



Factores genotípicos (G), ambientales (E) e interacción GxE que determinan la amarillez de granos de una población de trigo candeal (*Triticum turgidum* L. ssp. durum)

A. Schulthess¹, I. Matus², A.R. Schwember¹

¹ Departamento de Ciencias Vegetales, FAIF PUC

² Programa Nacional de Trigo, INIA Quilamapu, Chillán

Valdivia, Martes 15 de Noviembre de 2011

Agenda

1-Introducción

2-Materiales y Métodos

3- Resultados

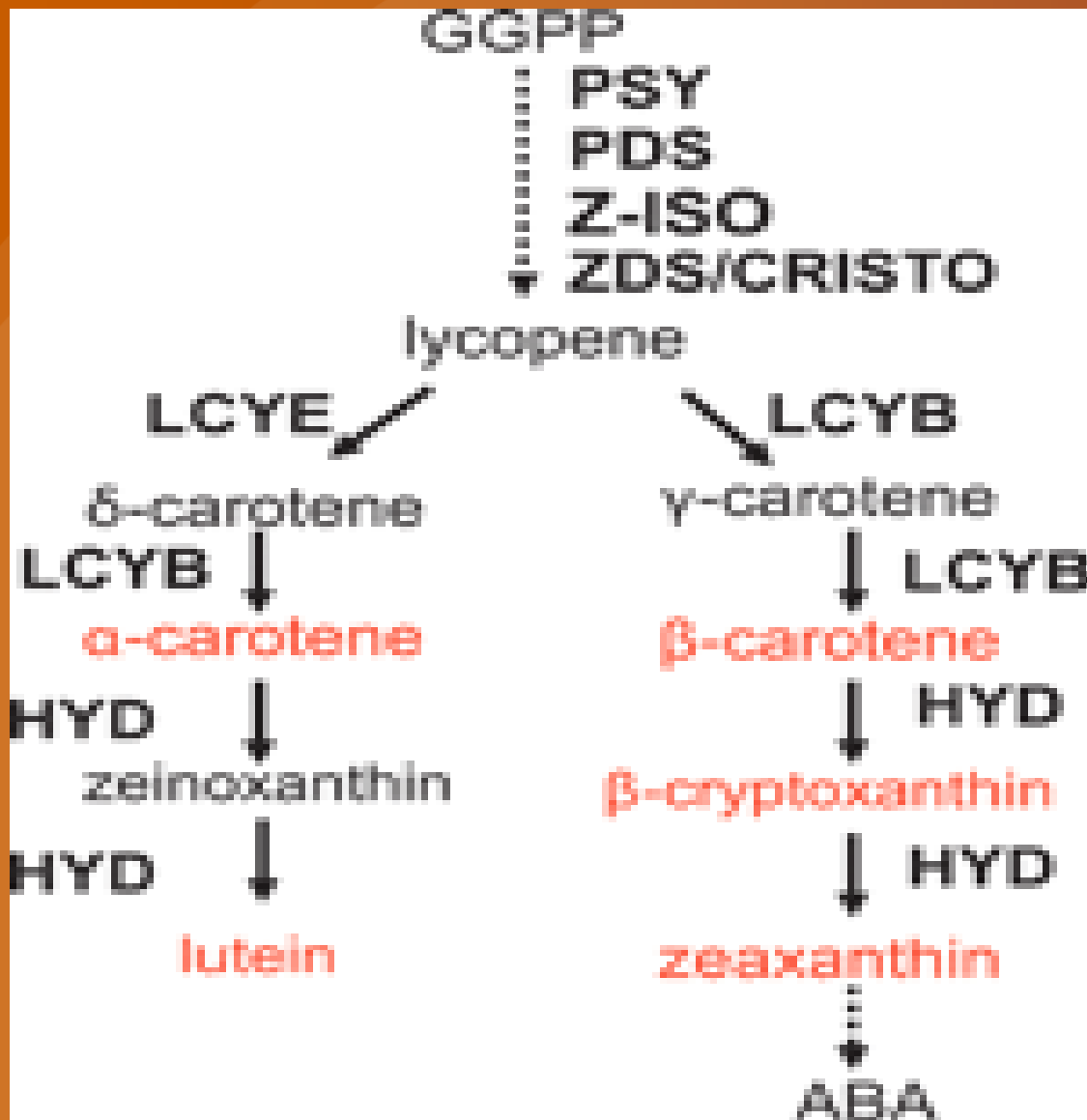
4- Conclusiones

Introducción

Por qué estudiar la amarillez de granos de trigo candeal?

