio?

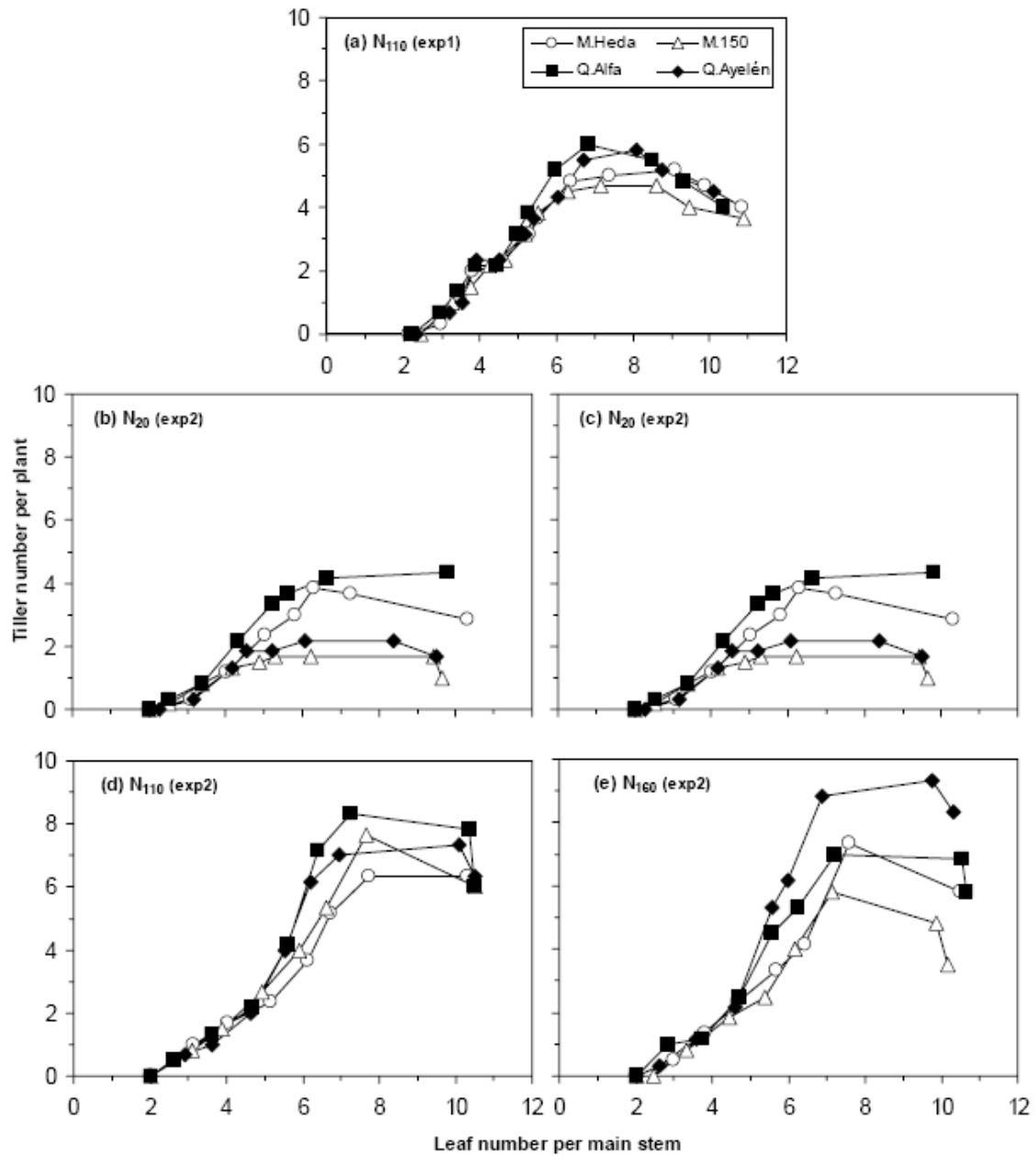
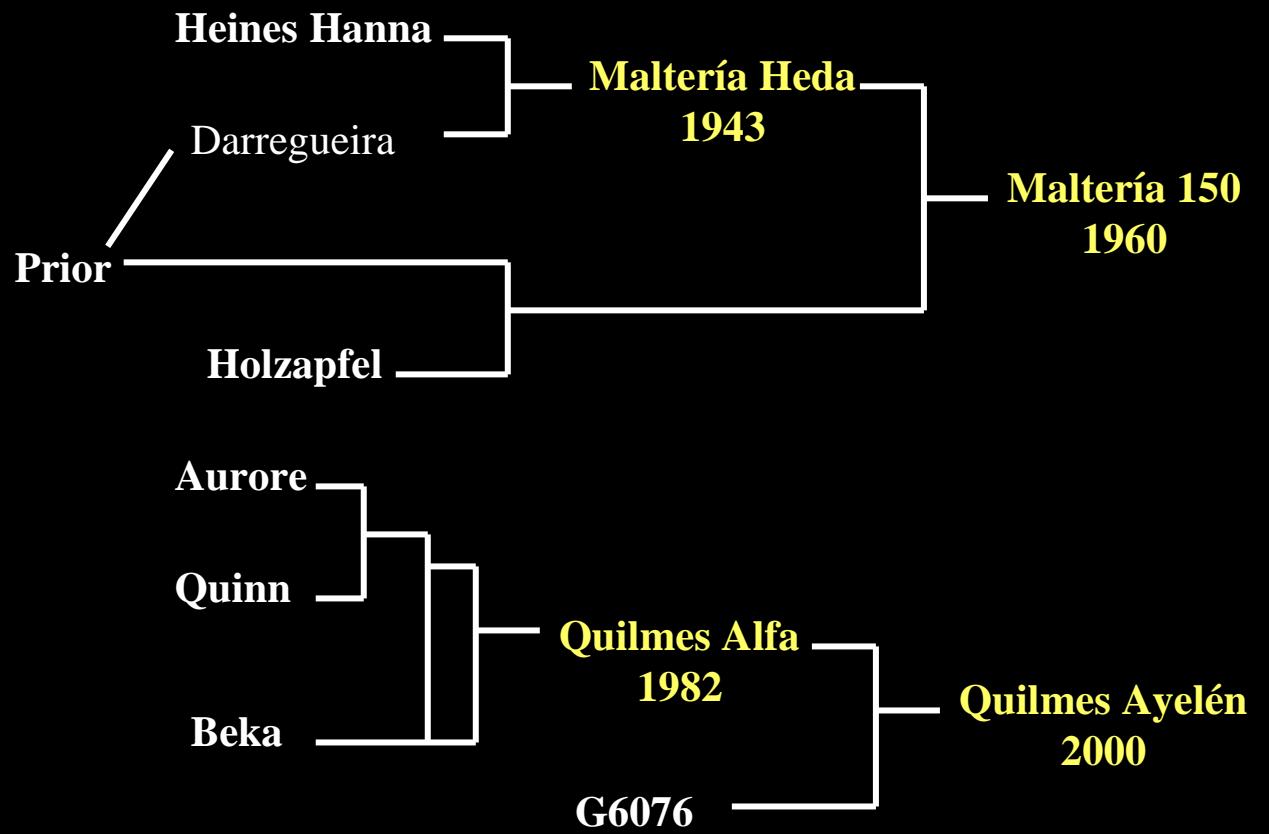


Fig. 3. Relationship between tiller number per plant and leaf number on main stem in four barley cultivars of barley released at different eras in Argentina (M. Heda—released in 1944, M. 150—1966, Q. Alfa—1982, and Q. Ayelén—1998), grown under different levels of nitrogen ( $20, 50, 110, 160 \text{ kg N ha}^{-1}$ ). Data correspond to the experiments carried out in 1999 and 2000.

Abeledo et al., 2003



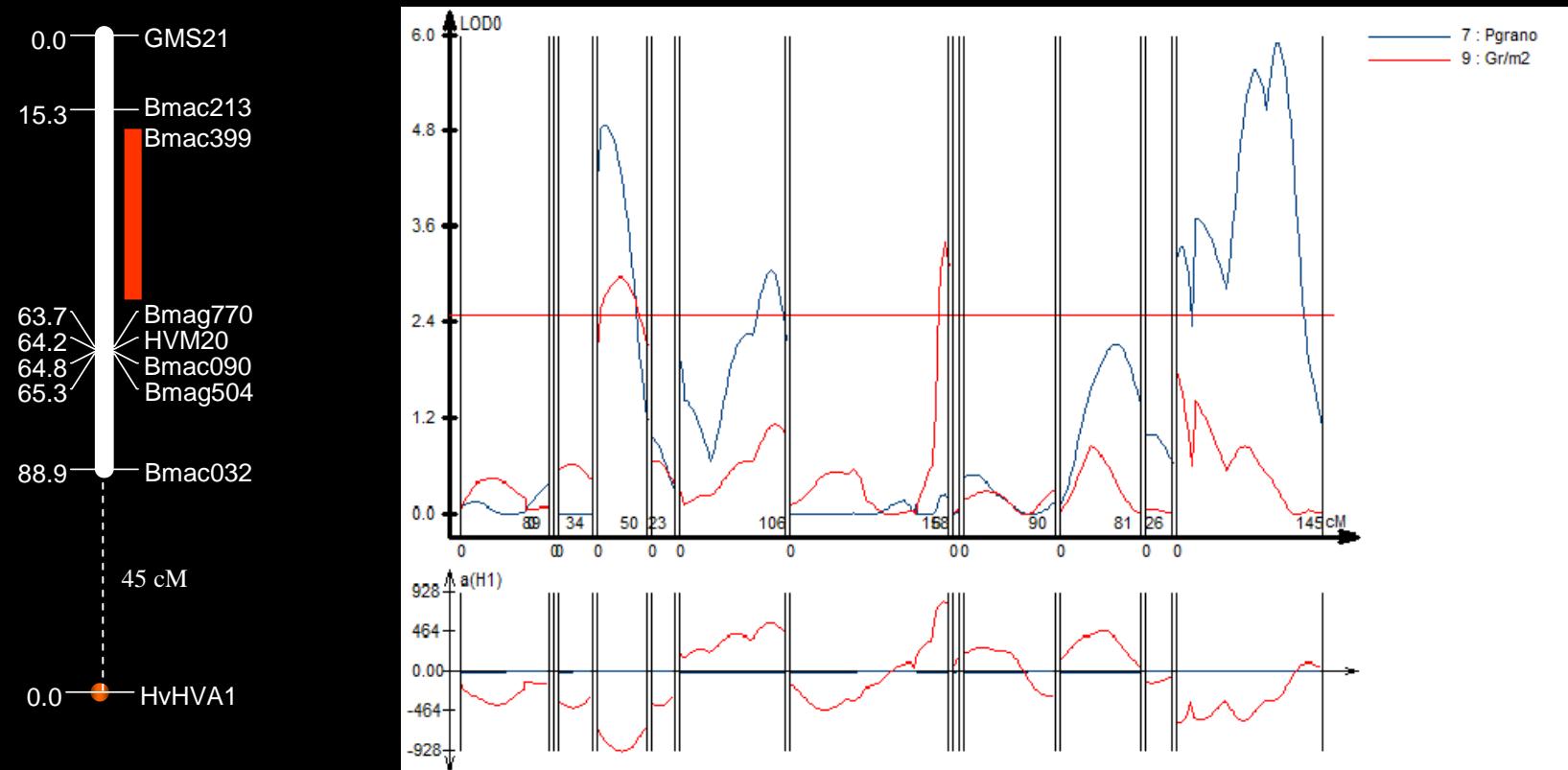
	<b>Maltería Heda</b>	<b>Maltería 150</b>	<b>Quilmes Alfa</b>
<b>Maltería 150</b>	<b>0.0066</b>	<b>0.4375</b>	
<b>Quilmes Alfa</b>	<b>0.0132</b>		
<b>Quilmes Ayelén</b>	<b>0.0066</b>		<b>0.3750</b>

## **EL PROBLEMA**

- Cuales son los genes involucrados en la evolución observada?
- Cual es el “flujo” de incorporación/salida de genes?
- Cuales son las relaciones causa/efecto que explican el fenómeno observado?

