

# 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>	<b>&gt;600</b>	<b>&gt;600</b>
Granos/espiga	>25	20-25	<b>20-25</b>	<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	<b>C</b>	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?**

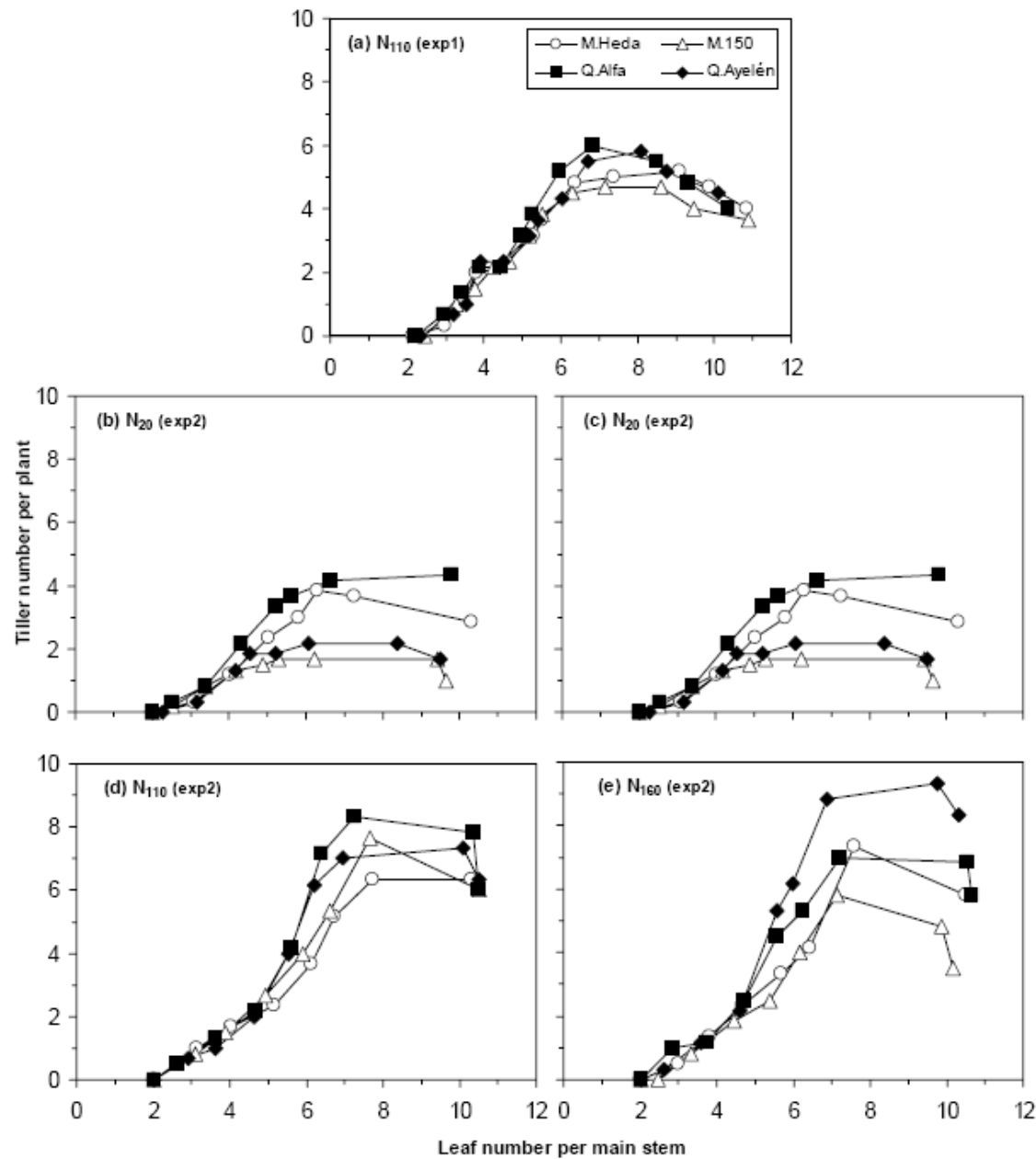
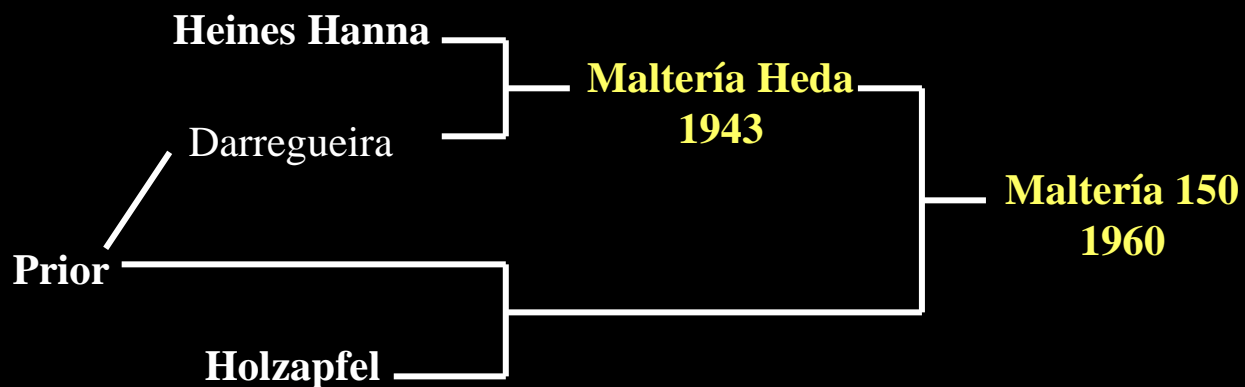


Fig. 3. Relationship between tiller number per plant and leaf number on main stem in four barley cultivars of barley released at different eras in Argentina (M. Heda—released in 1944, M. 150—1966, Q. Alfa—1982, and Q. Ayelén—1998), grown under different levels of nitrogen (20, 50, 110, 160 kg N ha<sup>-1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

Abeledo et al., 2003



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

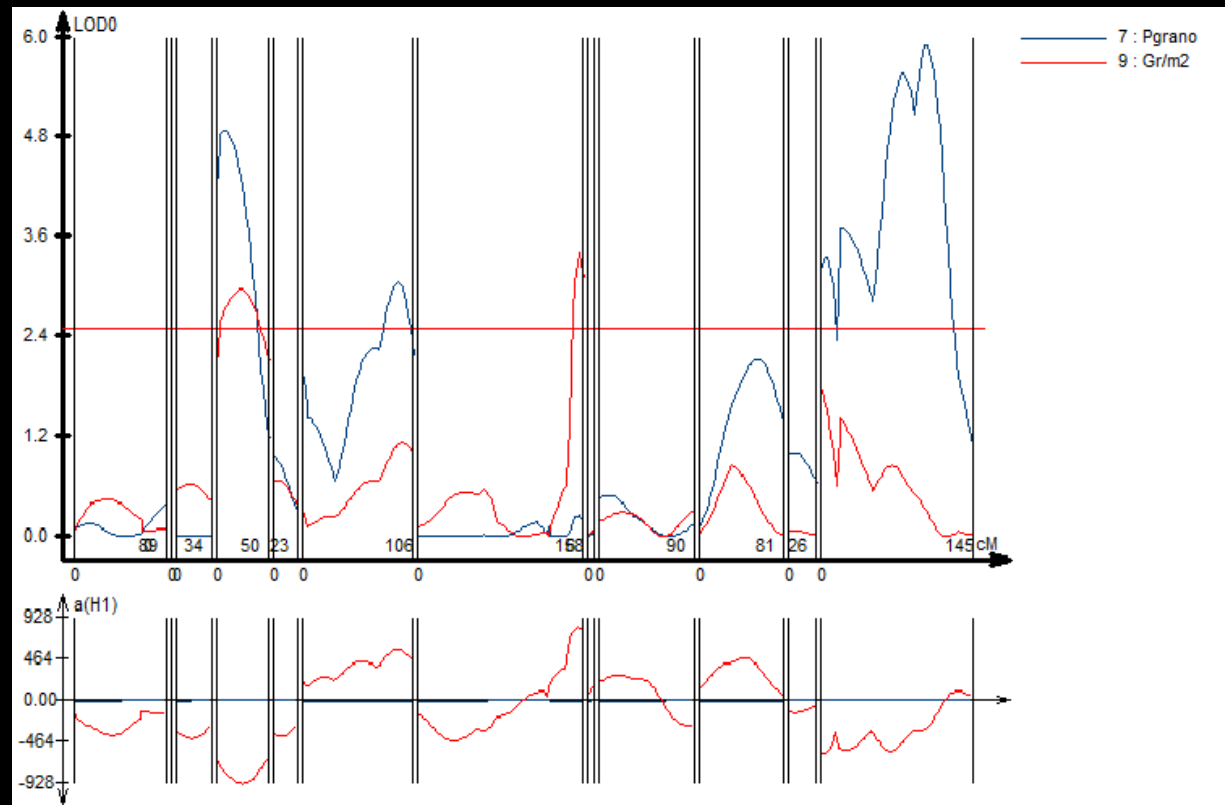
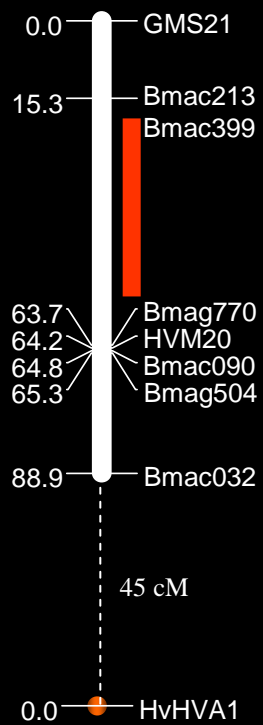


## EL PROBLEMA

- **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)