- Motivación científica y de fitomejoramiento
- Motivación nutricional
- Motivación práctica y de la industria

Introducción- Color del grano



Importancia de los carotenoides

Ideotipo del grano de trigo candeal

Objetivos del fitomejoramiento

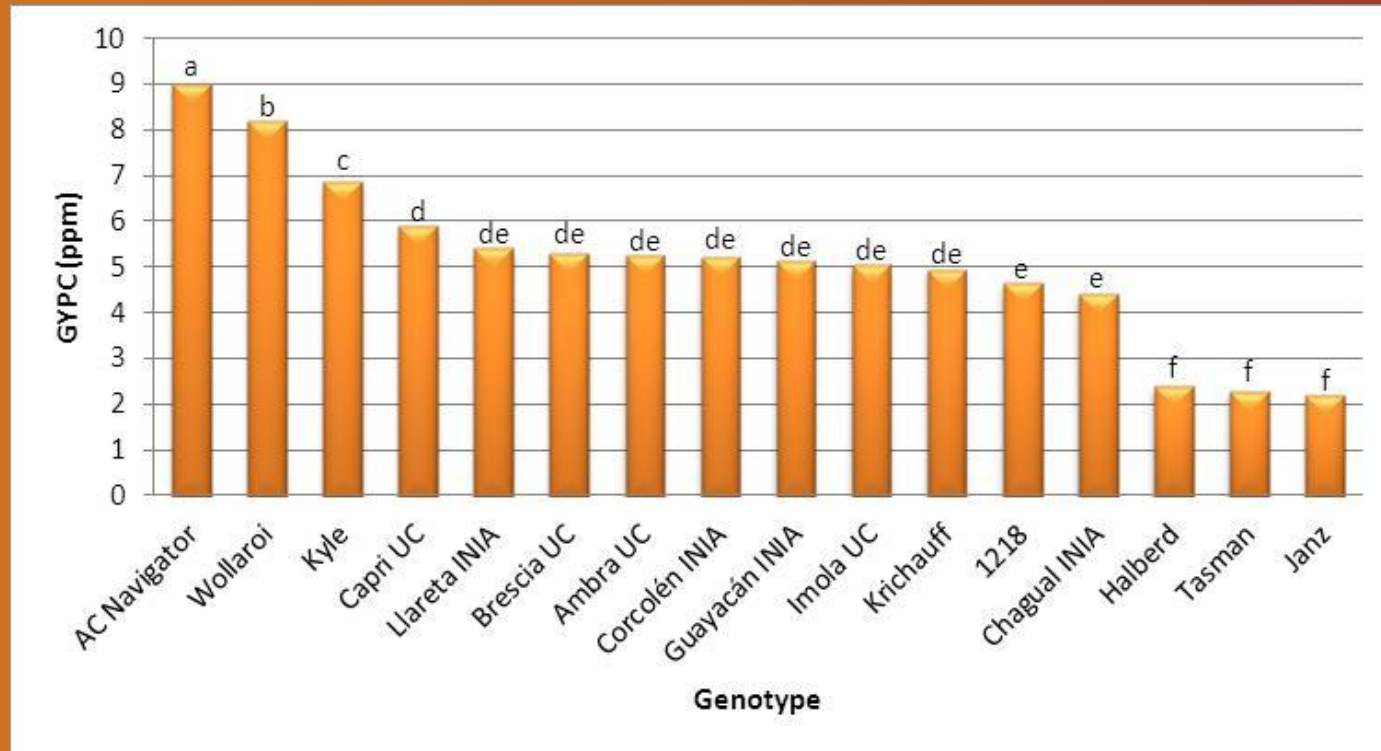
Problemas de calidad

Índice L*, índice b* y CPA

Altamente heredable: h^2 de CPA entre 0,63-0,99 (Clarke et al., 2005; Reimer et al., 2008; Digesù et al., 2009)

Se han identificado regiones cromosómicas relacionadas a color de grano en los cromosomas 7A y 7B (Elouafi et al., 2001; Pozniak et al., 2007; Zhang y Dubcovsky, 2008)

Introducción- Estudios Preliminares



(Schulthess y Schwember, no publicado, 2011)

Introducción- Objetivos

Objetivo Principal

Estudiar la amarillez de semolina y cuantificar los efectos genotípicos, de localidad y de interacción genotipo x localidad (GxL) sobre el fenotipo