## HERRAMIENTAS

**QTL (Quantitative trait locus):** Locus que afecta un carácter cuantitativo  
(Geldermann, 1975)



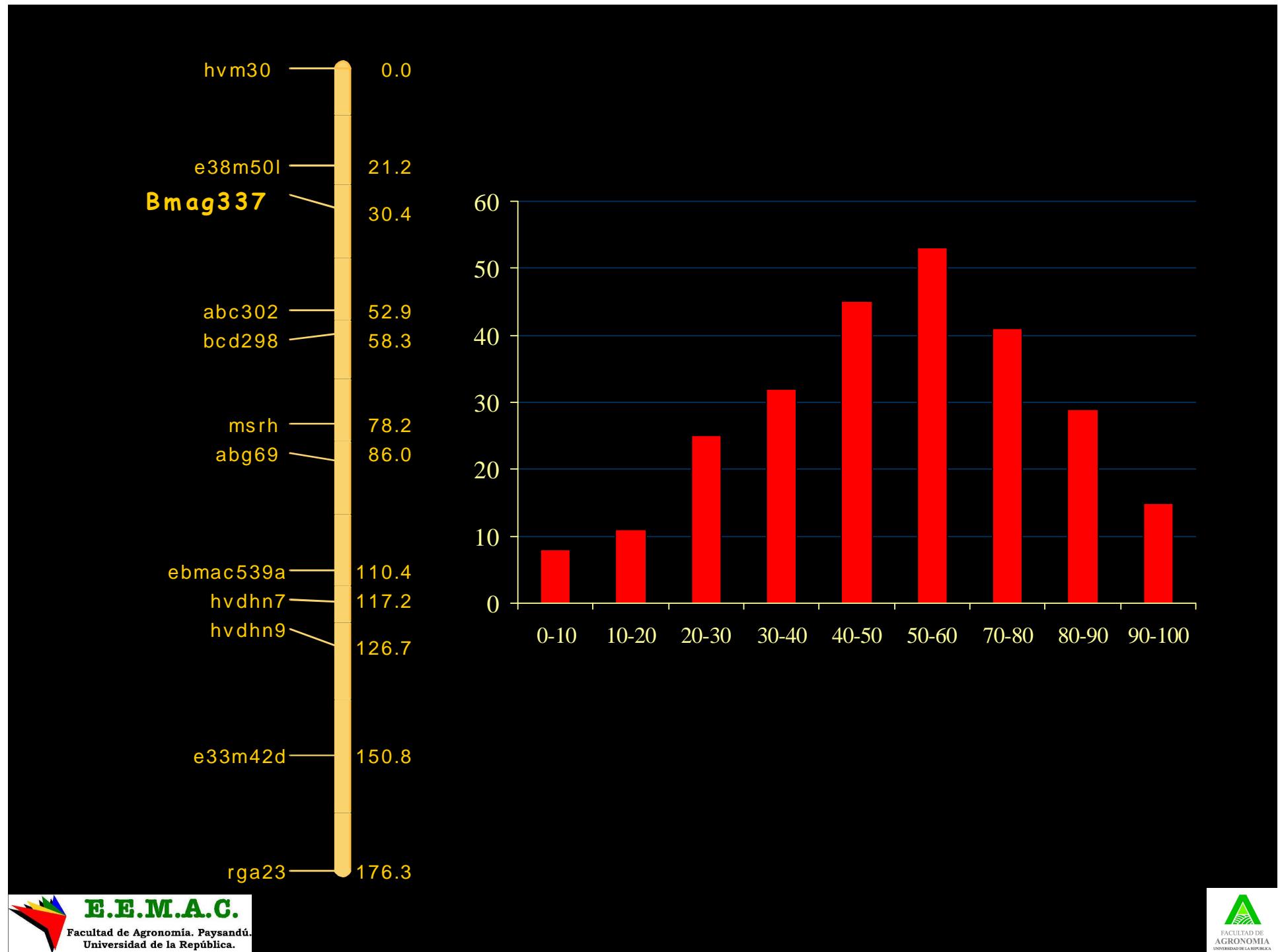
## HERRAMIENTAS

### NUMERO DE FACTORES

- **Teoría clásica:** Estimación teórica basada en supuestos como efectos aditivos, loci no ligados, efectos equivalentes, etc.
- **Análisis de QTL:** La determinación del número de factores es simultánea a la definición de la ubicación.

### LOCALIZACION DE FACTORES

- **Teoría clásica:** Sin información.
- **Análisis de QTL:** Basado en los datos genotípicos (marcadores)



Marcador:

Cualquier fenotipo con máxima penetrancia, nulo o cercano a nulo efecto ambiental en su expresión y que permita la identificación en forma clara y eficiente.

En otras palabras cualquier variable de herencia monogénica y distribución cualitativa.

Ejemplos:

Caracteres mendelianos (tipo “liso/rugoso”)

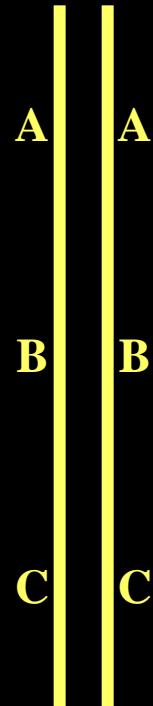
Variaciones enzimáticas (isoenzimas)