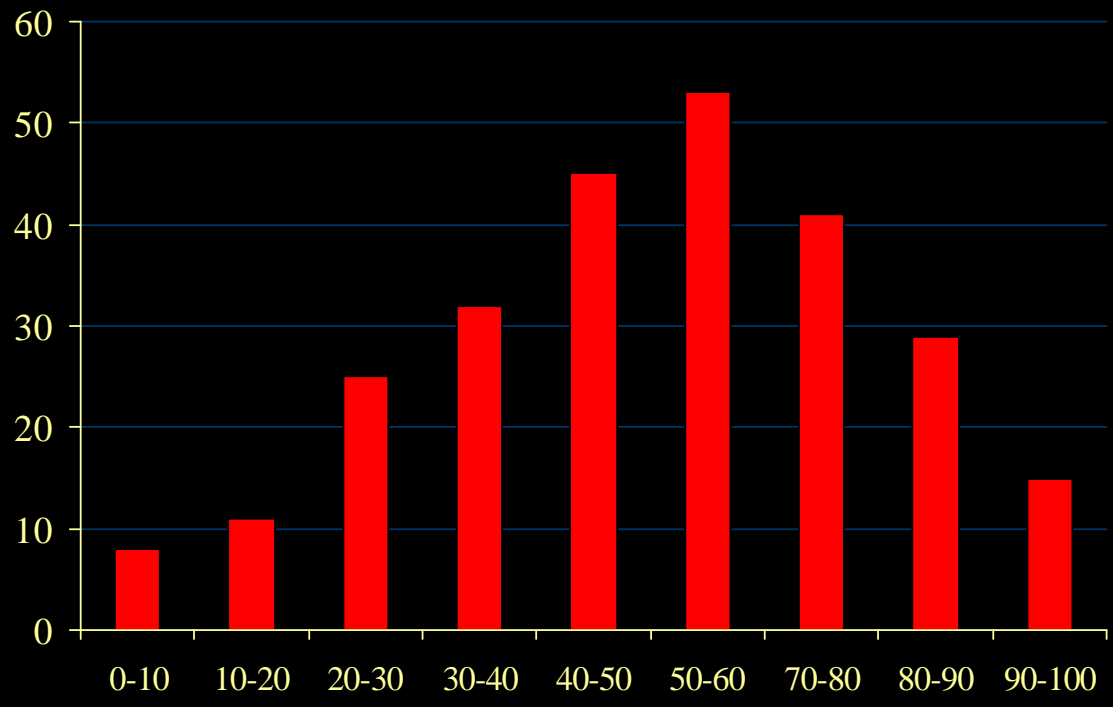
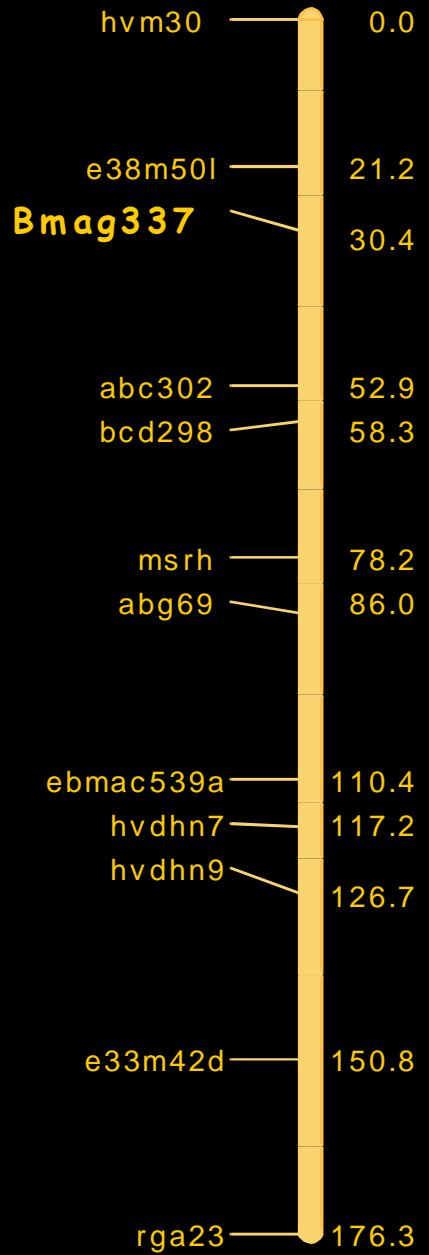
# HERRAMIENTAS

## NUMERO DE FACTORES

- Teoría clásica: Estimación teórica basada en supuestos como efectos aditivos, loci no ligados, efectos equivalentes, etc.
- Análisis de OTL: 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”)

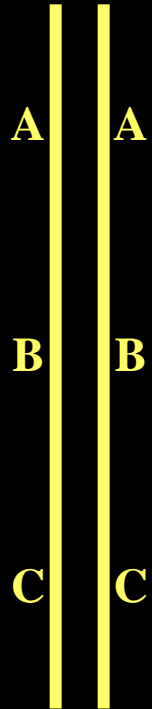
Variaciones enzimáticas (isoenzimas)