Variaciones en la secuencia génica

## **ANALISIS DE QTL**

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

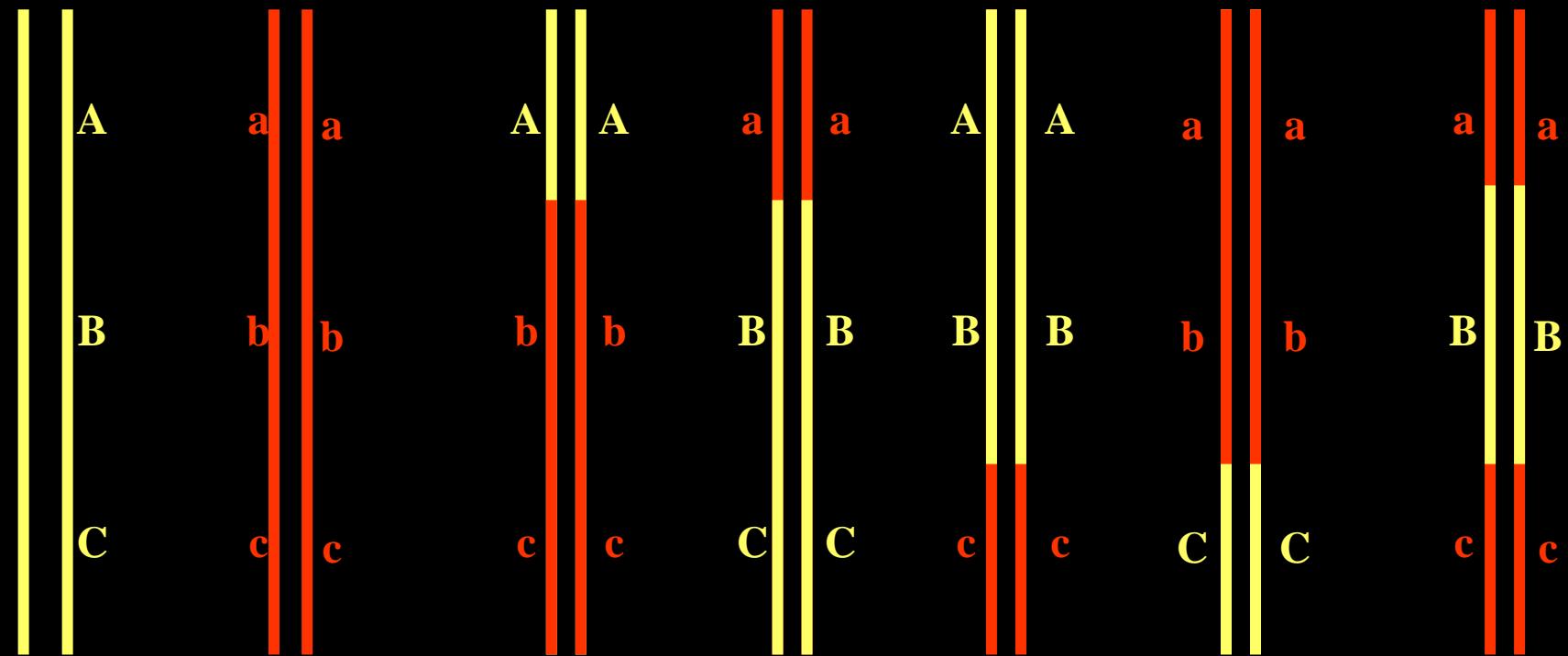
Línea A

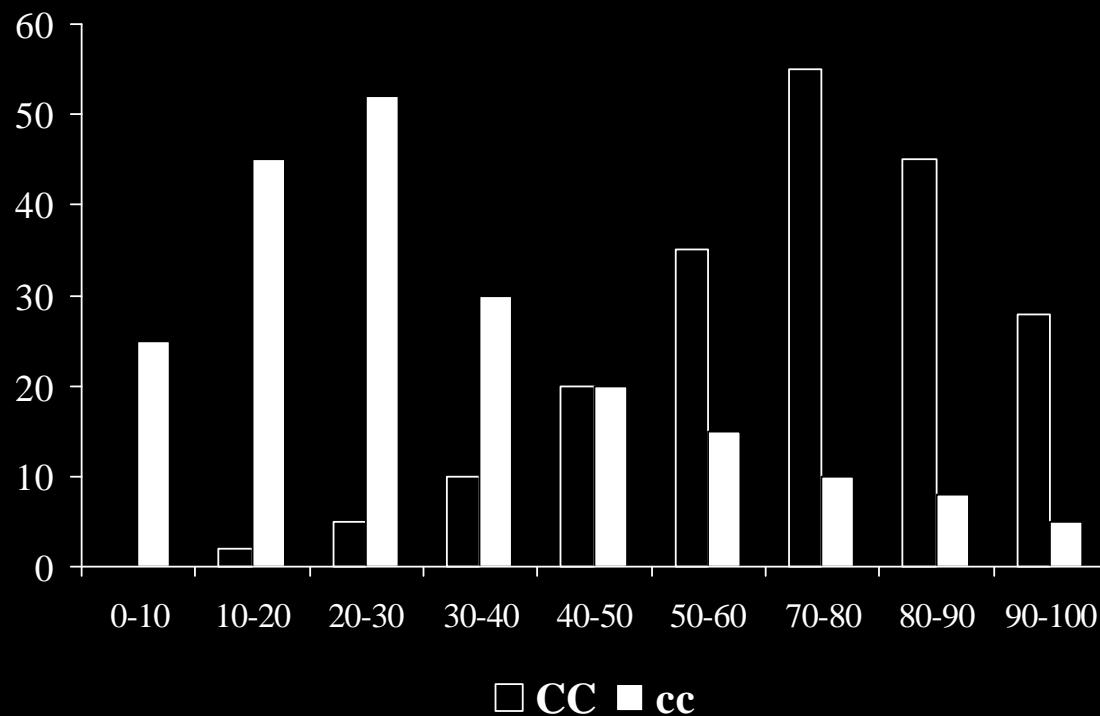


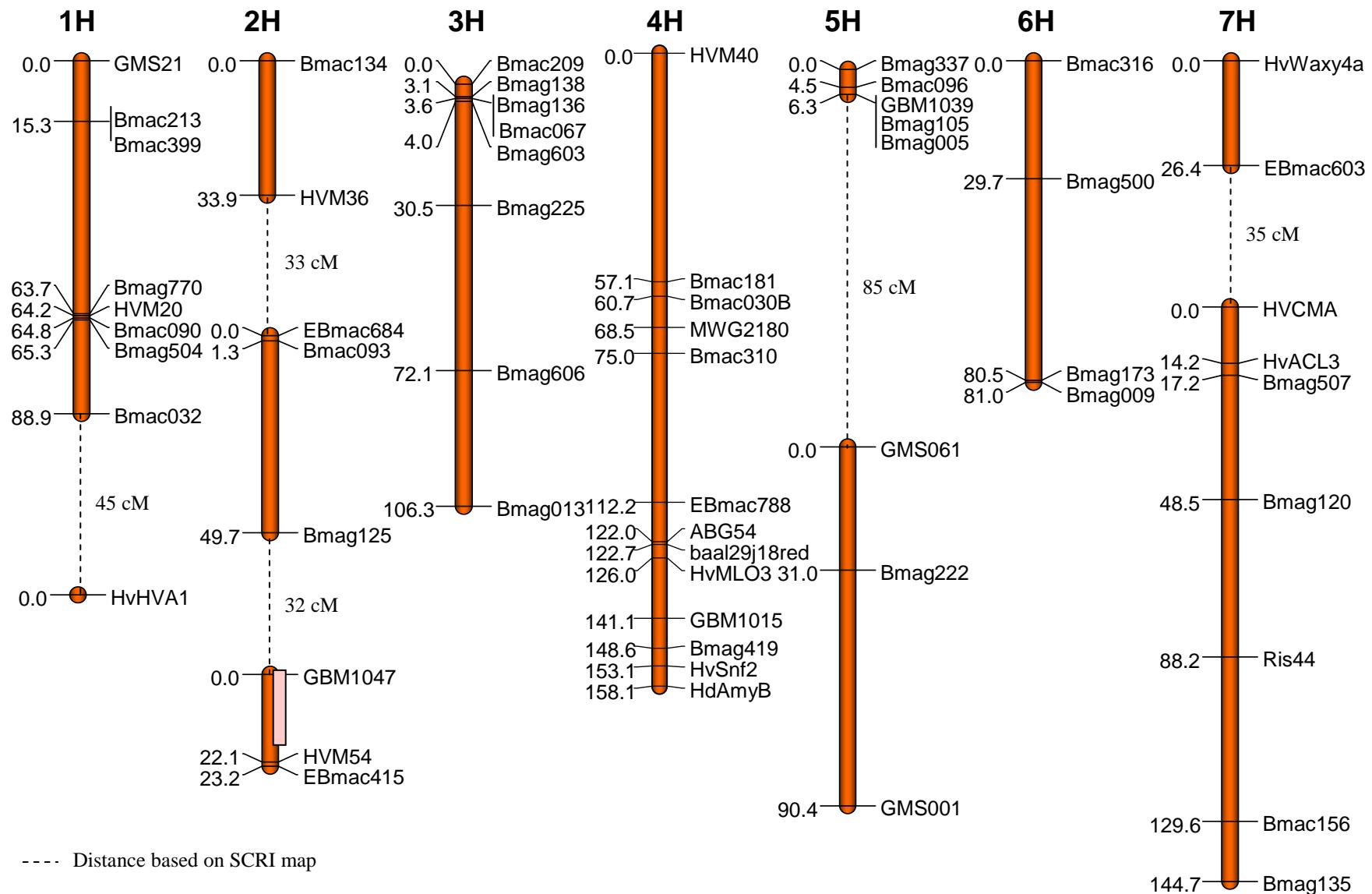
Línea B



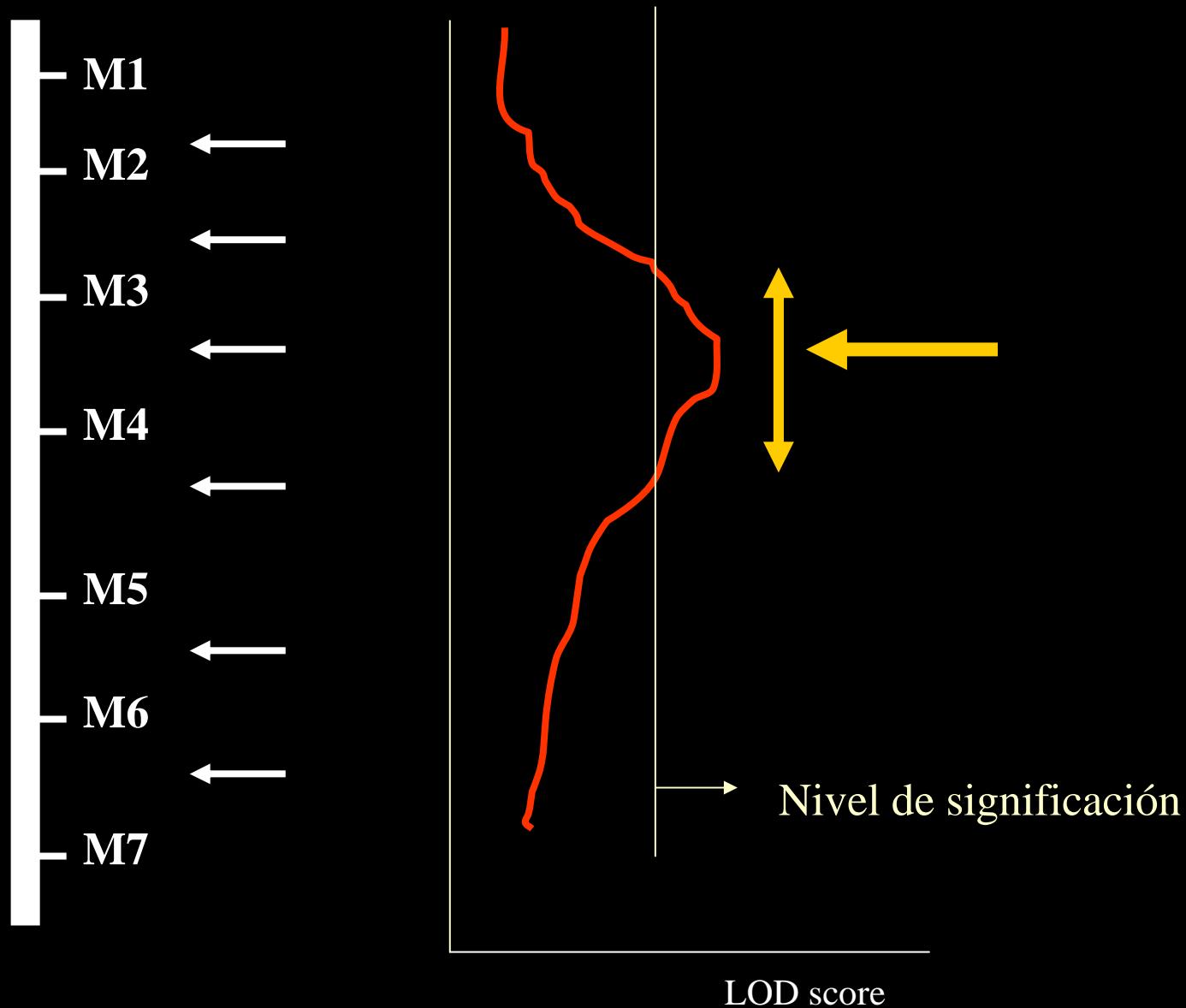
Las diferencias entre los padres no pueden ser asignadas a ningún marcador polimórfico en particular





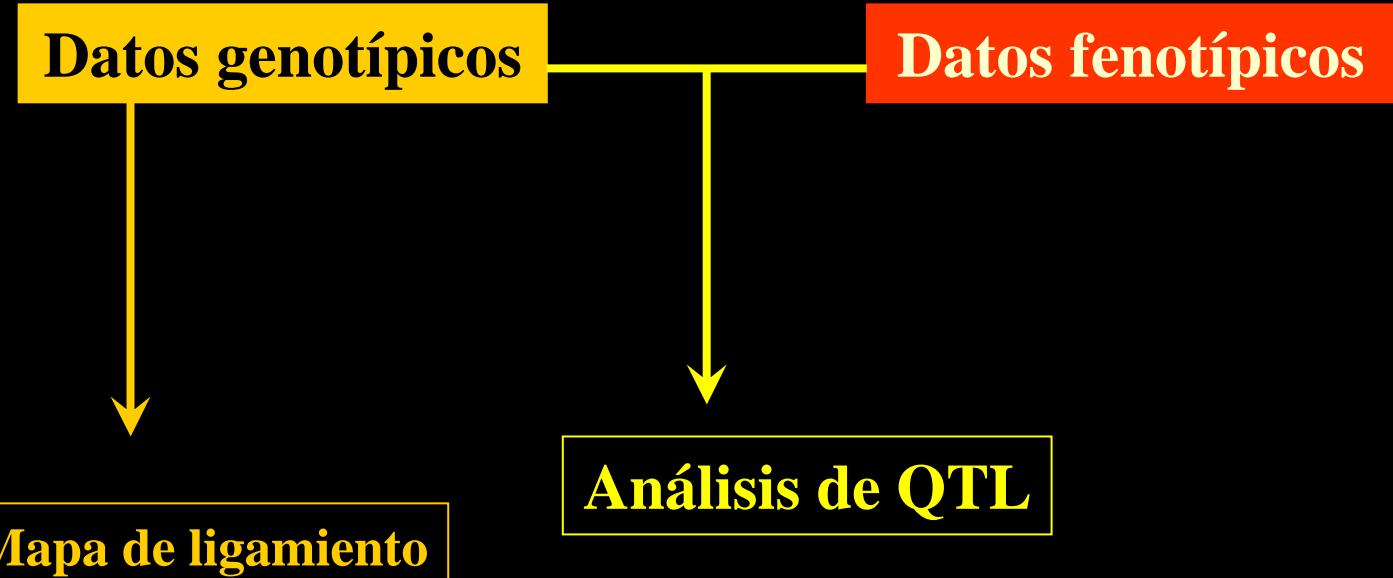


Distancia	Marcador	Individuos								
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
0	Ris44	B	A	B	A	B	A	A	A	A
1.5	ABG1	B	A	A	A	B	A	B	A	A
10.3	EBmac357	A	B	A	A	B	A	A	B	B
15.7	Rph7	A	B	B	A	B	A	B	B	B
28.9	Bmac011	A	B	A	B	B	B	B	B	A
30.1	MWG023	B	B	A	B	B	B	A	B	A
33.3	MWG586	B	B	A	A	A	B	B	A	A
48.5	ABC879	B	B	A	A	A	A	B	A	A
64.0	ABG307	A	B	A	A	A	A	B	B	A
71.3	HVM032	A	A	B	A	A	A	A	B	A
79.5	HvmBmy	A	A	B	A	A	B	A	B	A
87.2	Bmag3078	A	A	B	A	A	B	A	A	A



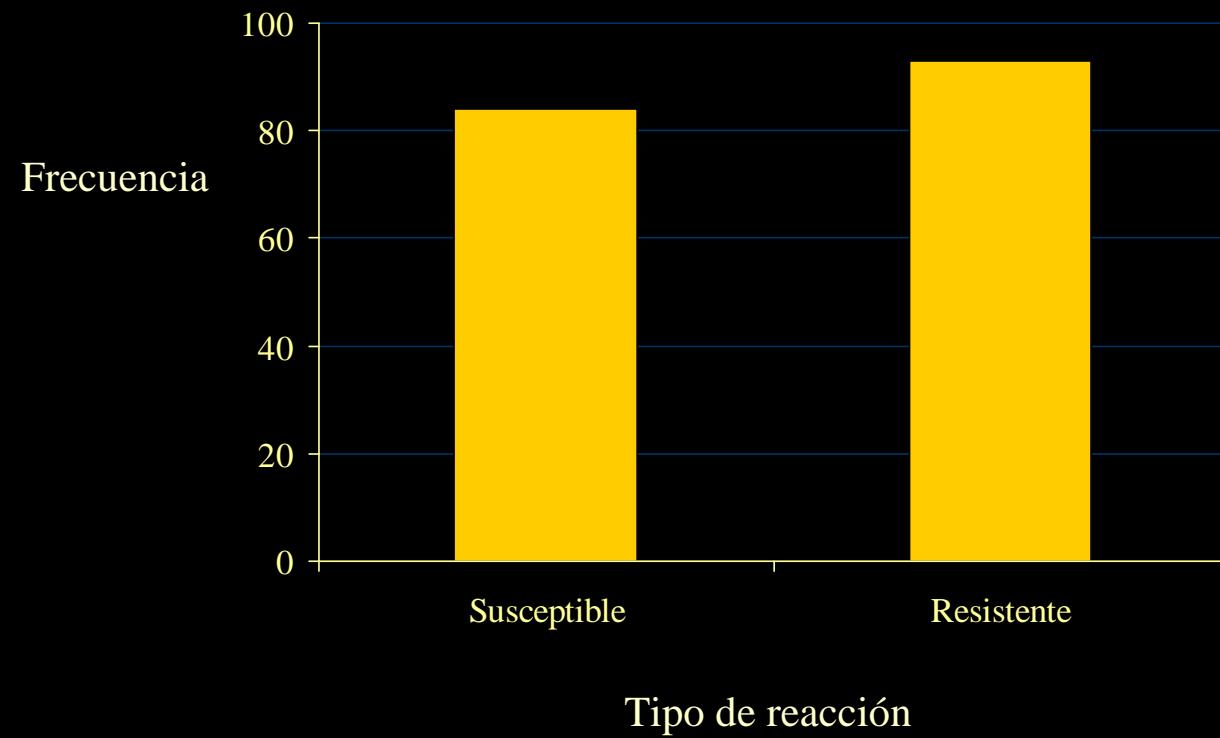
## **PROBLEMAS DEL ANALISIS DE QTL**

- Poblaciones segregantes y balanceadas
- Mapeo de polimorfismos
- Tamaño de población
- Determinación del mapa de ligamientos y el análisis de QTL con los mismos datos
- Calidad de los datos



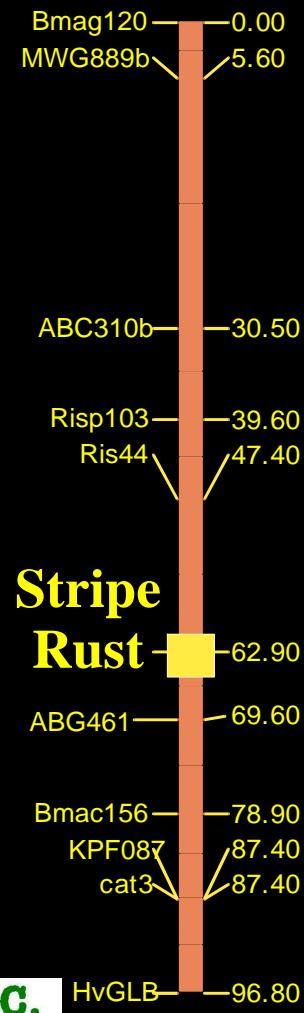
## Características cualitativas

Definimos caracteres de herencia cualitativa aquellos determinados por un uno o pocos genes, y que se distribuyen en forma cualitativa