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

A  
B  
C

a a  
b b  
c c

A A  
b b  
c c

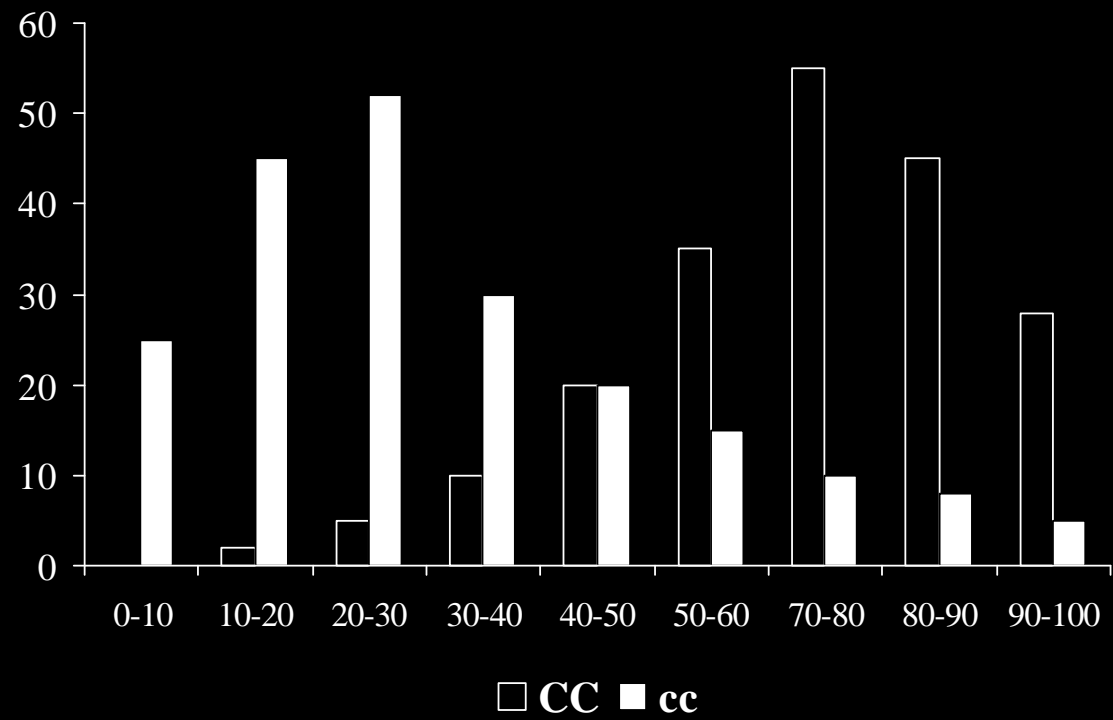
a a  
B B  
C C

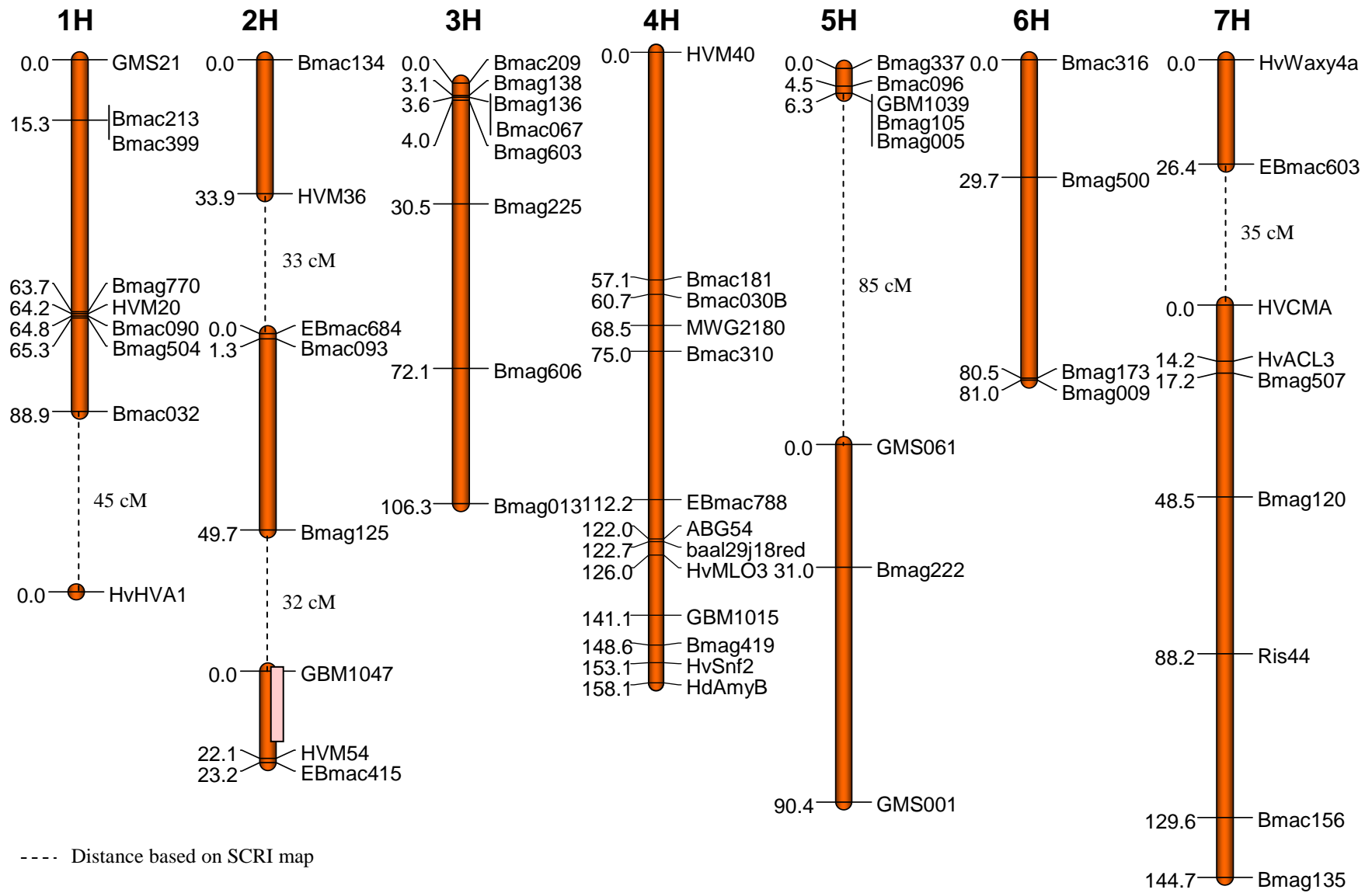
A A  
B B  
c c

a a  
b b  
C C

a a  
B B  
c c

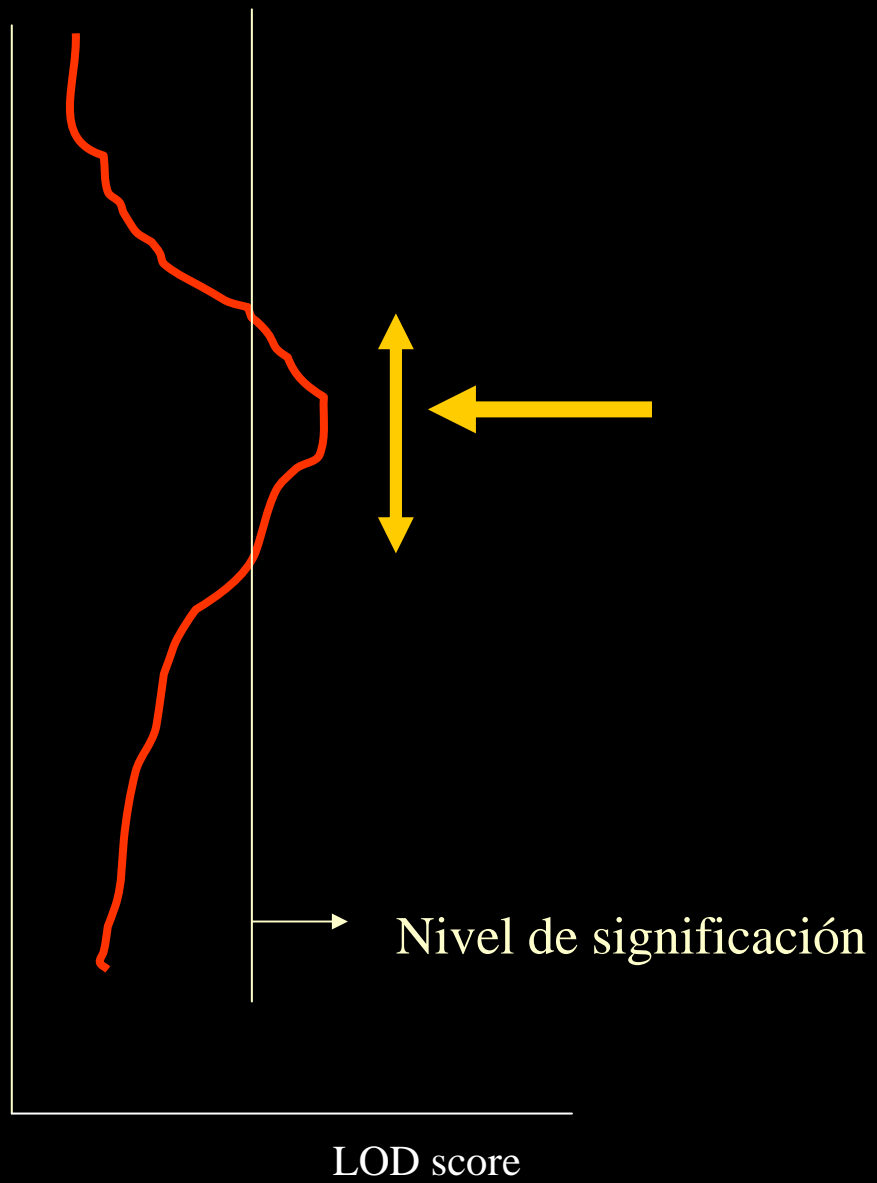
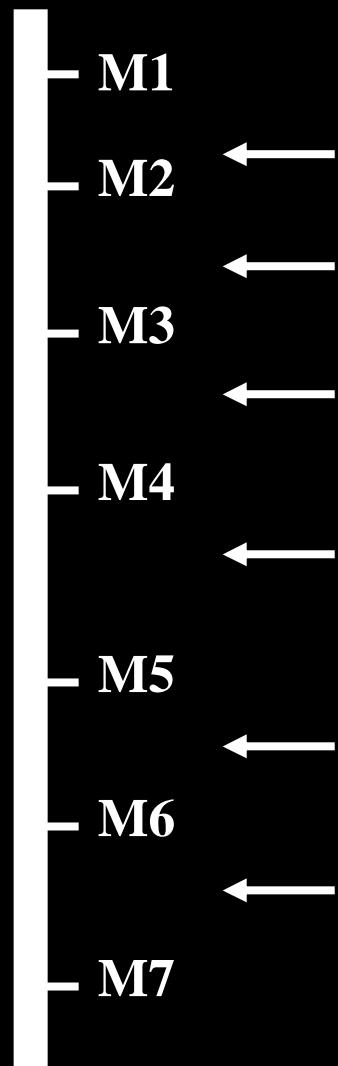






## Individuos

Distancia	Marcador	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

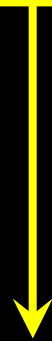


## **PROBLEMAS DEL ANALISIS DE QTL**

- **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**

**Datos genotípicos**

**Datos fenotípicos**

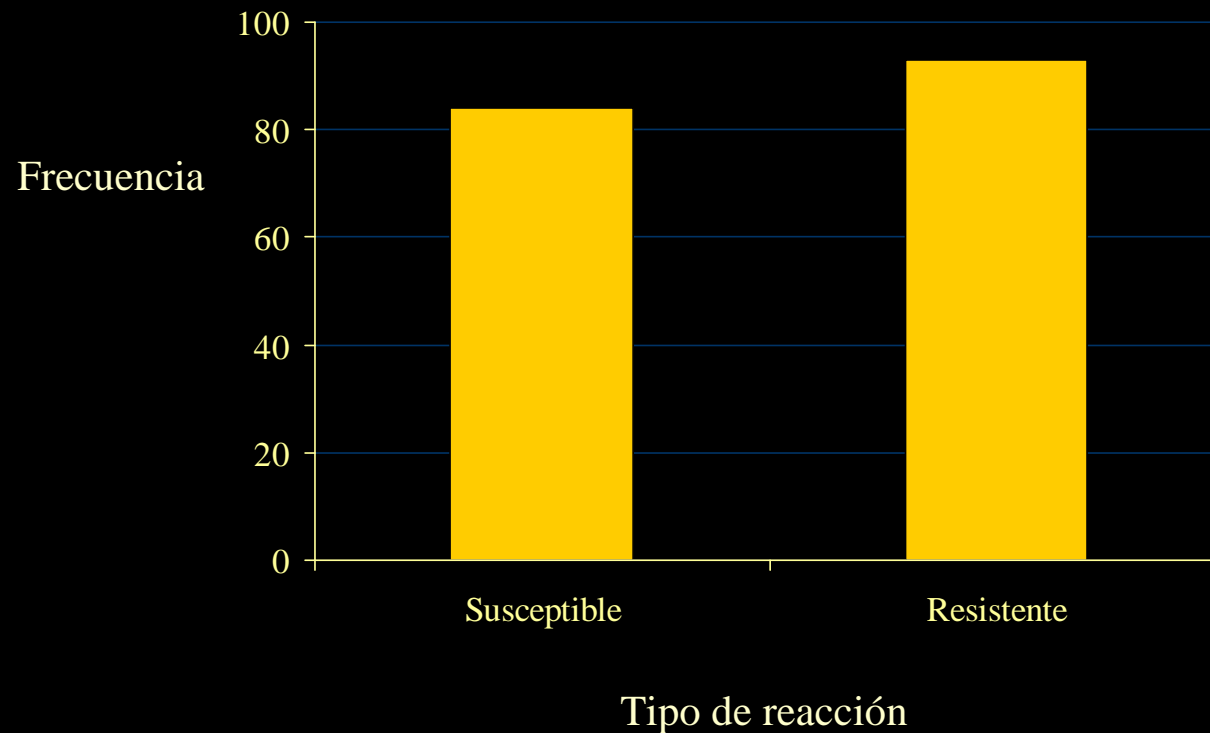


**Mapa de ligamiento**

**Análisis de QTL**

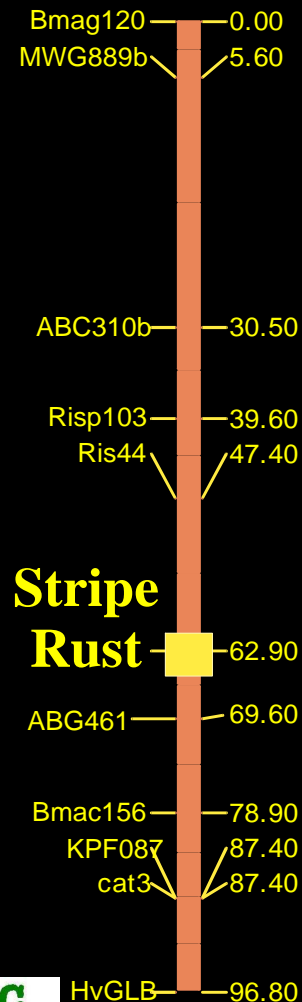
## Características cualitativas

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

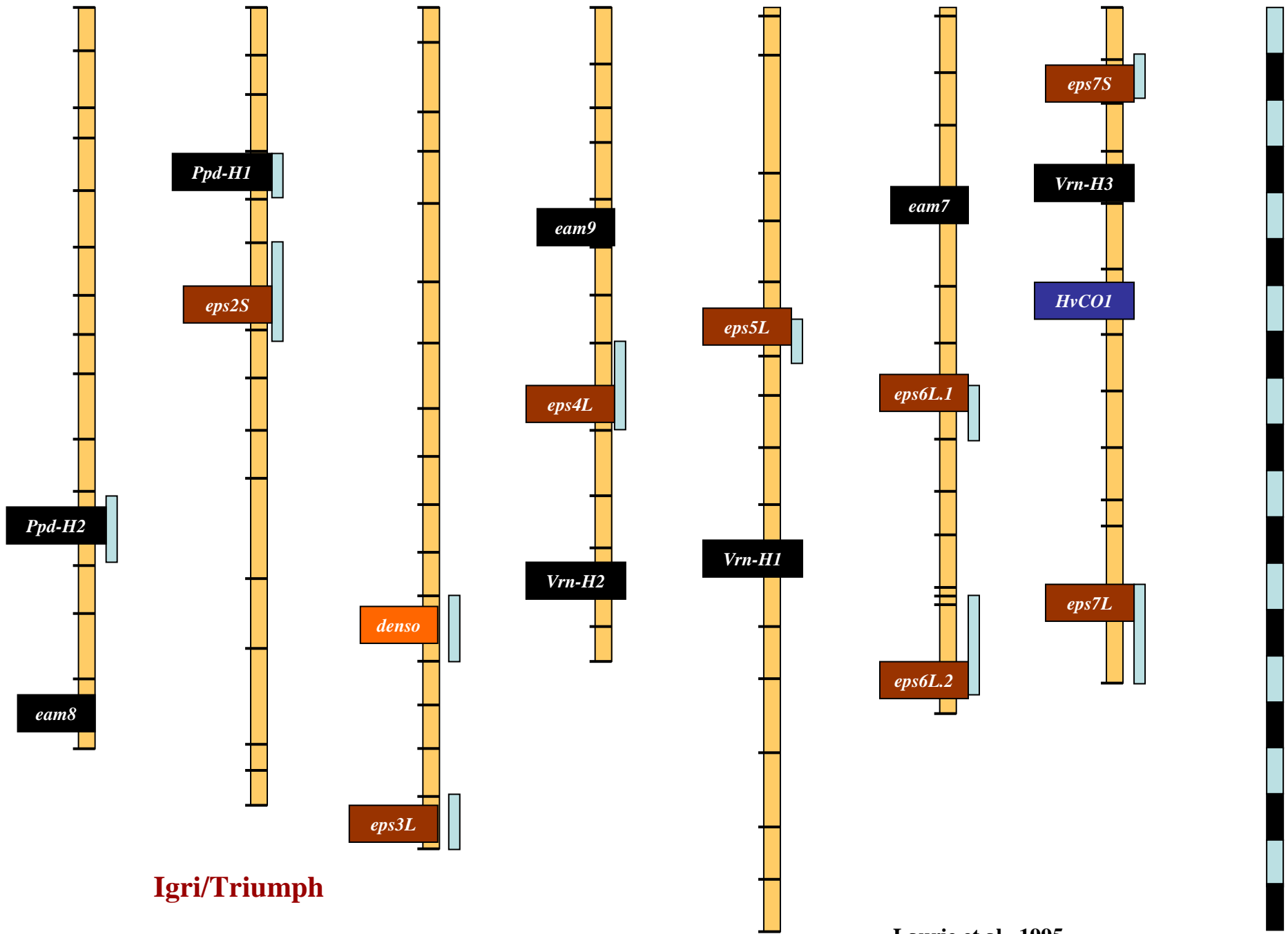


<b>Gen</b>	<b>Función</b>	<b>Marcador</b>	<b>Crom.</b>	<b>Distancia</b>
<i>Amo1</i>	Almidón c/alta amilosa	<b>RFLP</b>	<b>1(7H)</b>	<b>2</b>
<i>Bmy 1</i>	Actividad de $\beta$ amilasa	<b>STS</b>	<b>4(4H)</b>	<b>0</b>
<i>Glb(x7)</i>	(1-3) $\beta$ glucanasa	<b>RFLP, PCR</b>	<b>3(3H)</b>	
<i>Ipa1</i>	Contenido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

Thomas, 2002

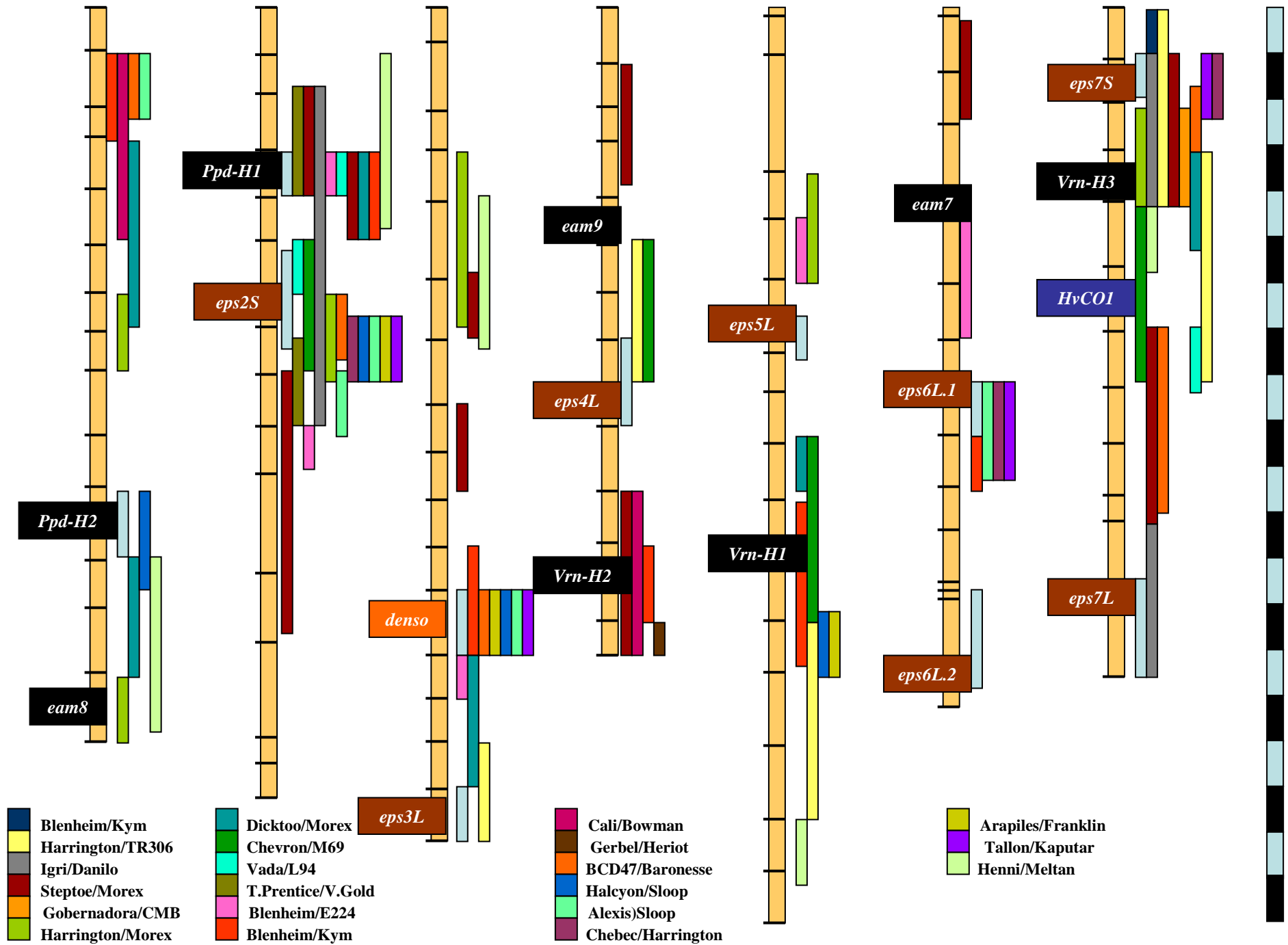
## ALGUNOS RESULTADOS, ALGUNAS IDEAS

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



**Igri/Triumph**

**Laurie et al., 1995**



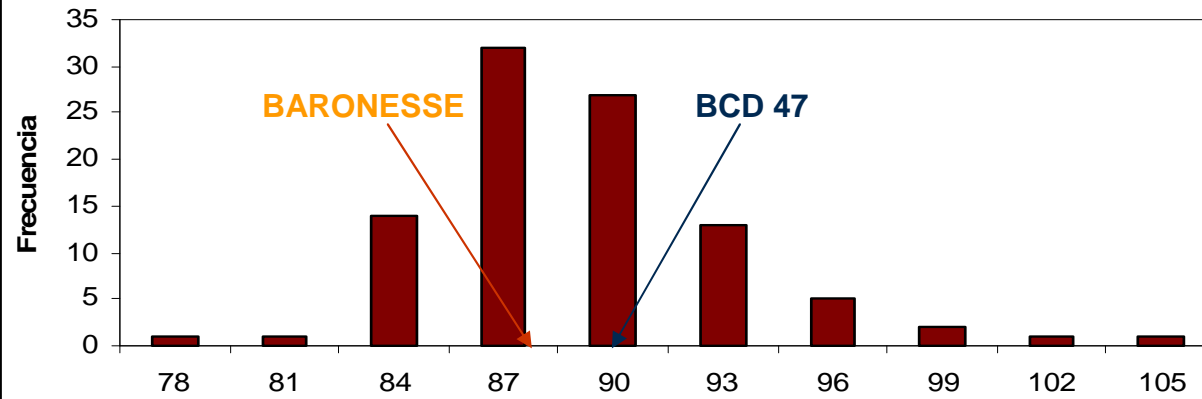


Proporción de la variación total para fecha de floración en 220 genotipos de cebada de primavera explicada por la variación detectada dentro de tres genes asociados con la fenología

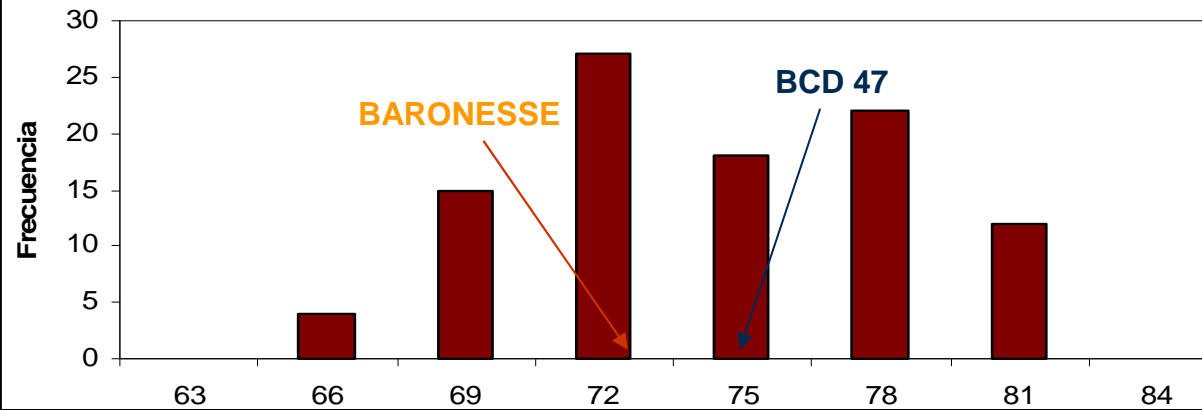
<b>Modelo</b>	<b>Variación genética explicada</b>	<b>p</b>
<i>Pph-H1</i>	22.4	<0.0001
<i>HvCO1</i>	0.0	0.1112
<i>Vrn-H3</i>	3.4	0.0621
<i>Pph-H1 + HvCO1 + Pph-H1 x HvCO1</i>	48.8	<0.0001
<i>Pph-H1 + Vrn-H3 + Pph-H1 x Vrn-H3</i>	30.6	0.8521
<i>HvCO1 + Vrn-H3 + HvCO1 x Vrn-H3</i>	12.3	0.0298