## Características cualitativas

- Pueden ser ubicados directamente en el mapa de ligamiento



CEBADA

Población: CI 10987 x Galena

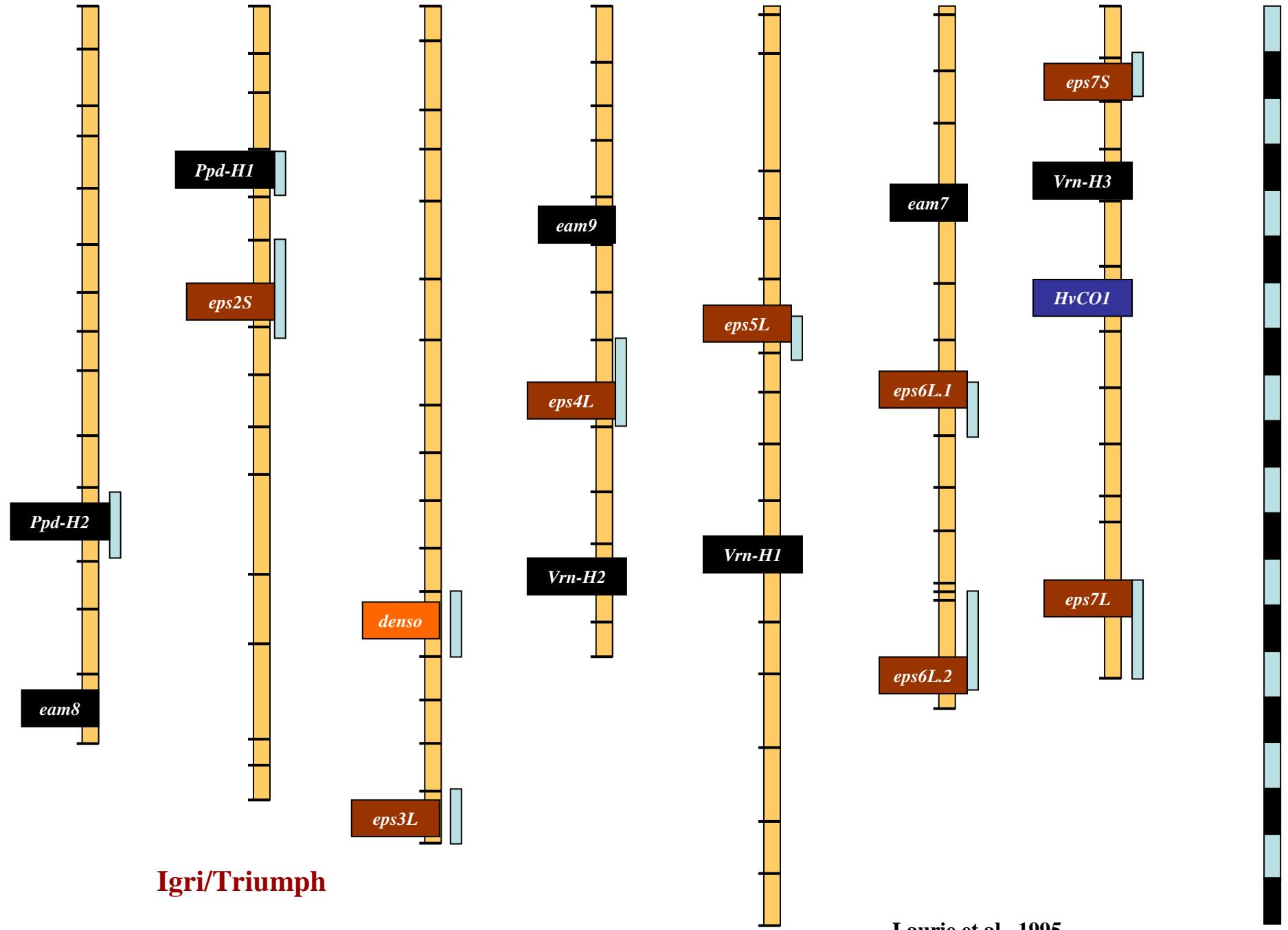
Resistencia a roya estriada

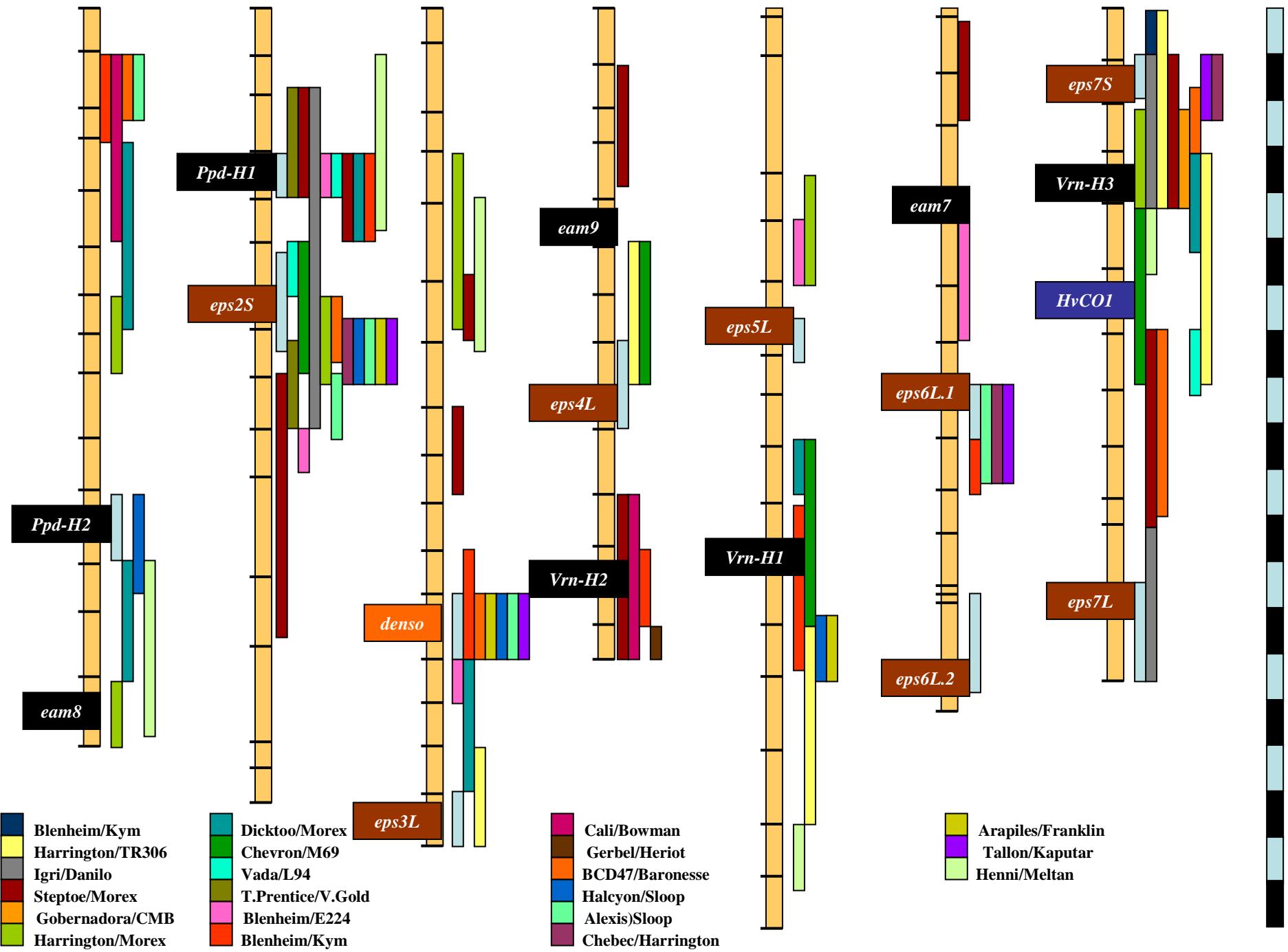
<b>Gen</b>	<b>Función</b>	<b>Marcador</b>	<b>Crom.</b>	<b>Distancia</b>
<i>Amo1</i>	Almidón c/alta amilosa	RFLP	1(7H)	2
<i>Bmy 1</i>	Actividad de $\beta$ amilasa	STS	4(4H)	0
<i>Glb(x7)</i>	(1-3) $\beta$ glucanasa	RFLP, PCR	3(3H)	
<i>Ipa1</i>	Contenido de a.fítico	STS	2(2H)	0
<i>Sh</i>	Respuesta vernalización	RFLP	4(4H)	1
<i>Sh2</i>	Respuesta vernalización	RFLP	5(1H)	5

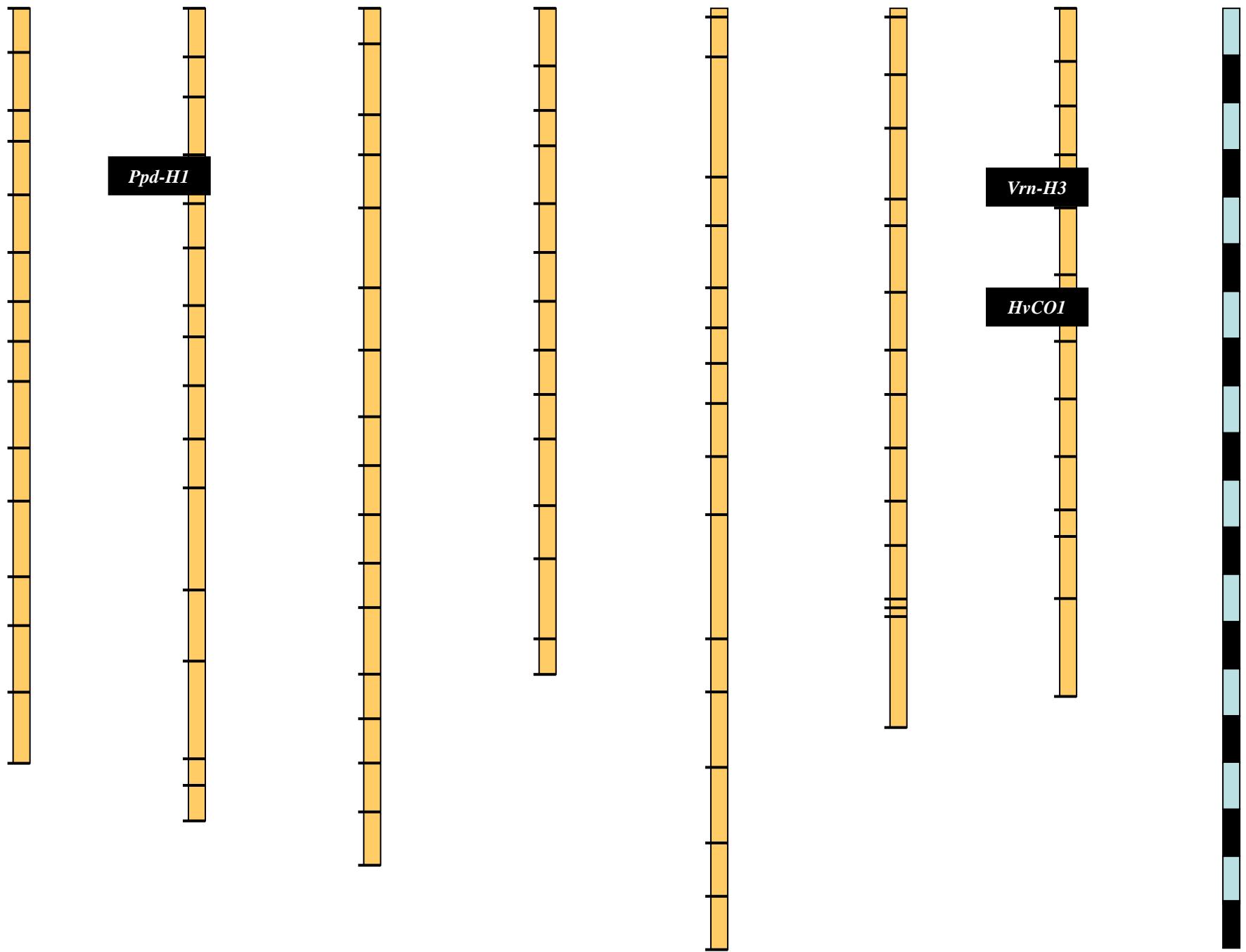
Thomas, 2002

## ALGUNOS RESULTADOS, ALGUNAS IDEAS

- QTLs para fenología en cebada
- Análisis de QTL como vía para estudiar efectos específicos
- Análisis de QTL como vía para estudiar correlaciones genéticas