Stracke et al., 2009

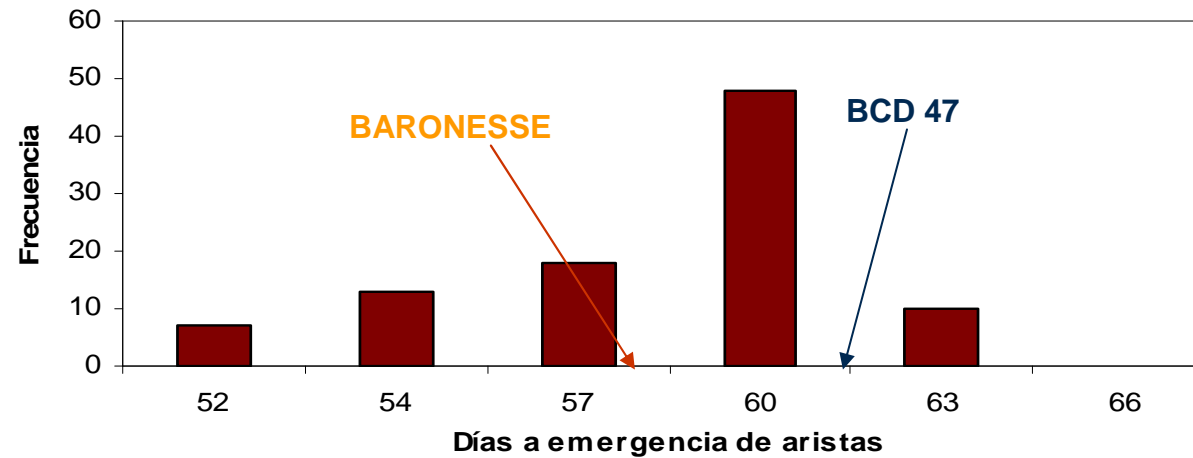
2004 15 de mayo



2003 15 de julio



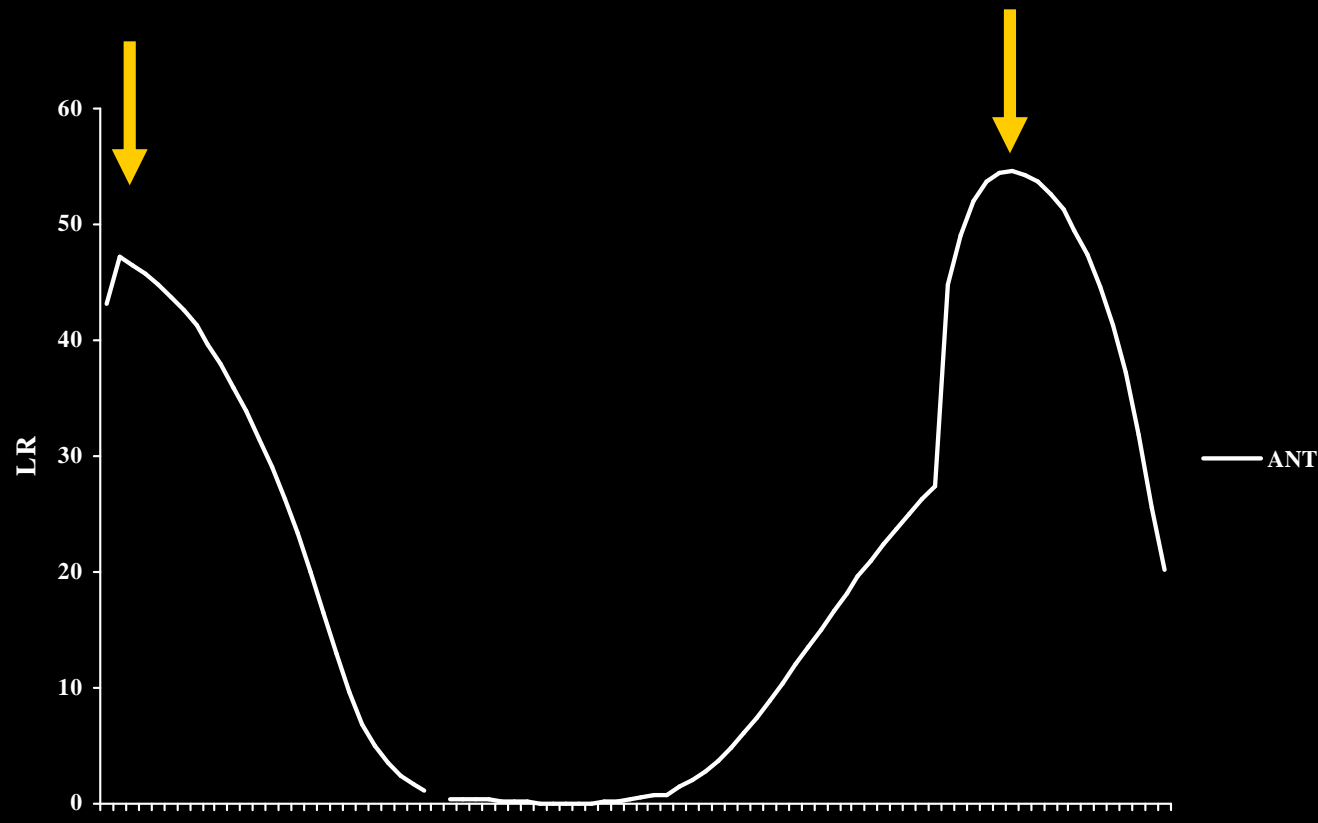
2004 1 de setiembre



Castro et al., 2008

Ciclo a Floración

Llenado



Distancia (cM)

EBmac684  
1.3  
Bmac093

CROMOSOMA 2Hb

49.7  
0.0  
3.1  
3.6  
4.0  
Bmag125  
Bmac209  
Bmag138  
Bmag136  
Bmac067  
Bmag603