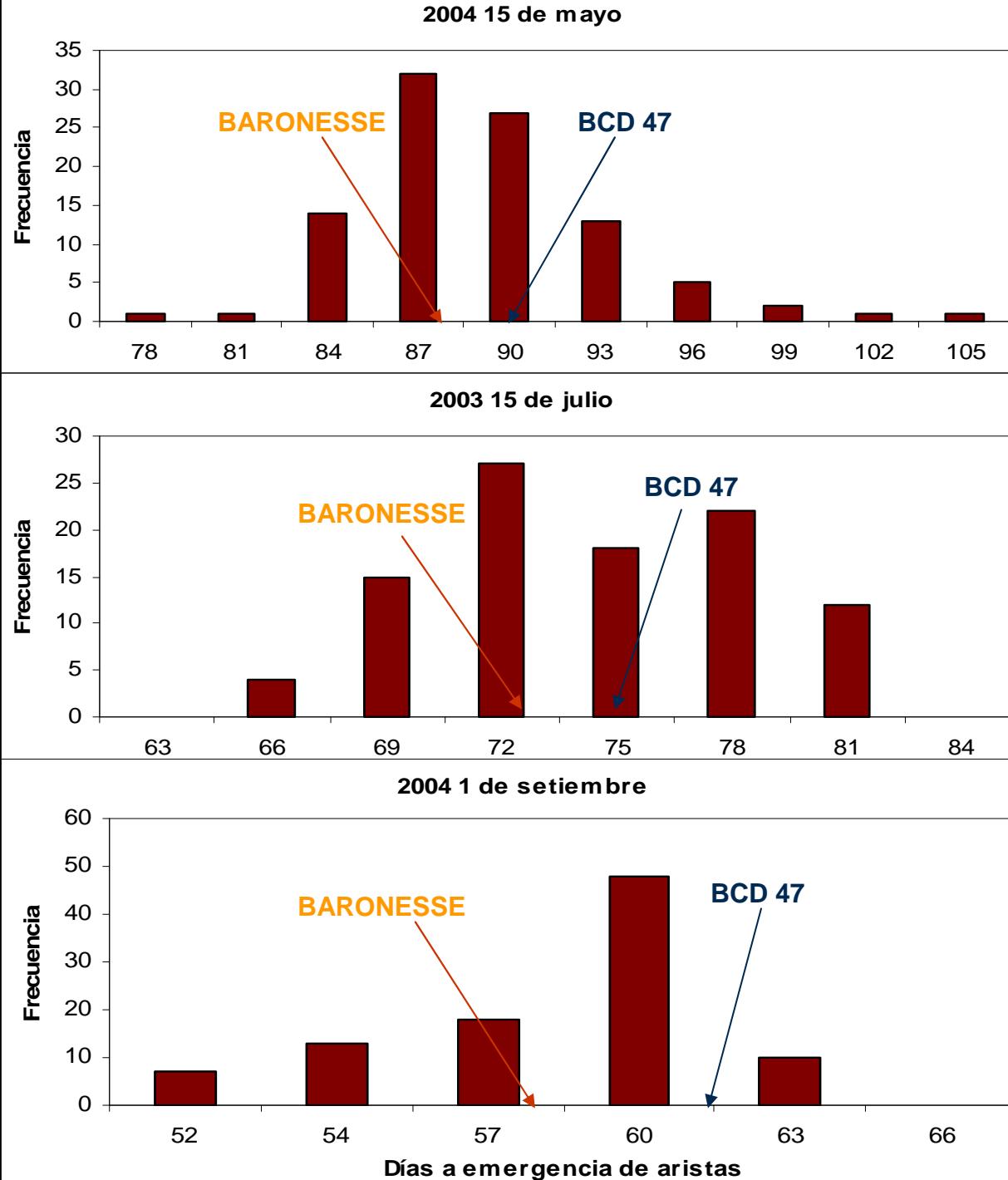




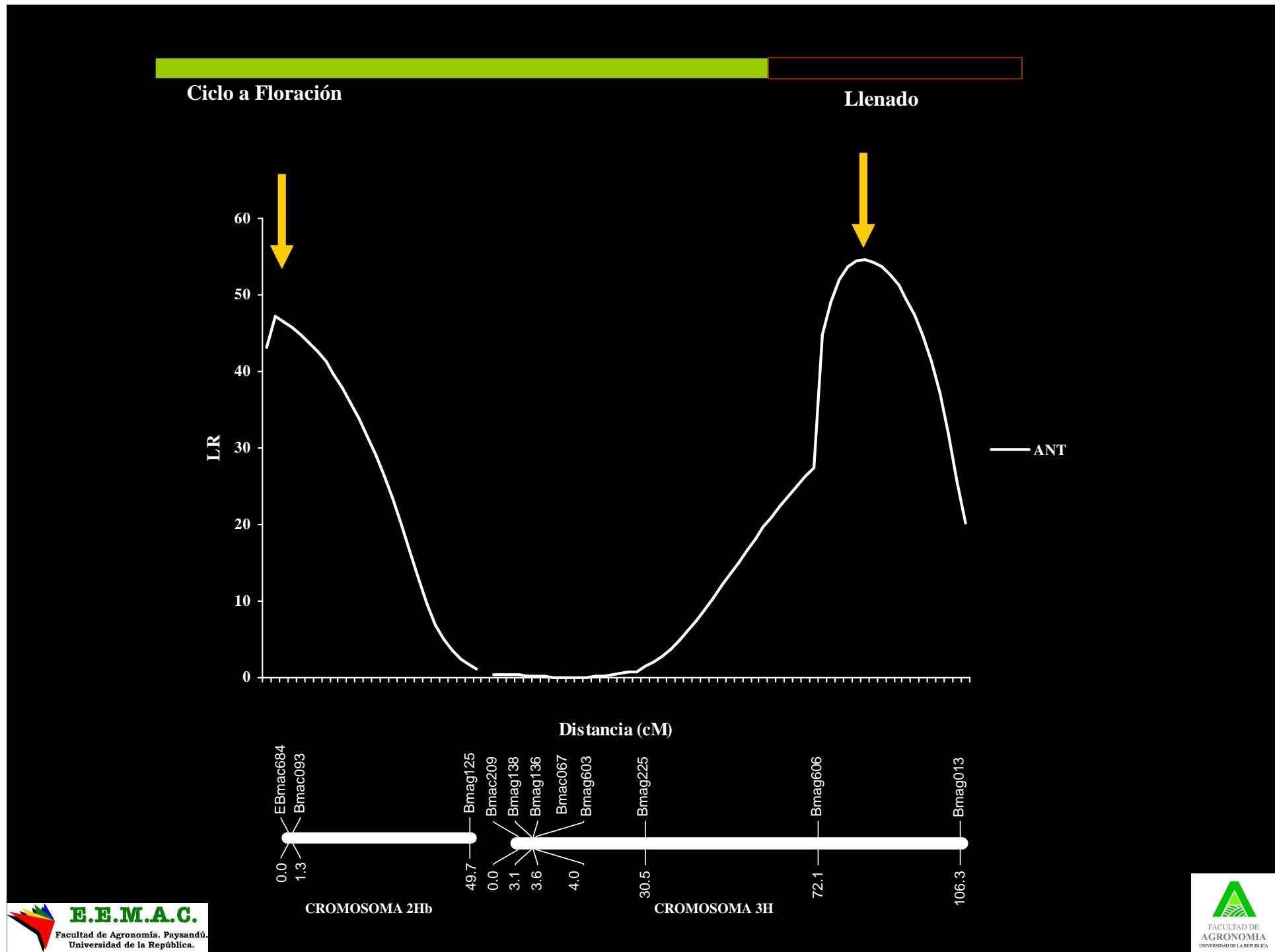
Proporción de la variación total para fecha de floración en 220 genotipos de cebada de primavera explicada por la variación detectada dentro de tres genes asociados con la fenología

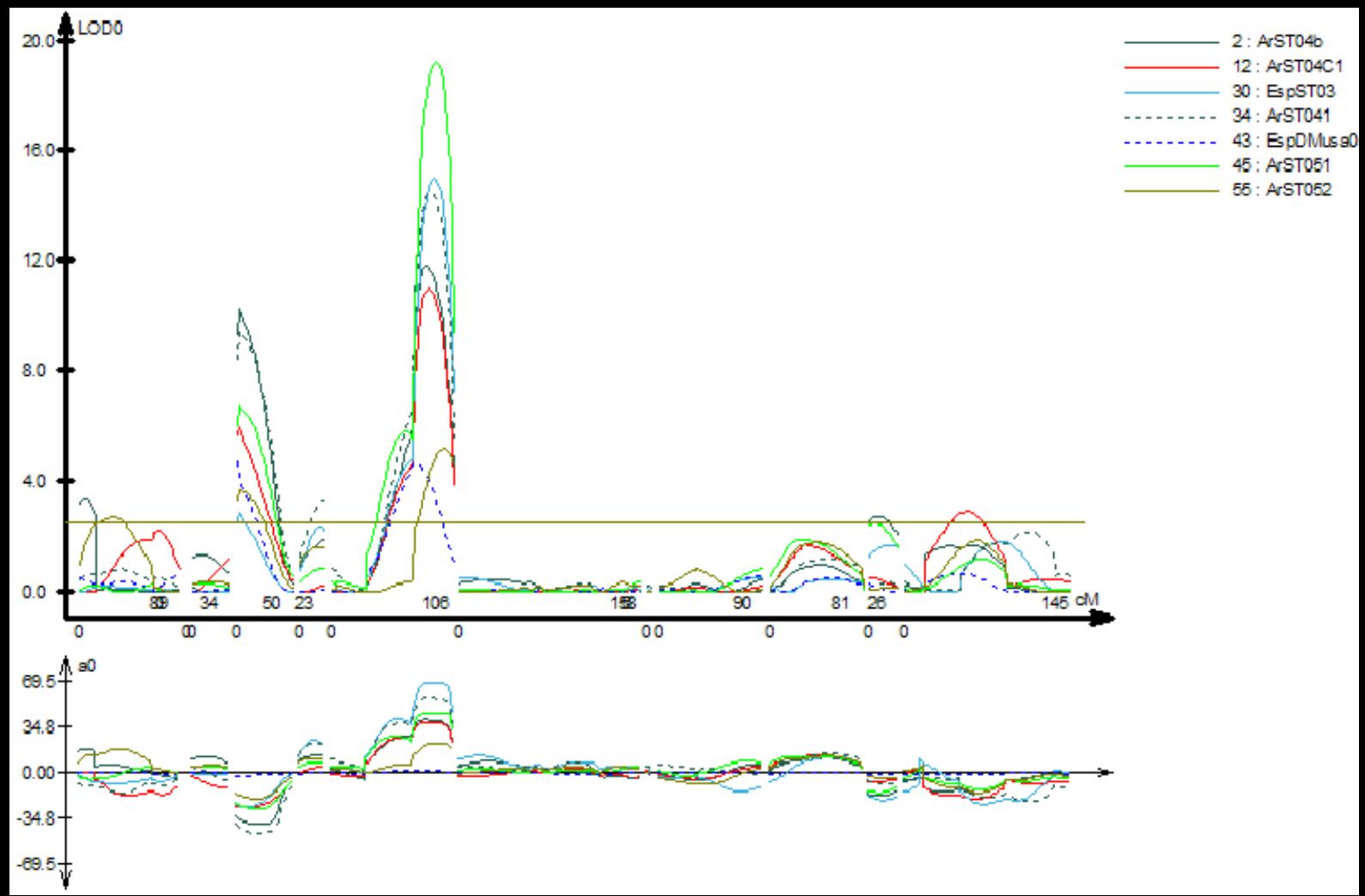
Modelo	Variación genética explicada	p
<i>Pph-H1</i>	<b>22.4</b>	<0.0001
<i>HvCO1</i>	<b>0.0</b>	0.1112
<i>Vrn-H3</i>	<b>3.4</b>	0.0621
<i>Pph-H1 + HvCO1 + Pph-H1 x HvCO1</i>	<b>48.8</b>	<0.0001
<i>Pph-H1 + Vrn-H3 + Pph-H1 x Vrn-H3</i>	<b>30.6</b>	0.8521
<i>HvCO1 + Vrn-H3 + HvCO1 x Vrn-H3</i>	<b>12.3</b>	0.0298