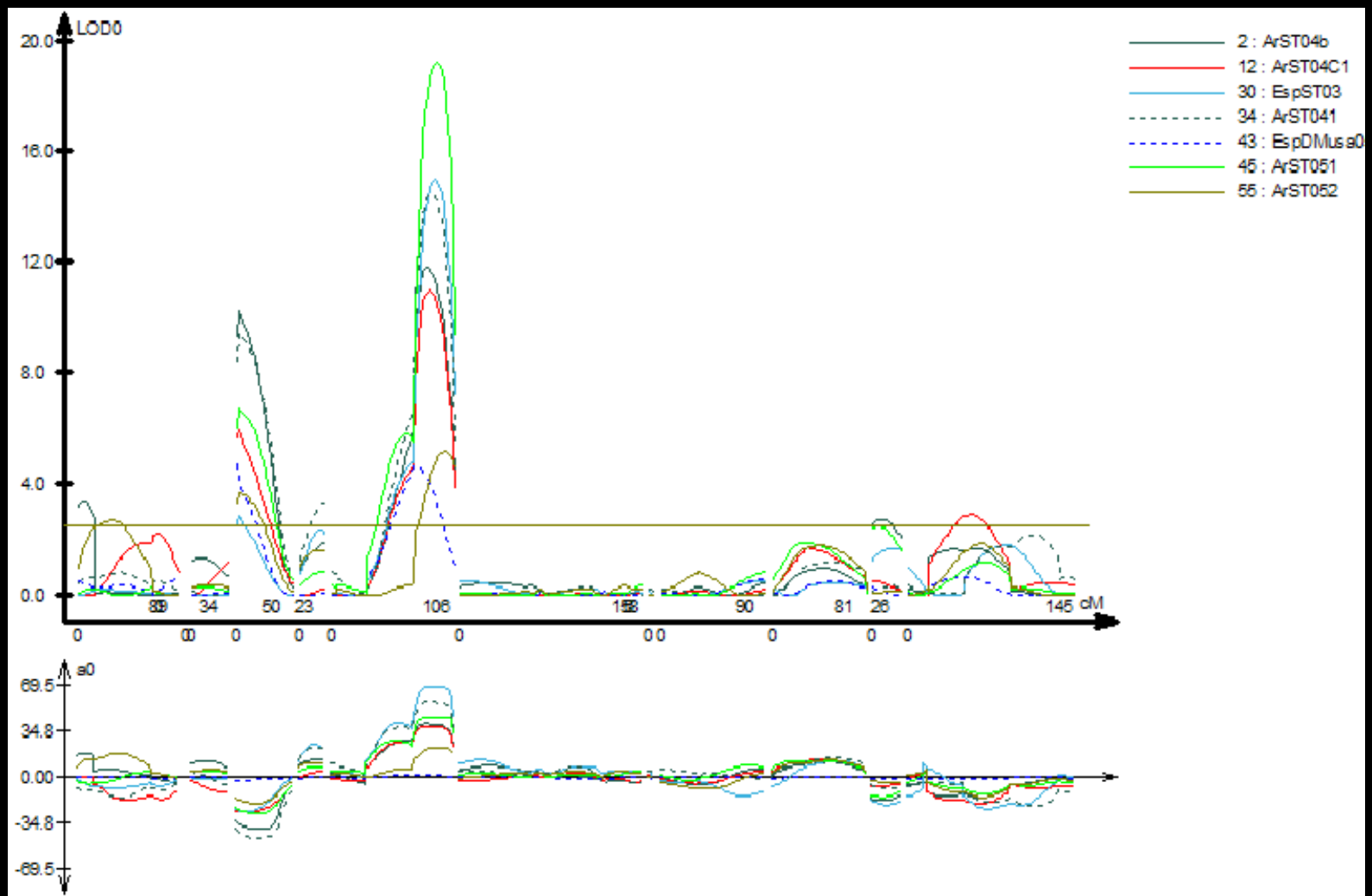
CROMOSOMA 3H

30.5  
Bmag225

72.1  
Bmag606

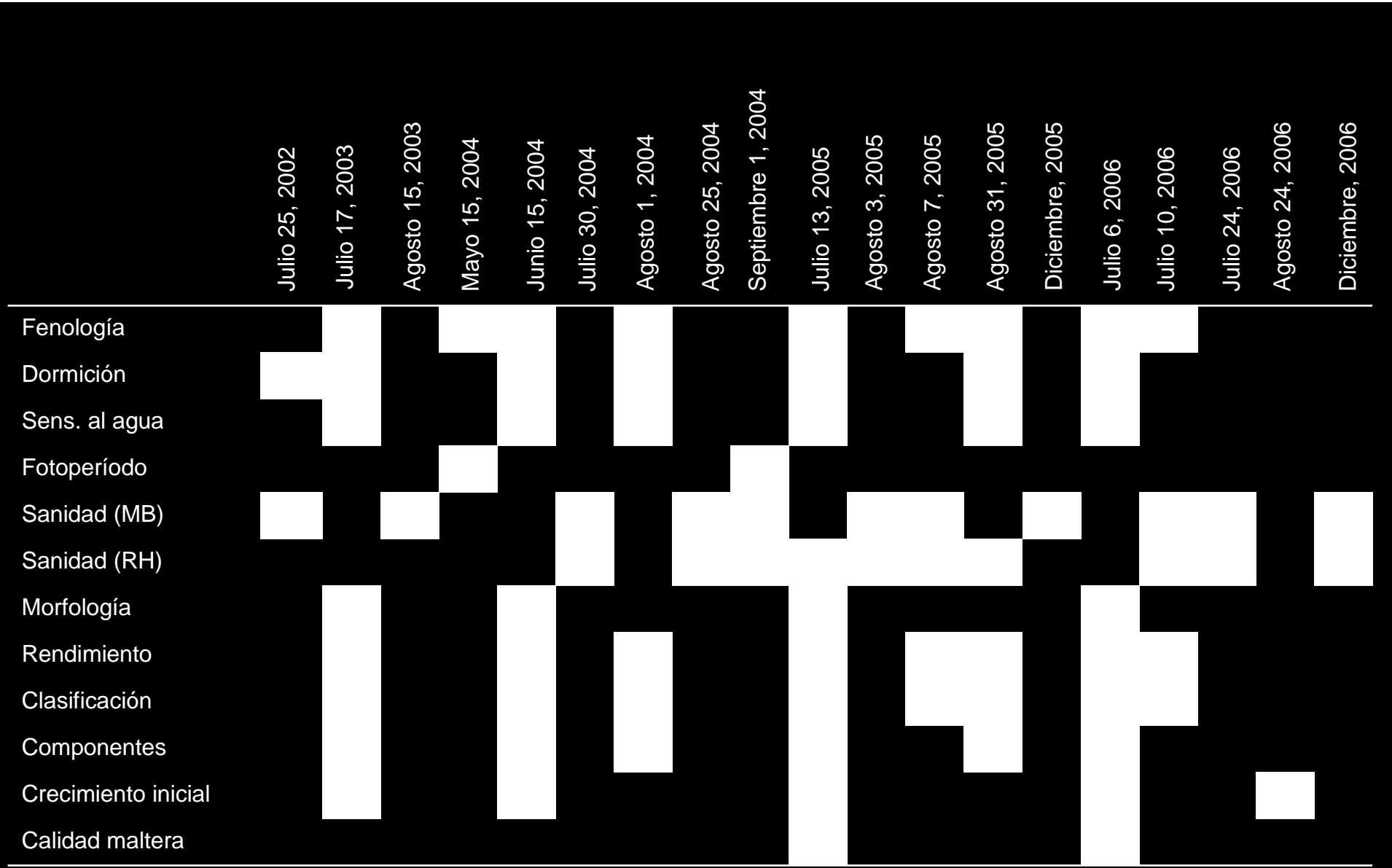
106.3  
Bmag013

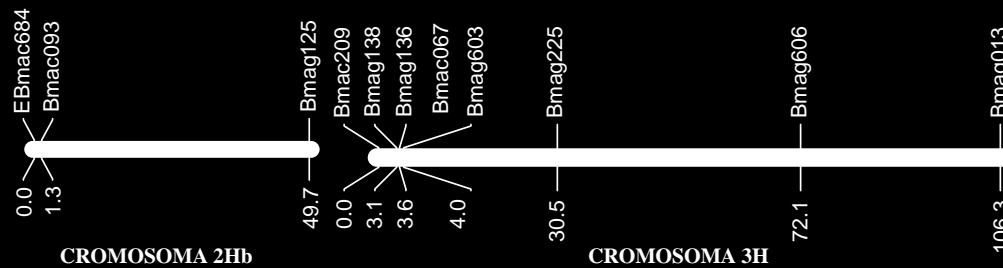
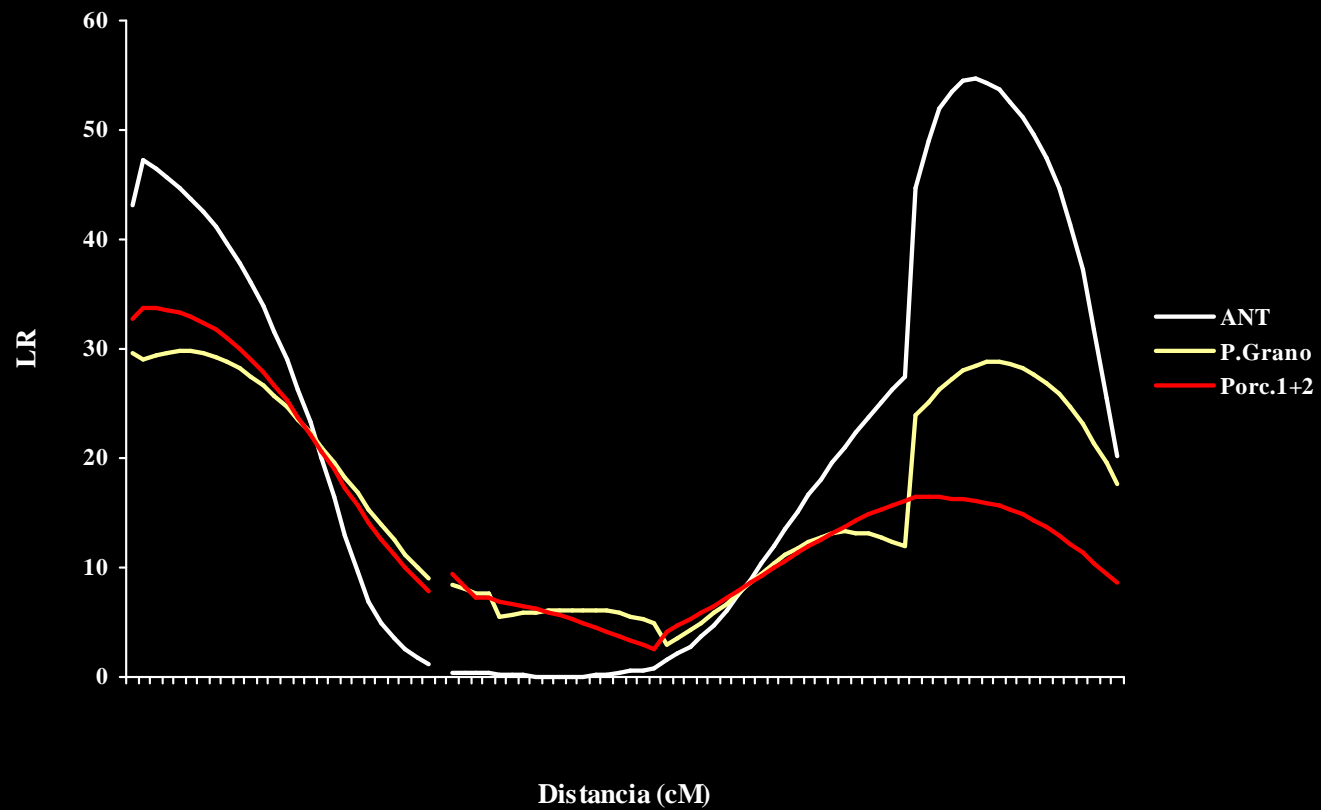


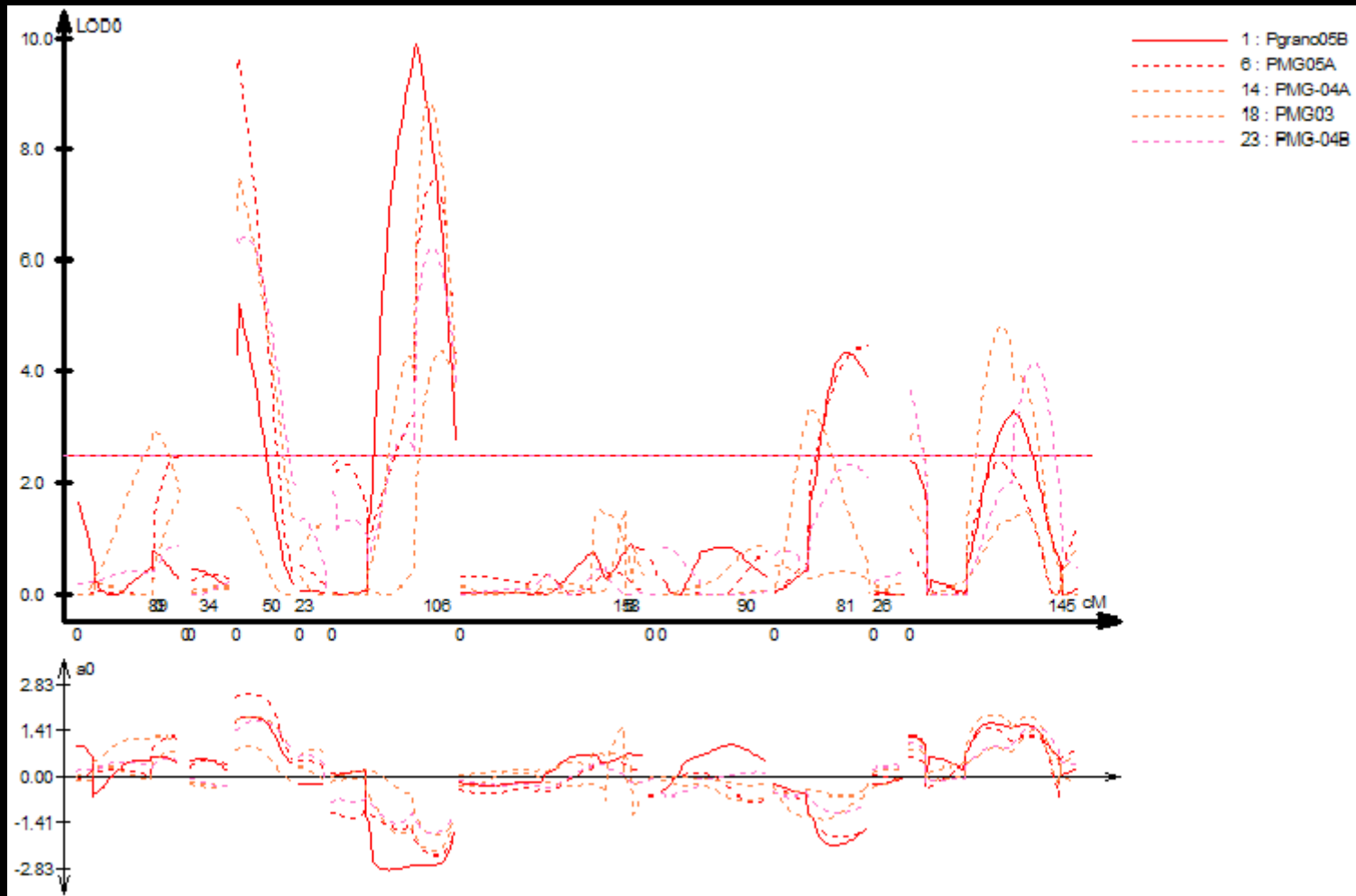


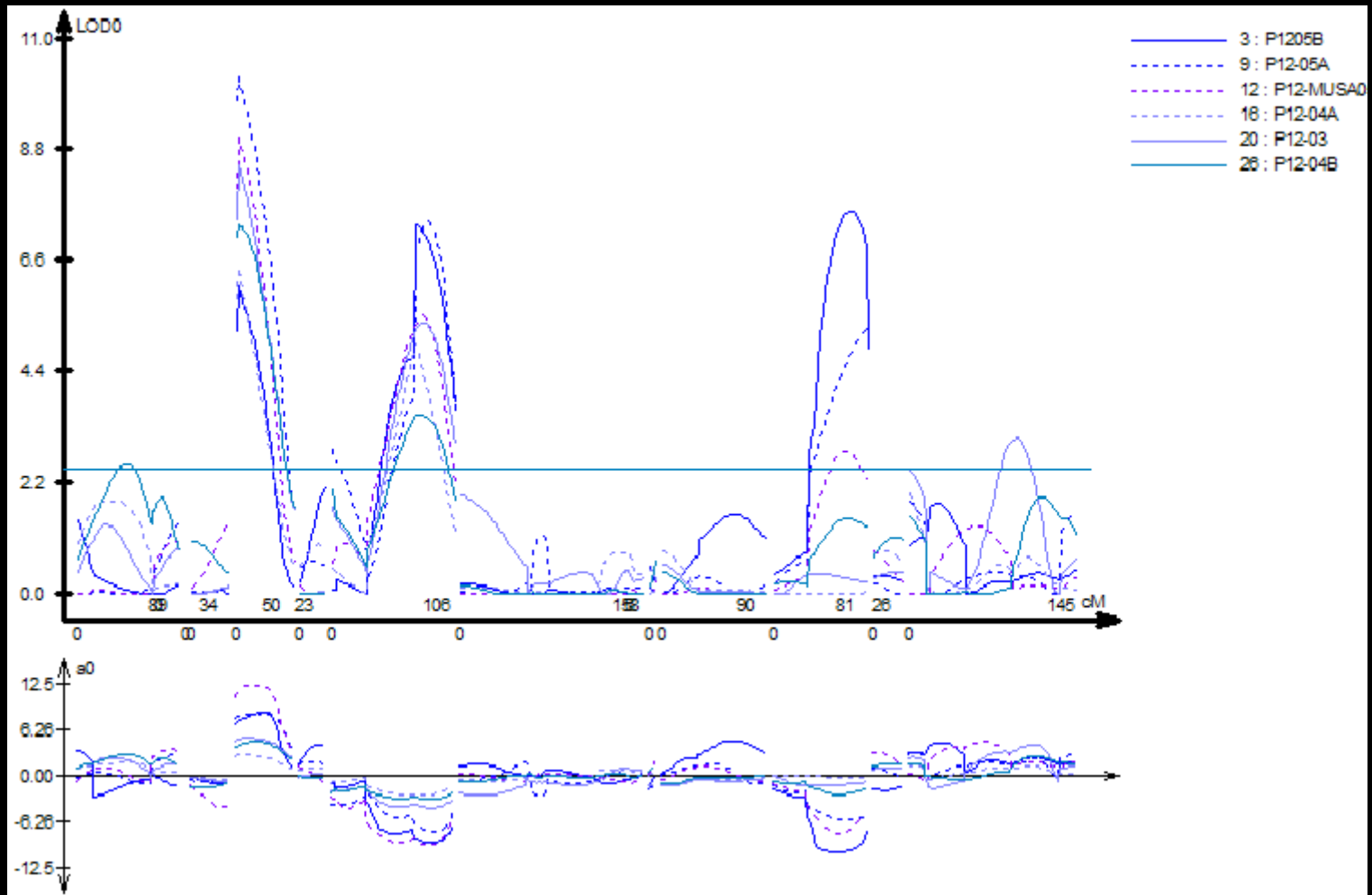
Alelos presentes

QTL 2H	QTL 3H	Ciclo
<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>









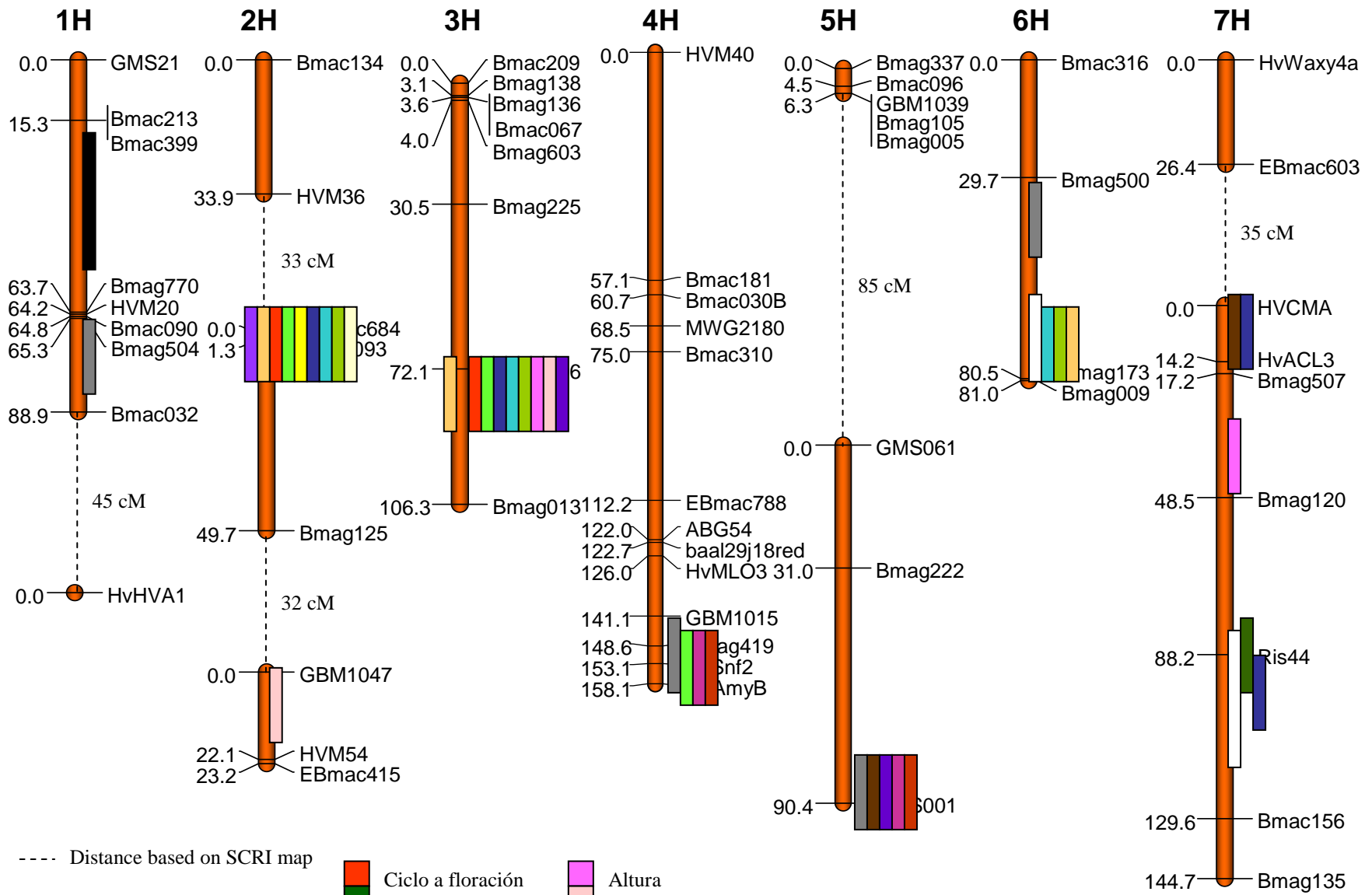
Alelos presentes		Ciclo	PMG	P12
QTL 2H	QTL 3H			
<b>BCD47</b>	<b>Baronesse</b>	<b>73.1</b>	<b>47.5</b>	<b>86.1</b>
<b>BCD47</b>	BCD47	<b>77.4</b>	<b>43.5</b>	<b>76.3</b>
Baronesse	Baronesse	<b>77.3</b>	<b>43.4</b>	<b>74.1</b>
Baronesse	BCD47	<b>81.6</b>	<b>38.8</b>	<b>60.2</b>
<b>Baronesse</b>		<b>80.5</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

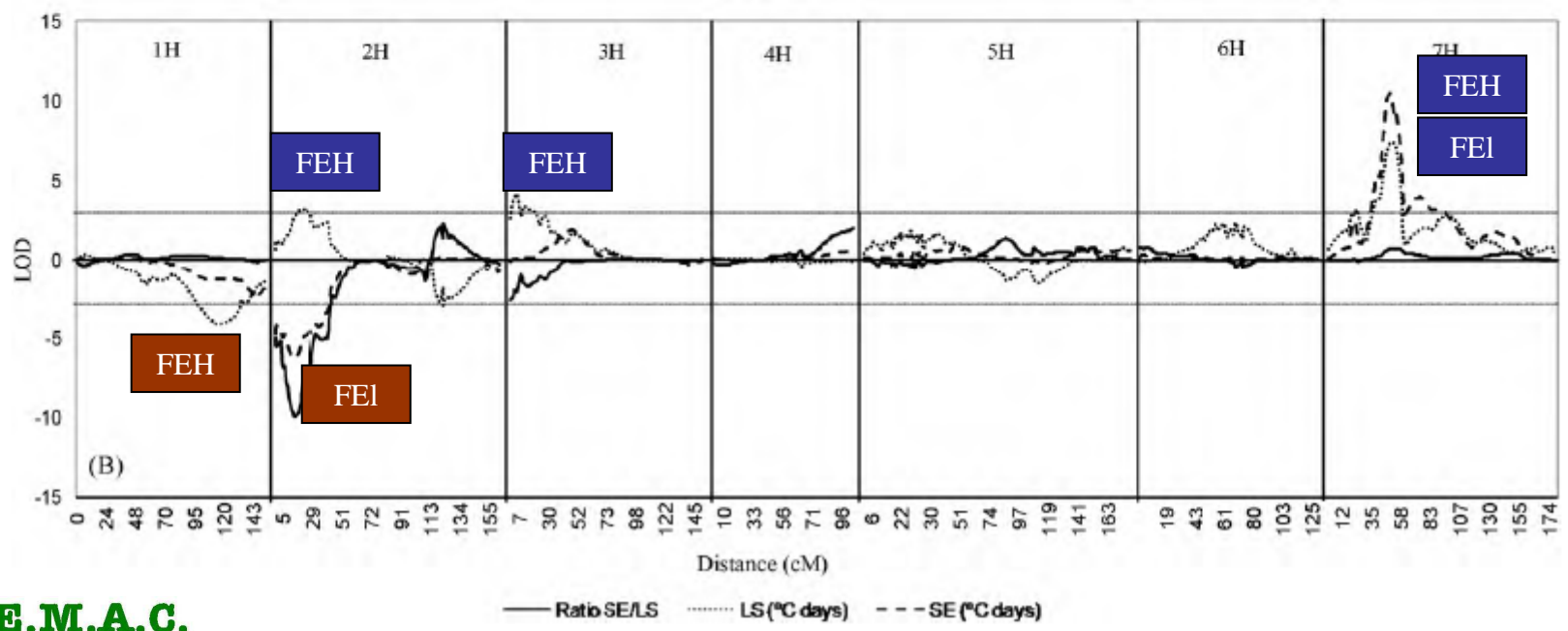
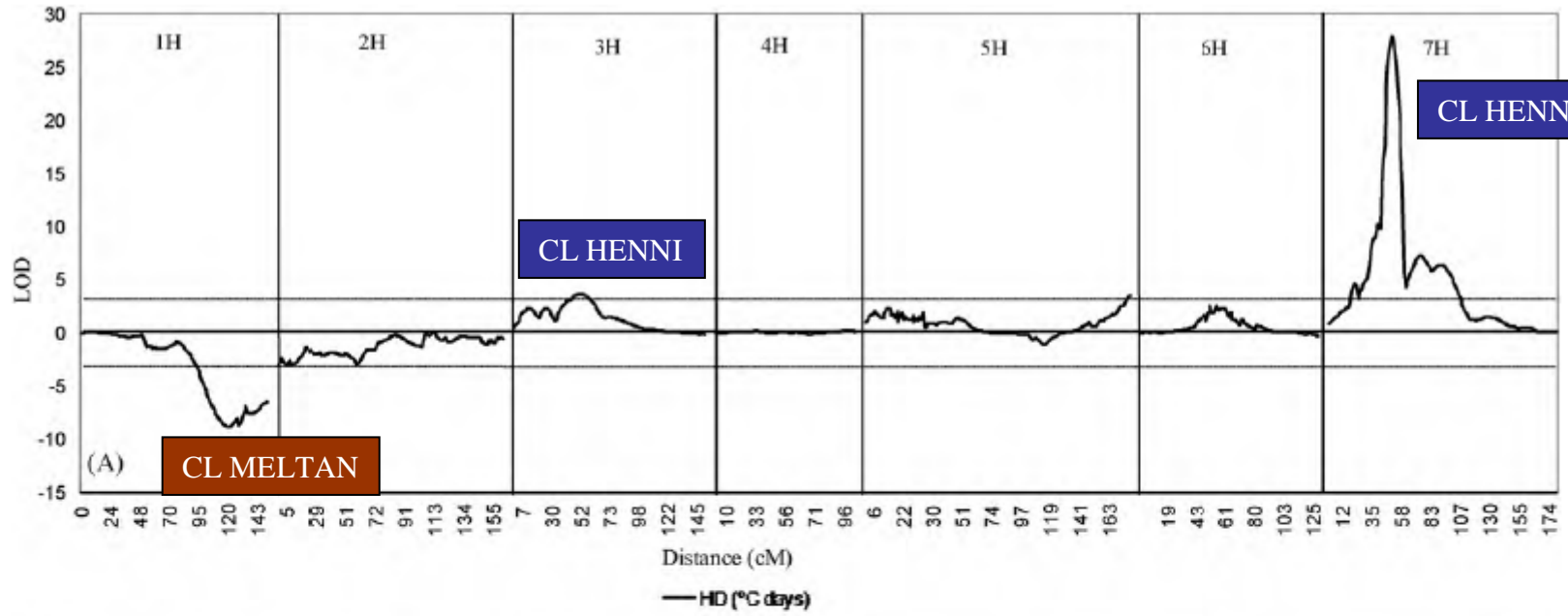
- Ciclo a floración
- Rendimiento
- Índice de cosecha
- Granos/m<sup>2</sup>
- Peso de grano
- Clasificación de grano
- Rendimiento 1<sup>a</sup>+2<sup>a</sup>
- Altura
- Excursión de espiga
- Macollos
- Proteína
- Extracto de malta
- Poder diastásico
- Alfa amilasa
- Betaglucanos