Stracke et al., 2009

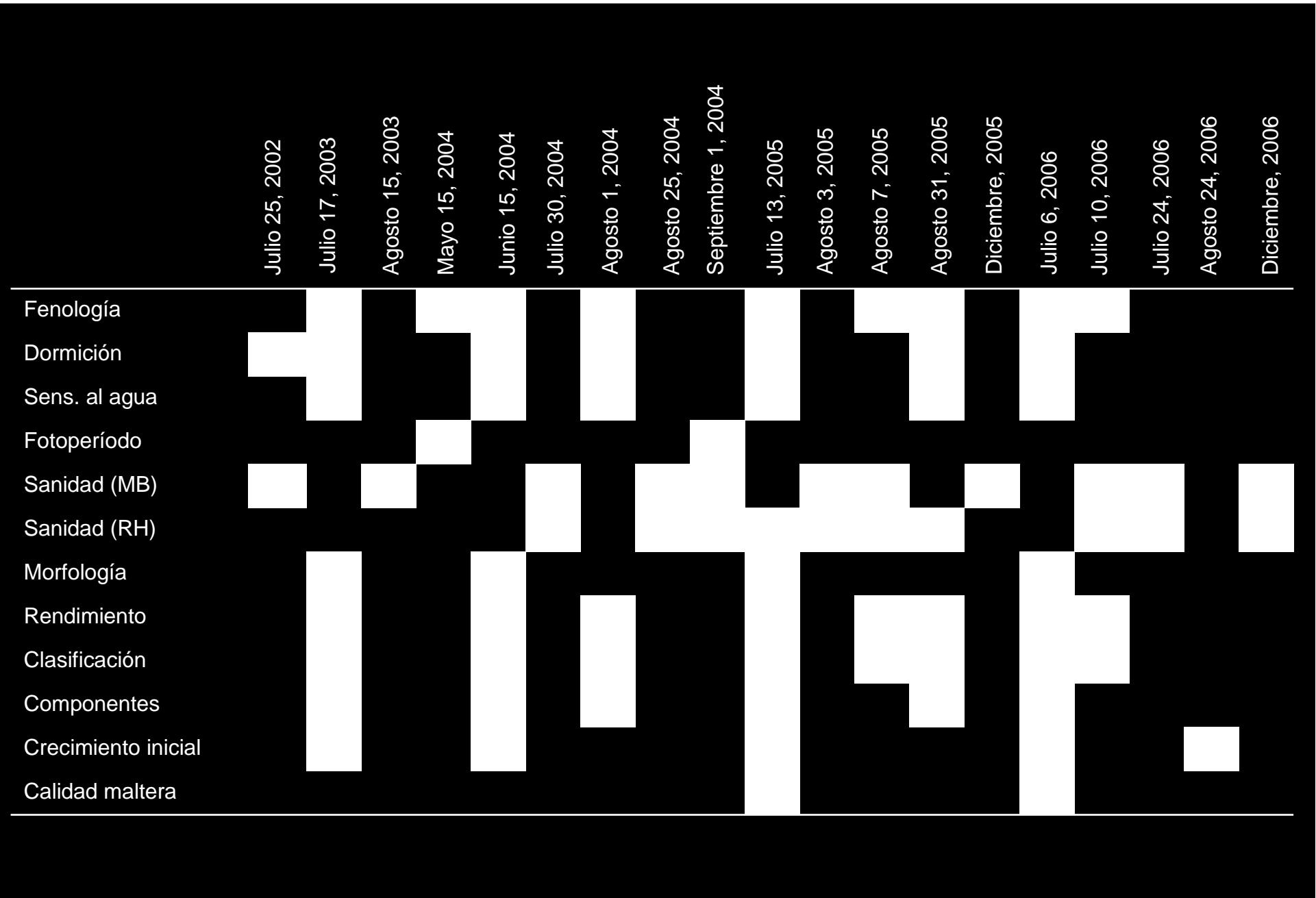


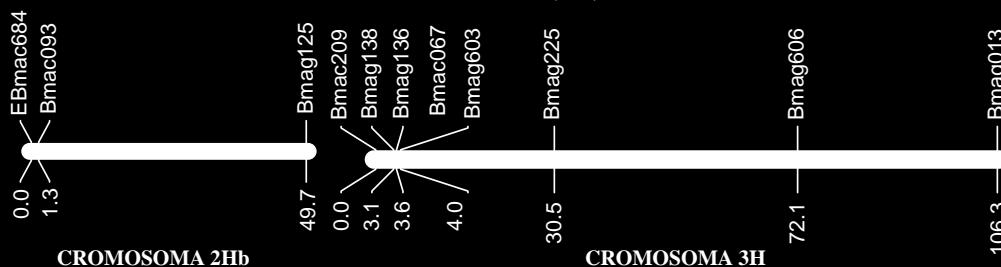
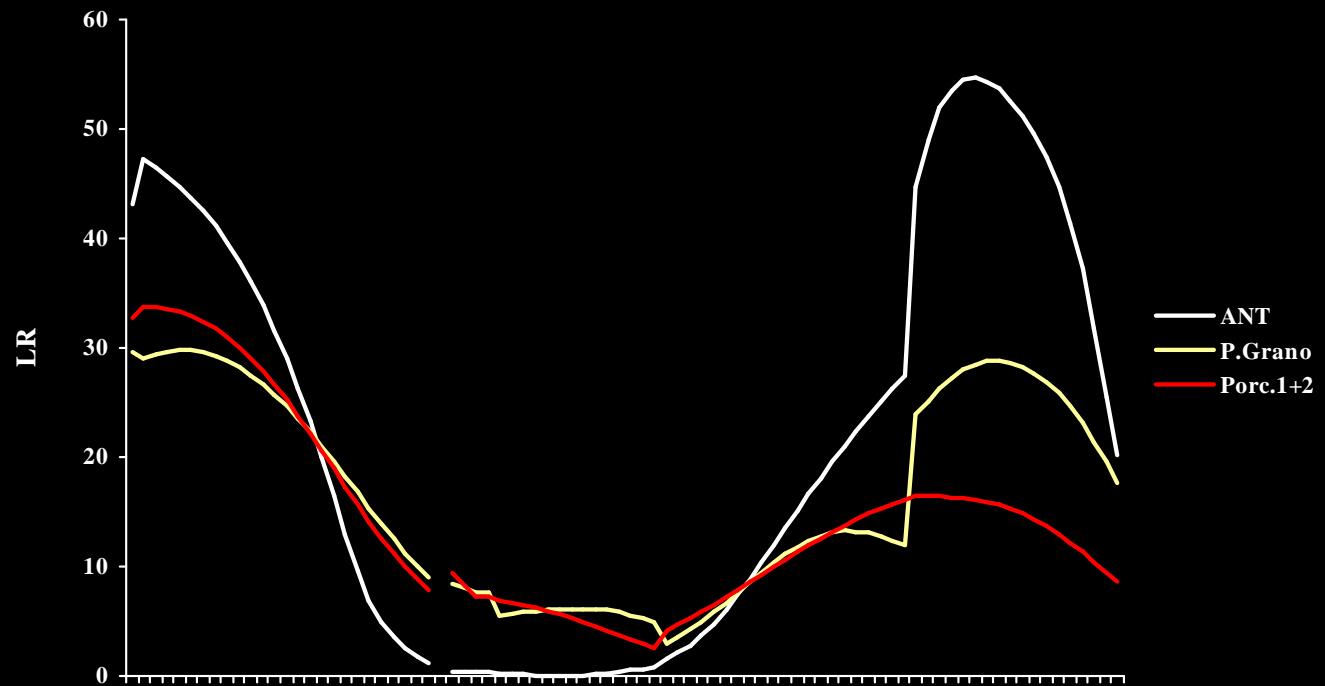
Castro et al., 2008

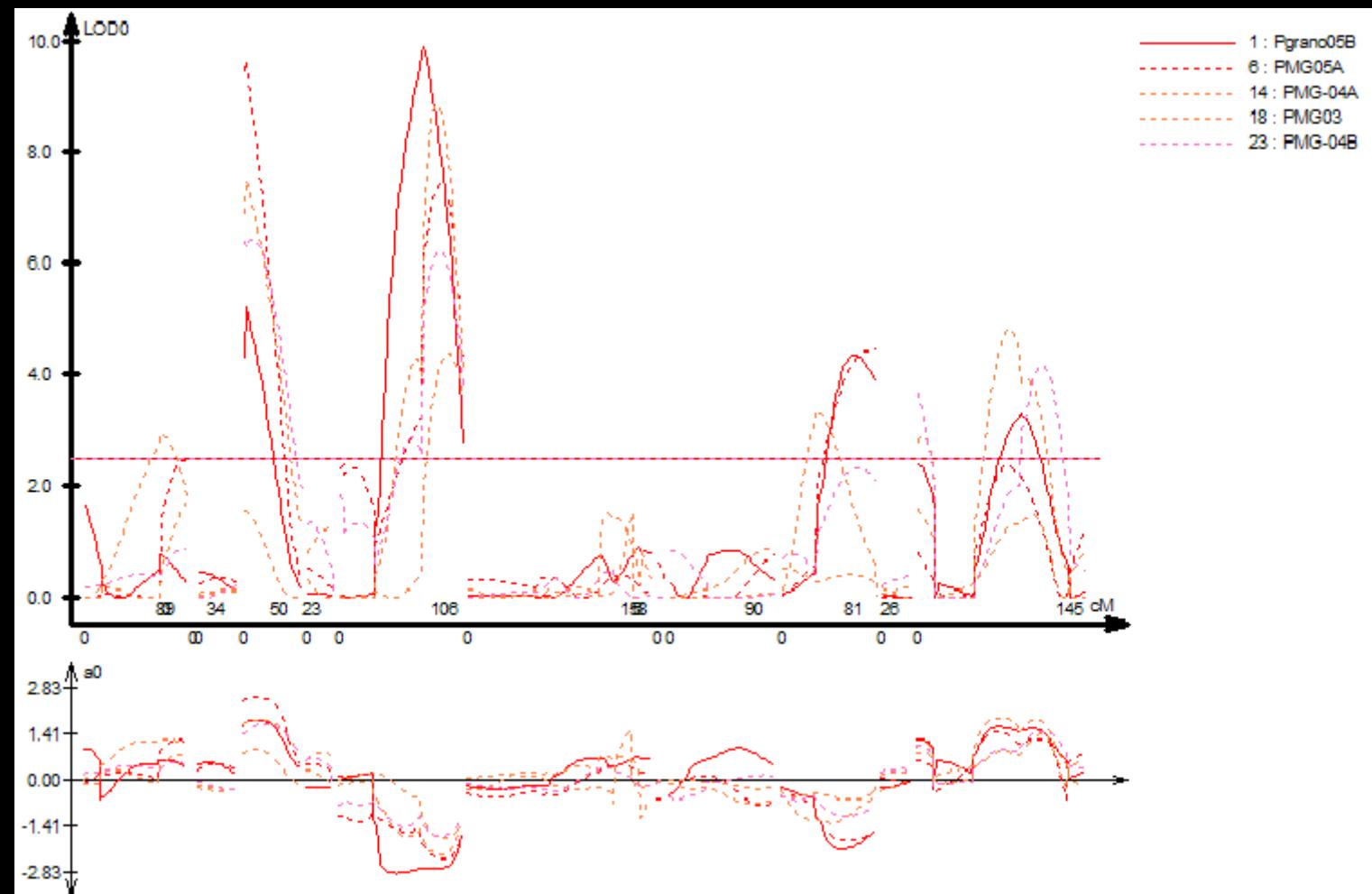


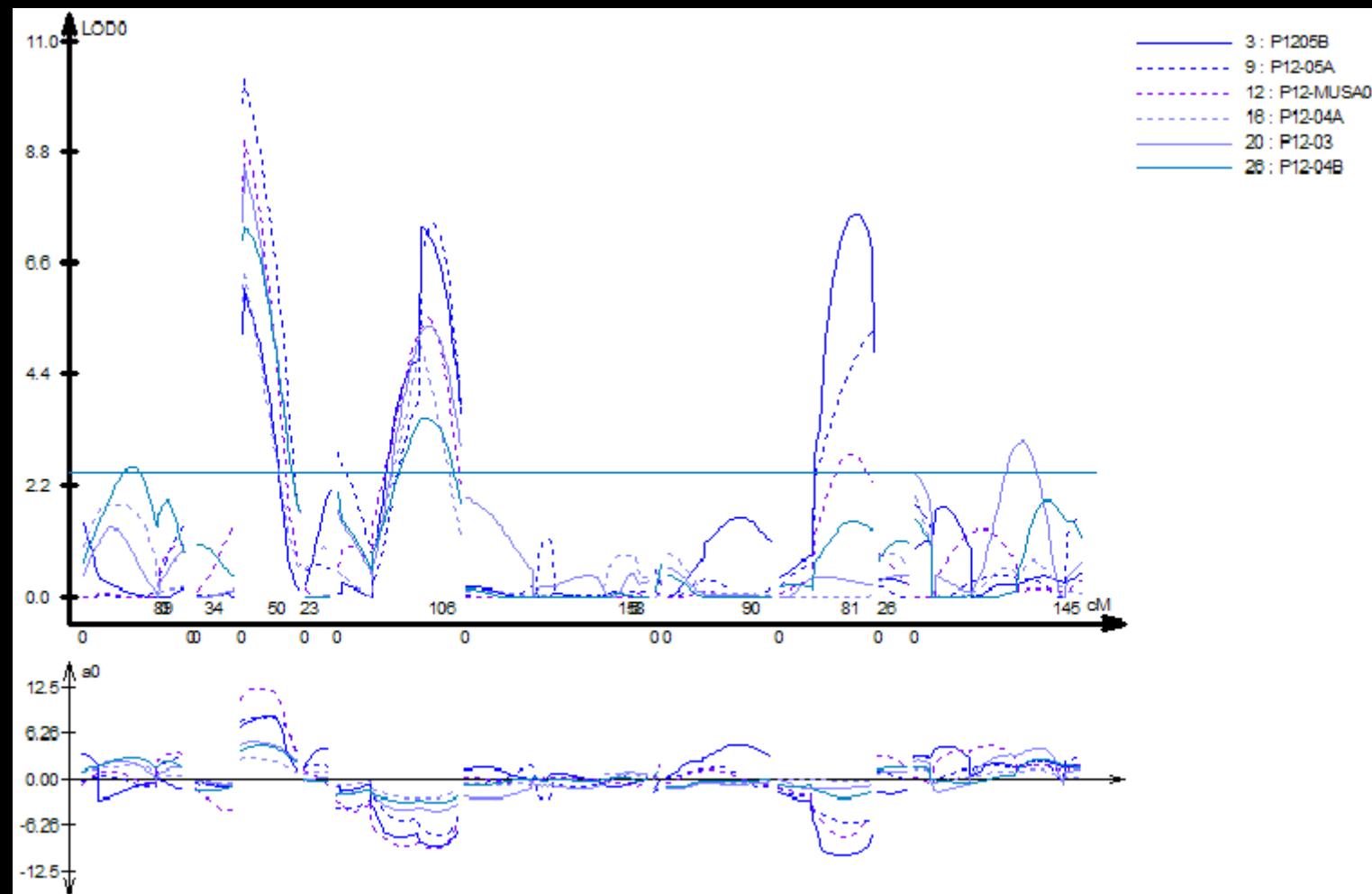


Alelos presentes		Ciclo
QTL 2H	QTL 3H	
<b>BCD47</b>	<b>Baronesse</b>	<b>73.1</b>
<b>BCD47</b>	BCD47	<b>77.4</b>
Baronesse	Baronesse	<b>77.3</b>
Baronesse	BCD47	<b>81.6</b>
<b>Baronesse</b>		<b>80.5</b>
<b>BCD47</b>		<b>83.9</b>









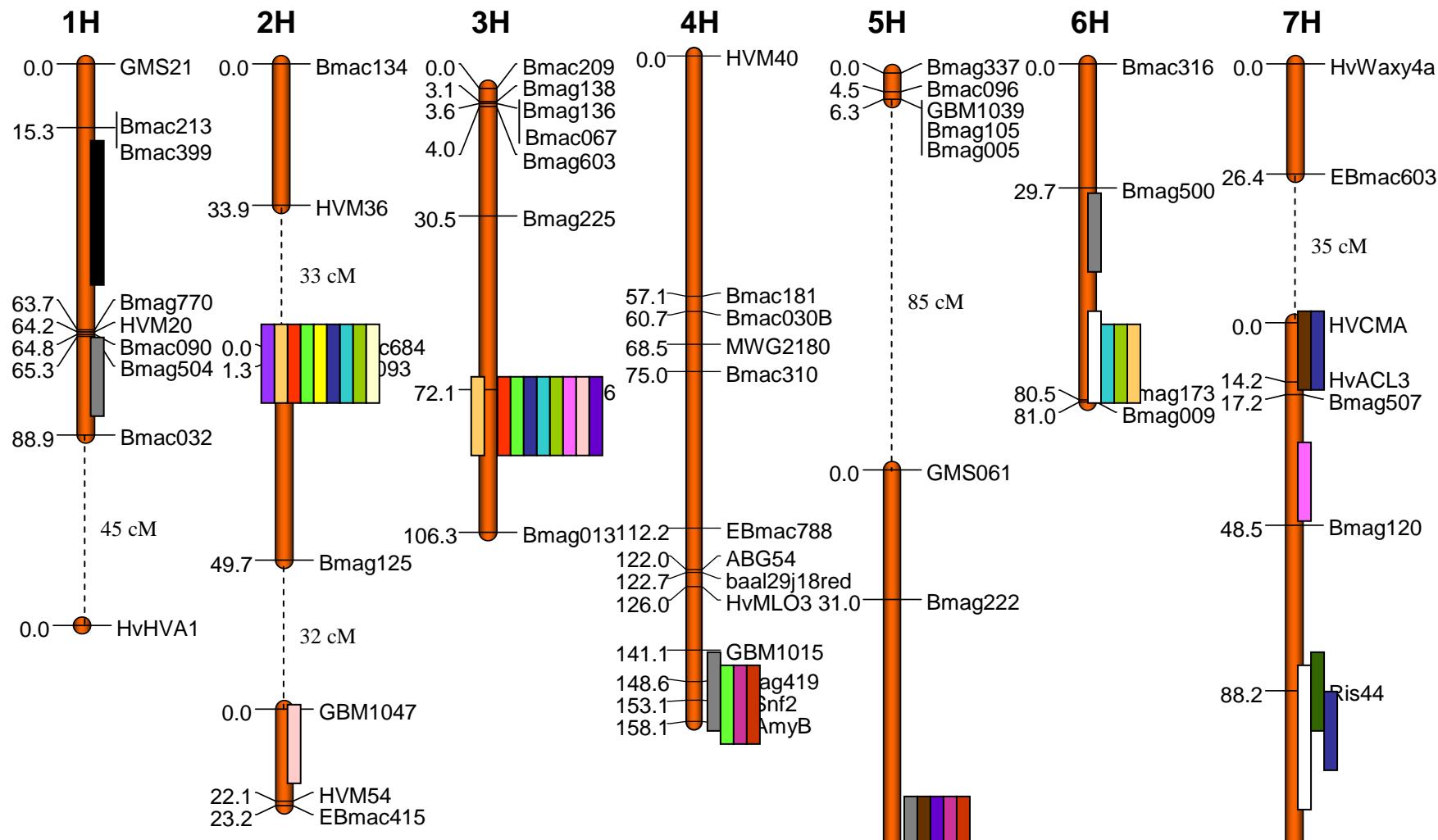
Alelos presentes

QTL 2H	QTL 3H	Ciclo	PMG	P12
<b>BCD47</b>	<b>Baronesse</b>	<b>73.1</b>	<b>47.5</b>	<b>86.1</b>
<b>BCD47</b>	BCD47	<b>77.4</b>	<b>43.5</b>	<b>76.3</b>
Baronesse	Baronesse	<b>77.3</b>	<b>43.4</b>	<b>74.1</b>
Baronesse	BCD47	<b>81.6</b>	<b>38.8</b>	<b>60.2</b>
<b>Baronesse</b>		<b>80.5</b>	<b>42.3</b>	<b>77.8</b>
<b>BCD47</b>		<b>83.9</b>	<b>44.3</b>	<b>65.5</b>

## FENOLOGIA EN LA POBLACION BCD47/BARONESSE

- Dos QTL responsables de la mayor parte de la variación (2H y 3H)
- Genes candidatos: *eps2S* y *denso*
- Completa aditividad

- ¿Posibilidad de continuar la acumulación de alelos favorables?
- ¿Especificidad en los efectos?



---- Distance based on SCRI map

Resistencia a mancha borrosa  
 Resistencia a roya de la hoja

Ciclo a floración  
 Rendimiento  
 Índice de cosecha  
 Granos/m<sup>2</sup>  
 Peso de grano  
 Clasificación de grano  
 Rendimiento 1<sup>a</sup>+2<sup>a</sup>

Altura  
 Excisión de espiga  
 Macollos  
 Proteína

Extracto de malta  
 Poder diastásico  
 Alfa amilasa  
 Betaglucanos

Dormición semilla  
 Sensibilidad al agua

# Población Henni/Meltan (Borras et al., 2010)

- Ciclo a Antesis
- Periodos analizados: Fase de iniciación de hojas y espiguillas (FHE), Fase de elongación (FEI)
- Emergencia de hojas, filocron, dinámica de macollaje

Field Crops Research 139 (2012) 36–47

Contents lists available at ScienceDirect

Field Crops Research

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/fcr](http://www.elsevier.com/locate/fcr)

**Genetic control of pre-heading phases and other traits related to development in a double-haploid barley (*Hordeum vulgare L.*) population**

Gisela Borras-Gelonch<sup>a,\*</sup>, Gustavo A. Sláfer<sup>a,b</sup>, Ana M. Casas<sup>c</sup>, Fred van Eeuwijk<sup>d</sup>, Ignacio Romagosa<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Department of Crop and Forest Science, University of Valencia, Ctra. de la Salut s/n, Edificio Biología, 46180, Av. Rovira Roig s/n, 46130, Ciudad Universitaria, Spain

<sup>b</sup> ICRISAT (International Network for Research and Development), Spain

<sup>c</sup> Department of Genetics and Plant Production, Asociación Experimental Station, CICY, Zaragoza, Spain

<sup>d</sup> Wageningen University, Biofotonics Department, P.O. Box 1600, 6706, AZ Wageningen, The Netherlands

---

**ARTICLE INFO**

Article history:

Received 25 September 2010

Received revised form 14 June 2011

Accepted 16 August 2011

**Keywords:**

Barley

Development

DH

Leaf appearance

Thinning

Double haploid

---

**ABSTRACT**

Extending the phase of stem elongation (SE) has been proposed as a trait to improve yield potential in small-grain cereals. The genetic control of pre-heading phases may also contribute to a better understanding of phenological traits conferring adaptability. Given that an optimised total time to heading is one of the most important traits in a breeding program, a prerequisite for lengthening SE would be to understand the genetic control of the different phases of development in a double-haploid (DH) system. We studied the genetic control of these two pre-heading sub-phases (from sowing to the onset of stem elongation, SE, and from then to heading, HE) in a series of Quantitative Trait Loci (QTL) in a barley double-haploid population derived from the cross Melita (DH line) × T110 (an elite North European barley cultivar). DH lines (110) and their parents were studied in four field trials in North-Eastern Spain. Genotype × environment interactions were tested for all phenotypic traits. Linear regression analysis was used to study the relationship between the onset of SE and the onset of heading. Lines in which SE was delayed had a different genetic control for the onset of SE than the Melita population, mainly due to a QTL on chromosome 2HL. The QTL responsible for a different control of SE and HE did not seem to correspond with any major gene reported in the literature. Moreover, thinning DH, so as to lengthen SE without modifying heading date would not necessarily imply a negative drawback on traits that could be important for early vigour, such as phytochrome and the onset of flowering.

© 2011 Elsevier B.V. All rights reserved.

---

**1. Introduction**

Crop phenology, which allows matching crop development with availability of resources (water, radiation, etc.), is the more important single factor influencing yield and crop adaptation to particular environments (Richards, 1993). This is especially relevant in Mediterranean conditions, where winter is the main breeding season and the duration of the vegetative period is critical for spring cereal defining an optimal window for sowing in order to maximize yield (Richards, 1993; Lou and Suddique, 1994; Casas-Marcos et al., 2009). Therefore keeping on achieving an optimised time in flowering is still an important goal in any breeding programme. In some Mediterranean environments, where intensive breeding has been carried out for centuries, either through Euer's selection or breeding programmes, there could be little scope for improving barley adaptability by itself further adjustments in time to heading (Martioli et al., 1987; Matos et al., 1998; Sláfer et al., 2005). However, knowing the genetic control of different pre-anthesis phases may contribute to a better understanding of phenological traits conferring adaptability (e.g. Lutts et al., 2007).

Fine adjustment of phenology could be also important for yield improvement through increasing yield potential. Lengthening duration of the stem elongation phase has been associated to increased yield potential of grain (Sláfer et al., 2001, 2005) which is now considered yield potential of small-grain cereals (Fischer, 2007, 2011; Melilla and sláfer, 2001). This should be achieved without modifying total time to anthesis, whose optimisation as shown above, is an important objective providing adaptability in breeding programmes (Sláfer, 2005). To attain this goal, a prerequisite would be that the phases before and after the onset of stem elongation should be under different genetic control, as earlier suggested by some authors (Martioli and Pennell, 1982; Sláfer and Rowens, 1994; Koresich et al., 1997).

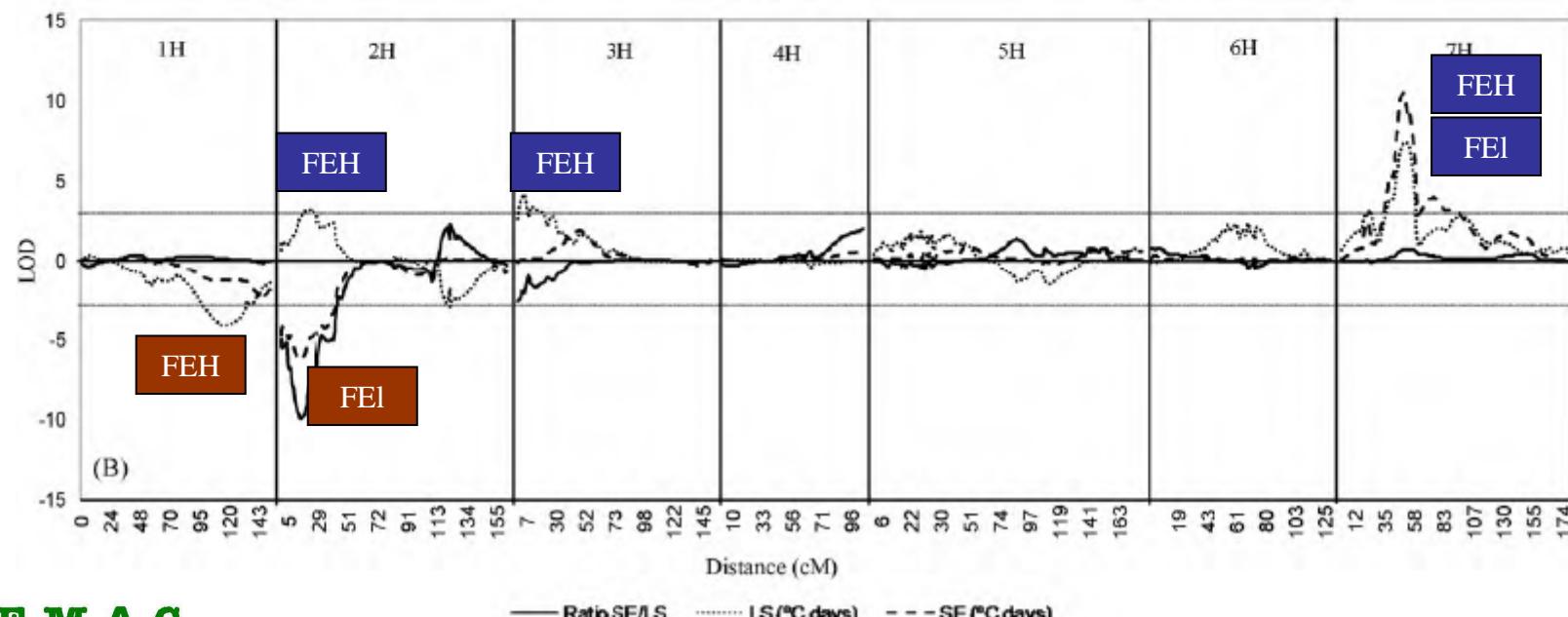
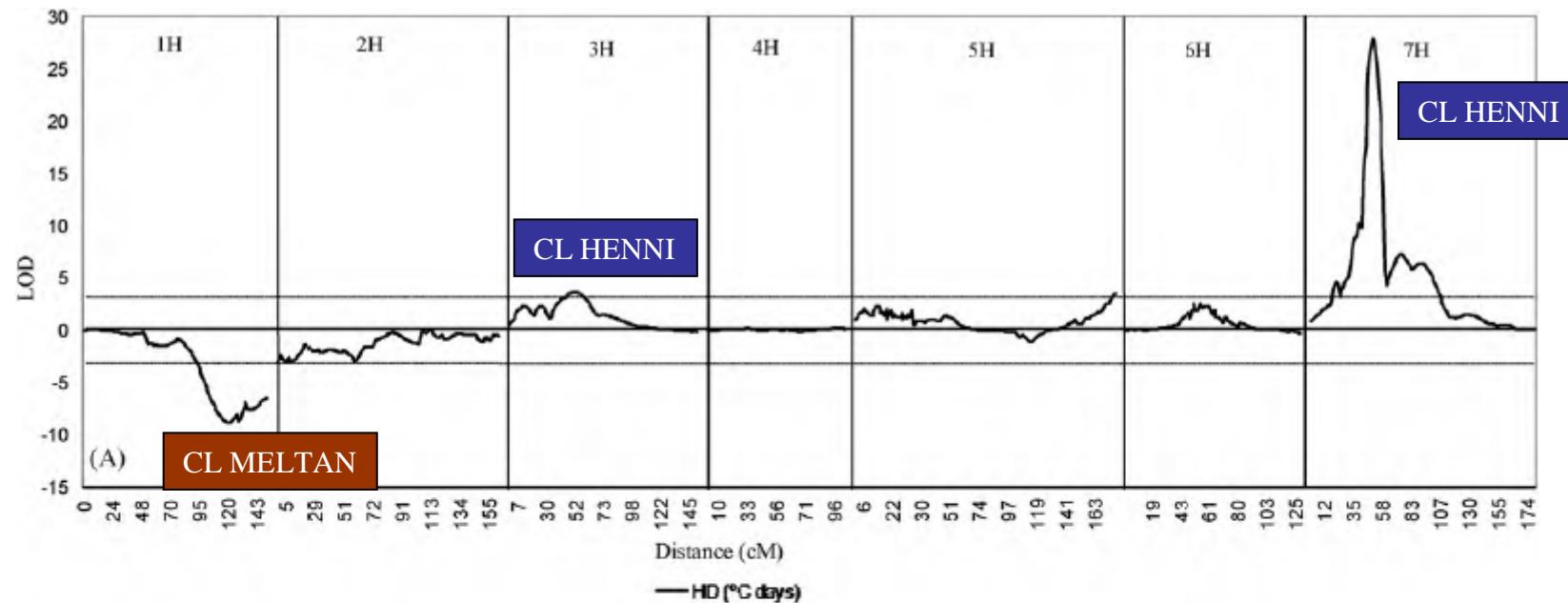
Gives the importance of time to anthesis, the genetic control of this trait has been the focus of many studies. Several genes (loci) related to the response to photoperiod or vernalization, or carabinase per se (the three main factors determining head-

\* Corresponding author.