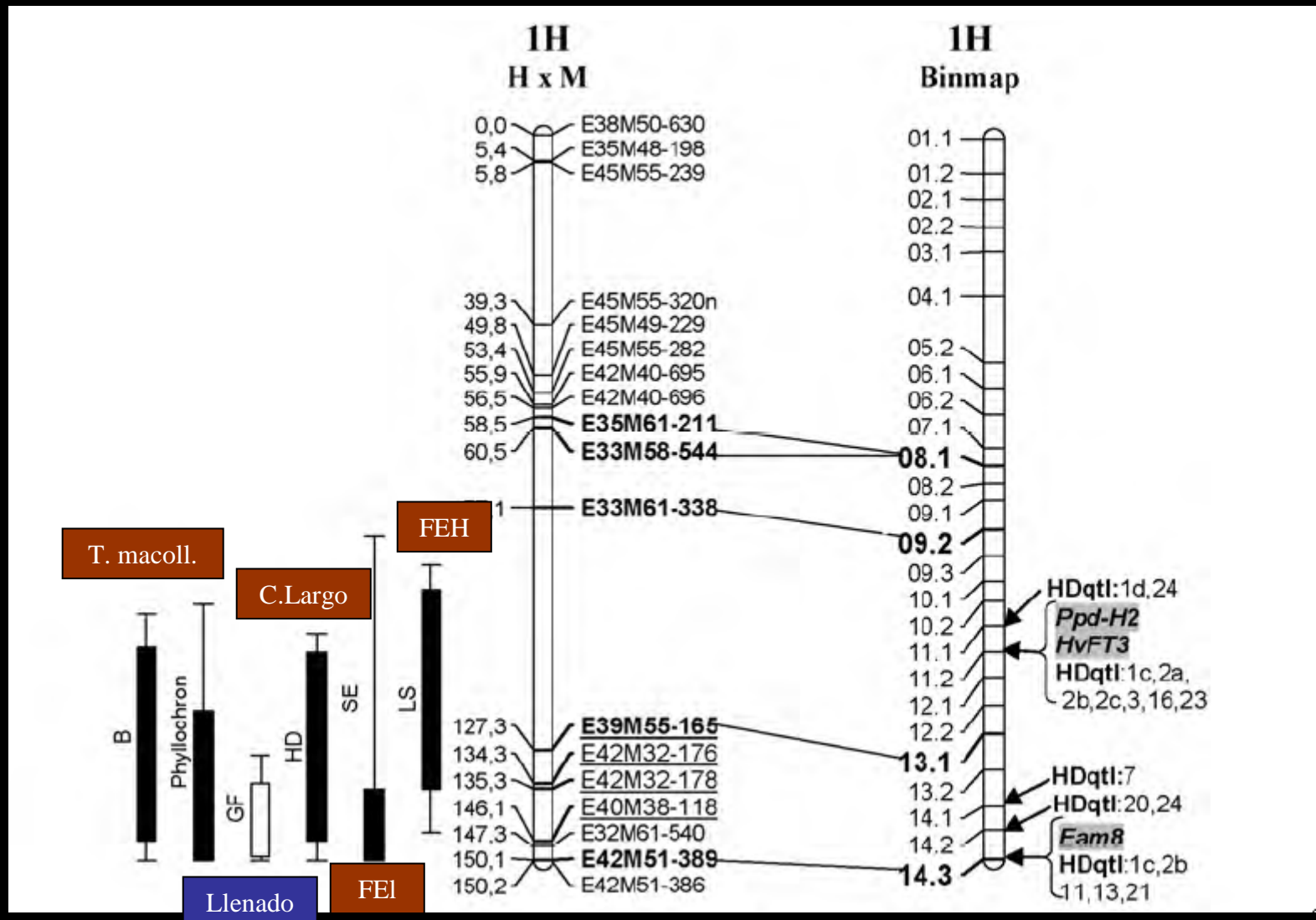
- Dormición semilla
- Sensibilidad al agua

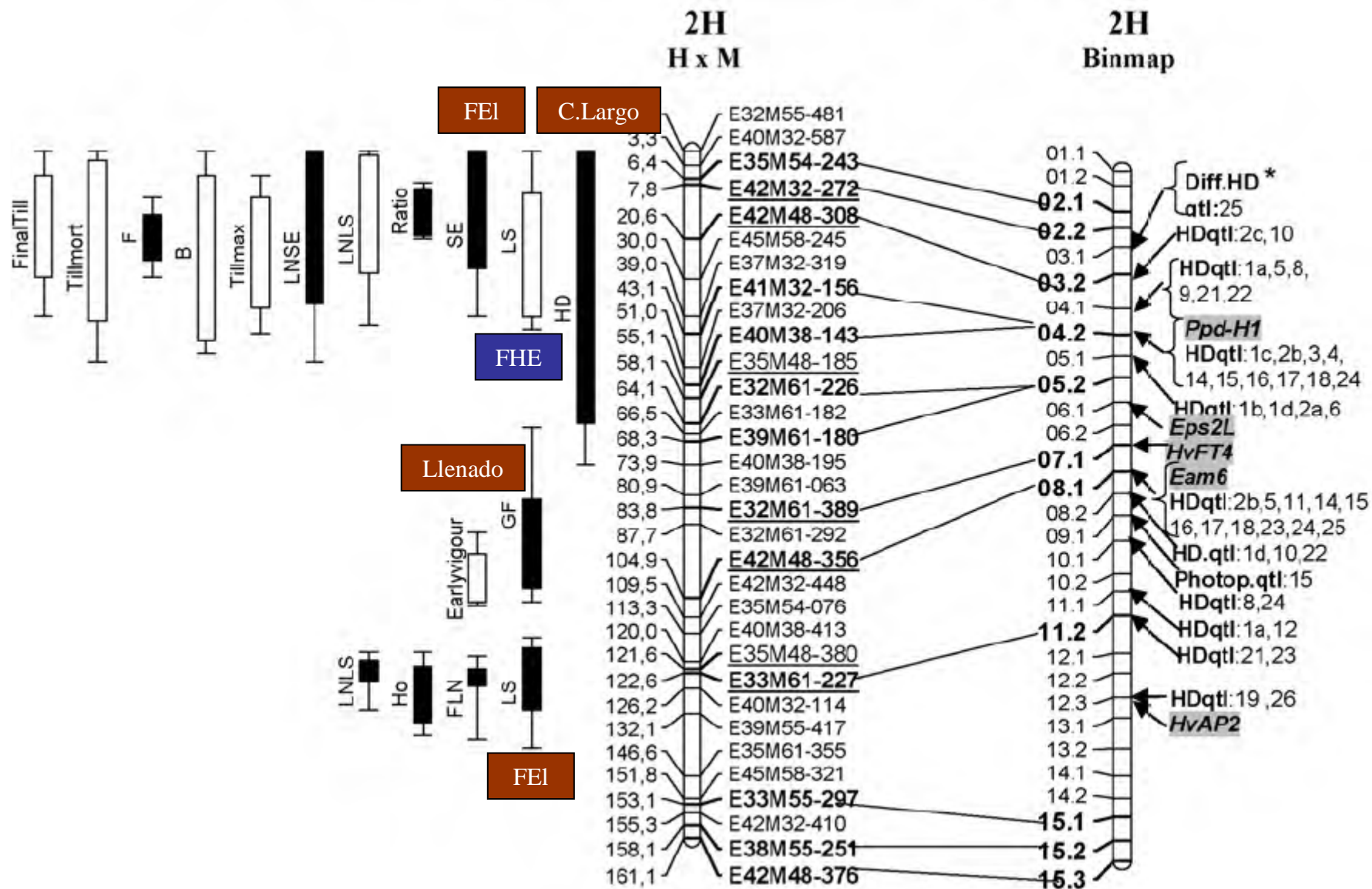
# Población Henni/Meltan (Borras et al., 2010)

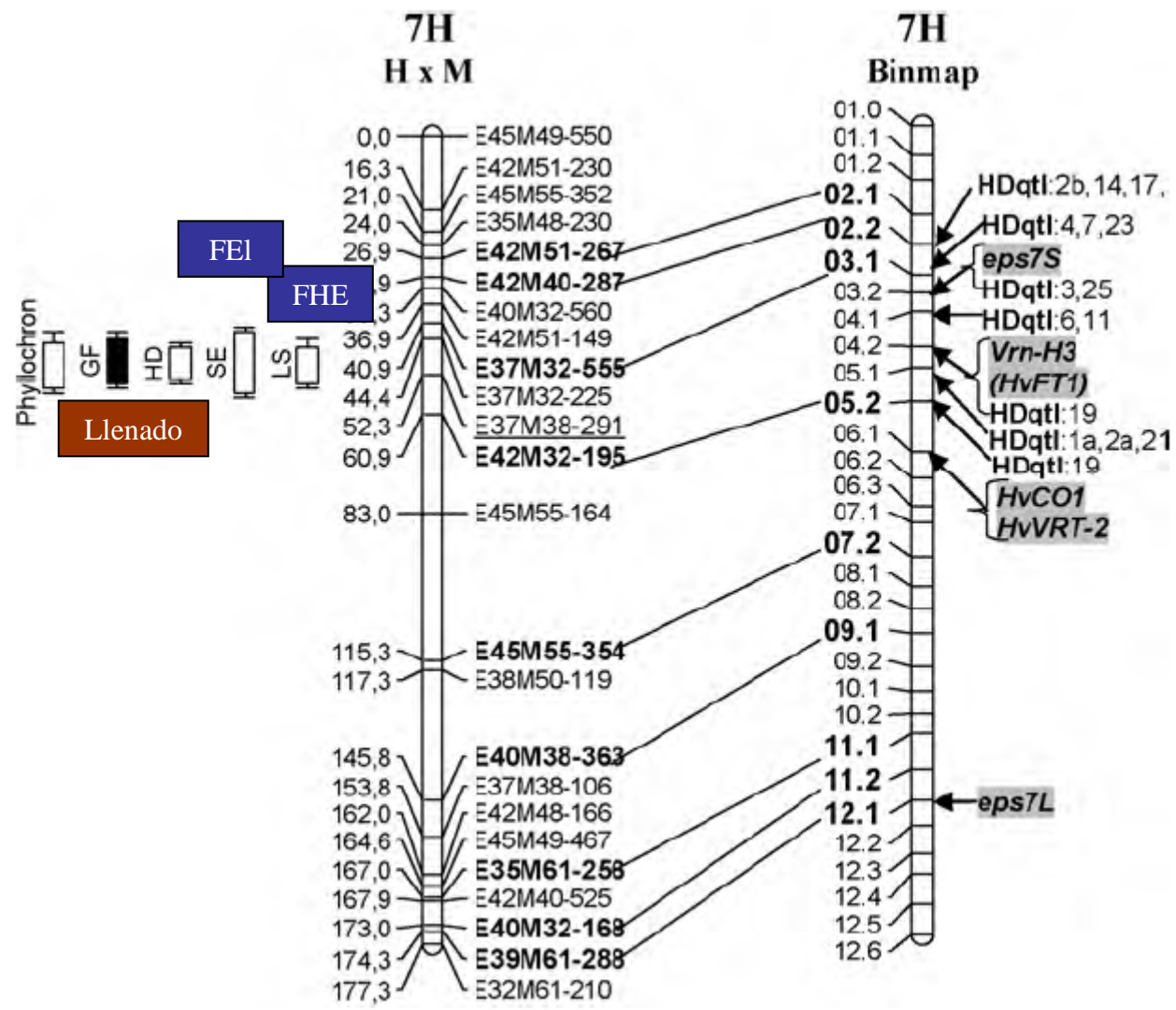
- Ciclo a Antesis
- Periodos analizados: Fase de iniciación de hojas y espiguillas (FHE), Fase de elongación (FEI)
- Emergencia de hojas, filocron, dinámica de macollaje











## POTENCIALIDADES DEL ANALISIS DE QTL

- **Disecion de los componentes geneticos 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**



## Bibliografía

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