E-mail address: [gborras@uv.es](mailto:gborras@uv.es).

0167-632S/\$ - see front matter © 2011 Elsevier B.V. All rights reserved.

doi:10.1016/j.fcr.2011.08.011

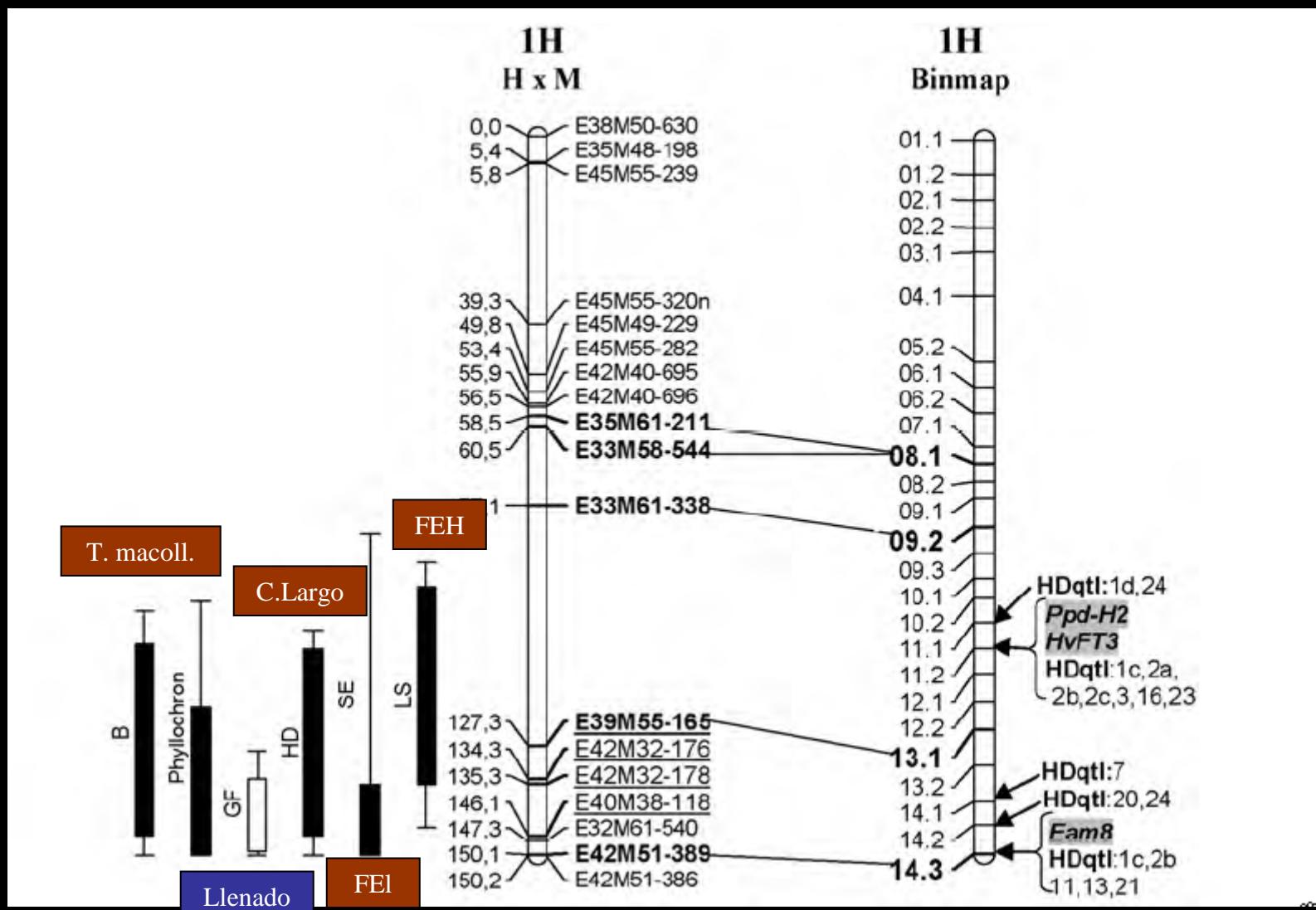


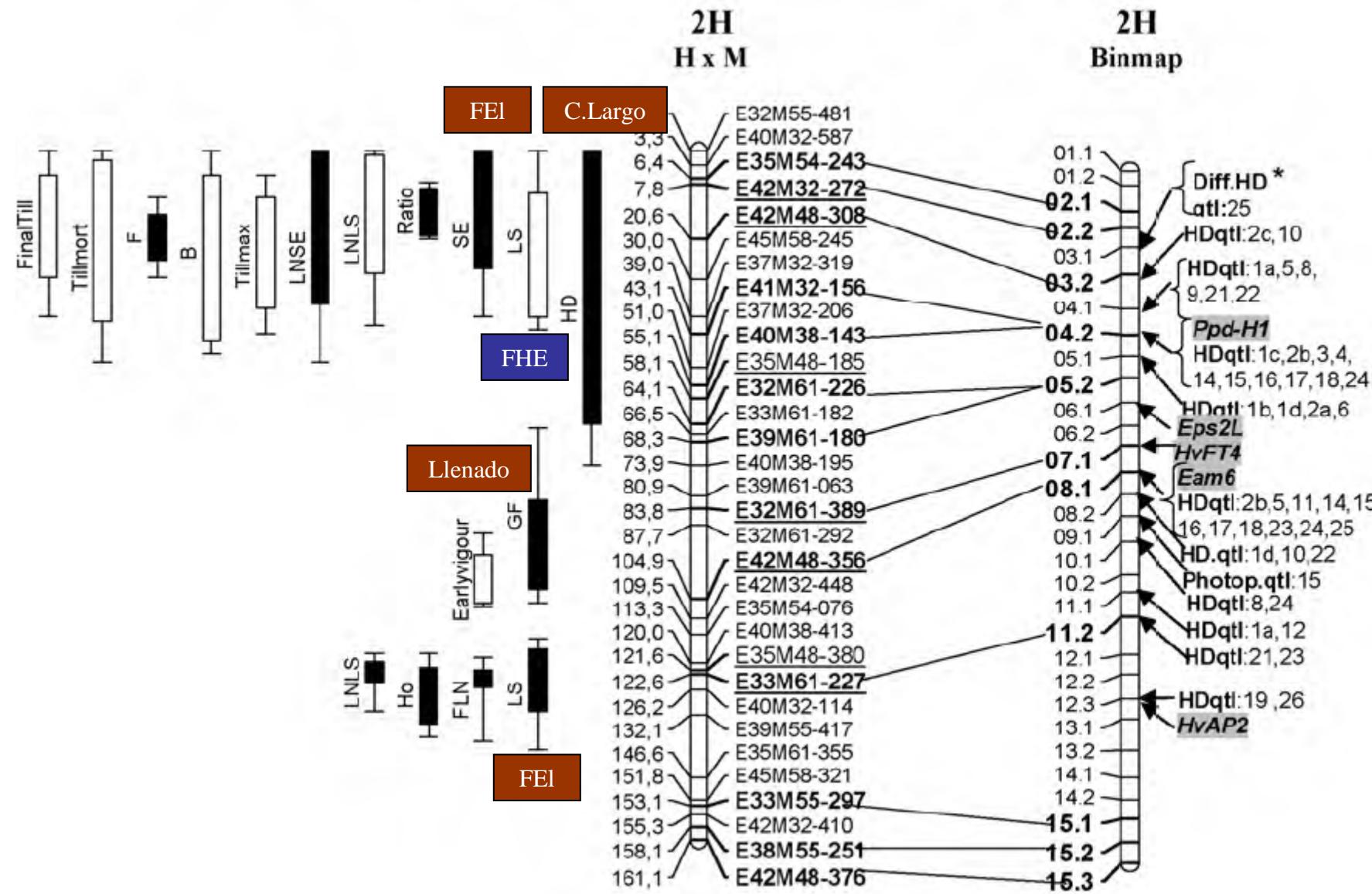
**E.E.M.A.C.**

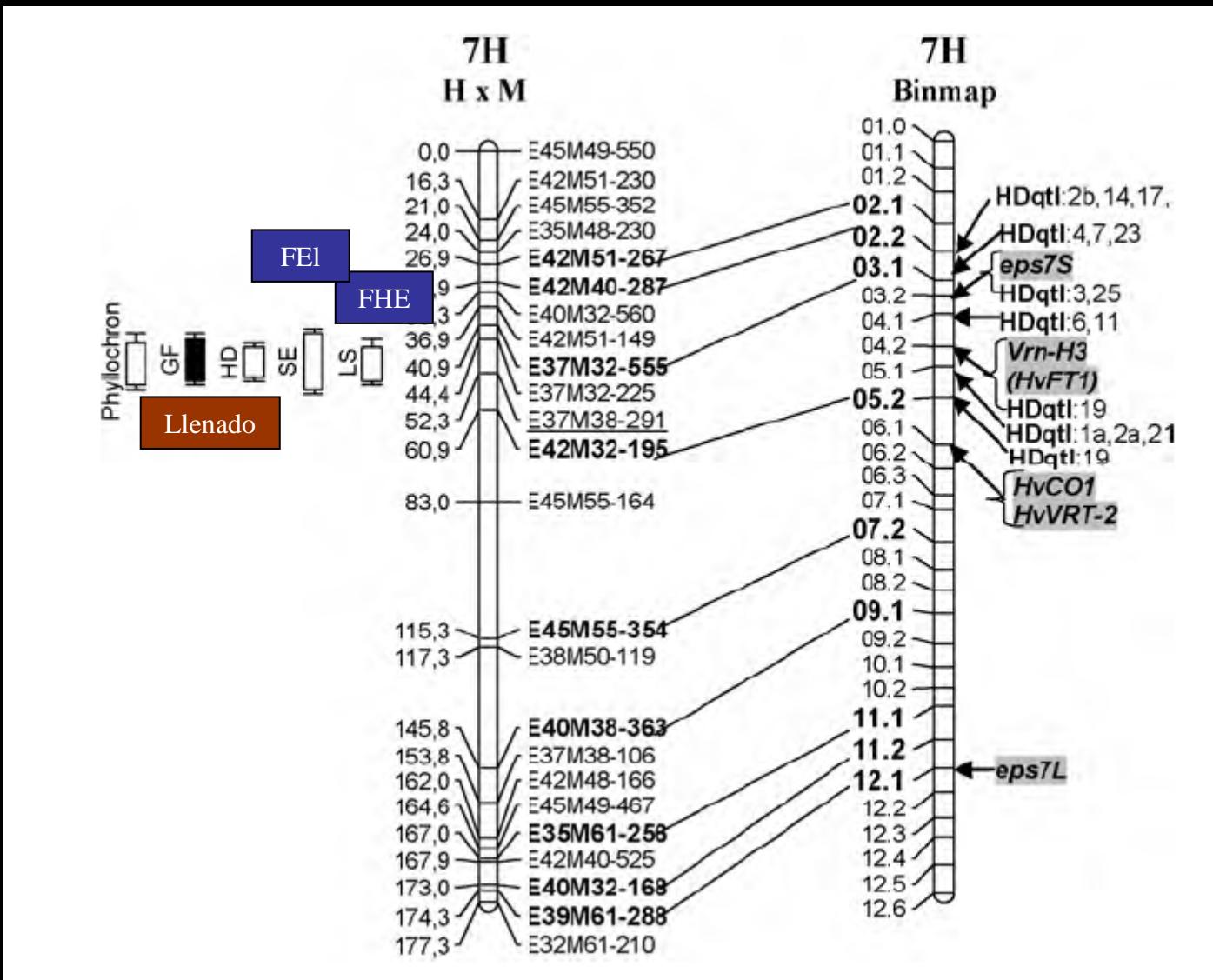
Facultad de Agronomía. Paysandú.  
Universidad de la Repùblica.



FACULTAD DE  
AGRONOMIA  
UNIVERSIDAD DE LA REPÙBLICA







## POTENCIALIDADES DEL ANALISIS DE QTL

- Disección de los componentes genéticos de los fenotipos
- Asociaciones ligamiento/pleiotropía
- Recombinaciones no presentes en los progenitores
- Interacciones/epistasis
- Poblaciones “inmortales” (si se usan DH)

## **PROBLEMAS DEL ANALISIS DE QTL**

- Poblaciones segregantes y balanceadas
- Mapeo de polimorfismos
- Tamaño de población
- Calidad de los datos
- Variables medidas

## Bibliografia

Doerge R., 2001. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental populations. *Nature Review Genetics* 3: 43-52

Collard, Jahufer, Brouwer y Pang, 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142: 169-196

Dekkers y Hospital, 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Review Genetics* 3: 22-32

Castro et al., 2008. *Plant Breeding* 127: 561-568

Borras et al., 2010. *Field Crops Research* 119: 36-47