Objetivos secundarios:

- Evaluar el potencial del material genético
- Estimar heredabilidades
- Estimar relaciones entre los atributos de brillo y amarillez

Materiales y Métodos- Ensayos de Campo

➤ Ensayos en 6 localidades durante la temporada 2010-2011:

- Humán (Hu R) (VIII Región)
- La Platina (P R) (RM)
- Mulchén (M R) (VIII Región)
- Santa Rosa (SR R) (VIII Región)
- Yungay (Y R) (VIII Región)
- Hidango (Hi S) (VI Región)

➤ Material evaluado: 25 Genotipos

- 4 variedades control: Llareta(1), Corcolén(2), Lleuque(3) y Saragolla(10)
- 21 líneas avanzadas (incluidas 2 líneas hermanas)

➤ Diseño Experimental para cada localidad

- Alpha-lattice 5x5 de bloques incompletos, con 4 repeticiones por genotipo

➤ Manejo agronómico:

- Fertilización (kg/ha): N: 200; P2O5: 120; K2O: 80-90; MgO: 36; S: 44; Zn 1,05 y B: 1,1
- Control de malezas: Bacara Forte (PS), MCPA-750 + Ajax (PE)
- Desinfección de semilla con Mancozeb + Carbendazim (Anagran plus)
- Riego según las necesidades del cultivo

Materiales y Métodos- Determinación Índice L*, b* y CPA

- Previo a medición de amarillez de semolina:
 - 100 g de granos pasados 3 veces por molino de rodillos
 - Tamizado con malla de 60 Mesh



- 2 métodos de medición de amarillez en semolina:

- Colorímetro:
 - CR 400 con adaptador CR-A50 para material granular
 - Medición de índices L* y b*: promedio de 3 mediciones
- Extracción de pigmentos y espectrofotometría (Zhang y Dubcovsky, 2008):
 - Basado en método AACC 14-50
 - Muestra de 0,5 g de semolina
 - 1,5 ml de n-butanol saturado con agua
 - Agitado por 1 minuto y luego reposo por 1 hora
 - Centrifugación por 5 minutos a 9000 rpm
 - Medición de absorbancia del sobrenadante a un λ de 448 nm en espectrofotómetro EPOCH en microplacas de 96 pocillos (Promedio de 3 lecturas)
 - Concentración de pigmentos amarillos en ppm de semolina (modif. Ley de Lambert-Beer):



$$CPA = \frac{[Abs * Volumen(ml) * 1000]}{[251 * peso(g) * paso \acute{o}ptico(cm)]}$$

Materiales y Métodos-Análisis Estadístico

Para Índice L*, b* y CPA:

- Análisis Combinado de Varianza a través de las 6 localidades para un diseño básico de BCA con los bloques anidados dentro de las localidades
- Genotipos e interacción como aleatorios para estimación de σ^2_A y $\sigma^2_{G \times E}$
- Genotipos como fijos para generación de rankings
- Estimación de heredabilidad (h^2):
 - h^2 a través de las 6 localidades:
$$\frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_{G \times E} + \sigma^2_{Error}}$$
 - h^2 por localidad:
$$\frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_{Error}}$$
- PCA: Software InfoStat
 - Promedios de cada genotipo/ambiente
 - Variables consideradas: 6 localidades
 - Normalización del valor de CP1 y CP2 para gráficos biplot
- Coeficientes de Correlación de Pearson entre índices L*, b* y CPA: Software InfoStat

Resultados- Índice L*

ANOVA combinado a través de Localidades

FV	GL	SC	CM	F	p	% del Total	σ^2	h^2
Genotipo	24	90,33	3,76	9,58	3,64E-18	30,81	0,14	0,43
Localidad	5	98,24	19,65	50,00	9,22E-28	33,51	-	
Repetición (Localidad)	18	6,57	-	-	-		-	
Genotipo x Localidad	120	47,15	0,39	3,34	5,51E-20	16,10	0,07	
Error	432	50,89	0,12				0,12	
Total	599	293,18						

Heredabilidades (h^2)

Localidad	h^2
Hu R	0,66
P R	0,63
M R	0,55
SR R	0,69
Y R	0,67
Hi S	0,71

Índice L* promedio por localidad

Localidad	Índice L*
Hu R	87,49
P R	87,64
M R	87,63
SR R	88,07
Y R	88,55
Hi S	88,40

Ranking de promedios a través de localidades

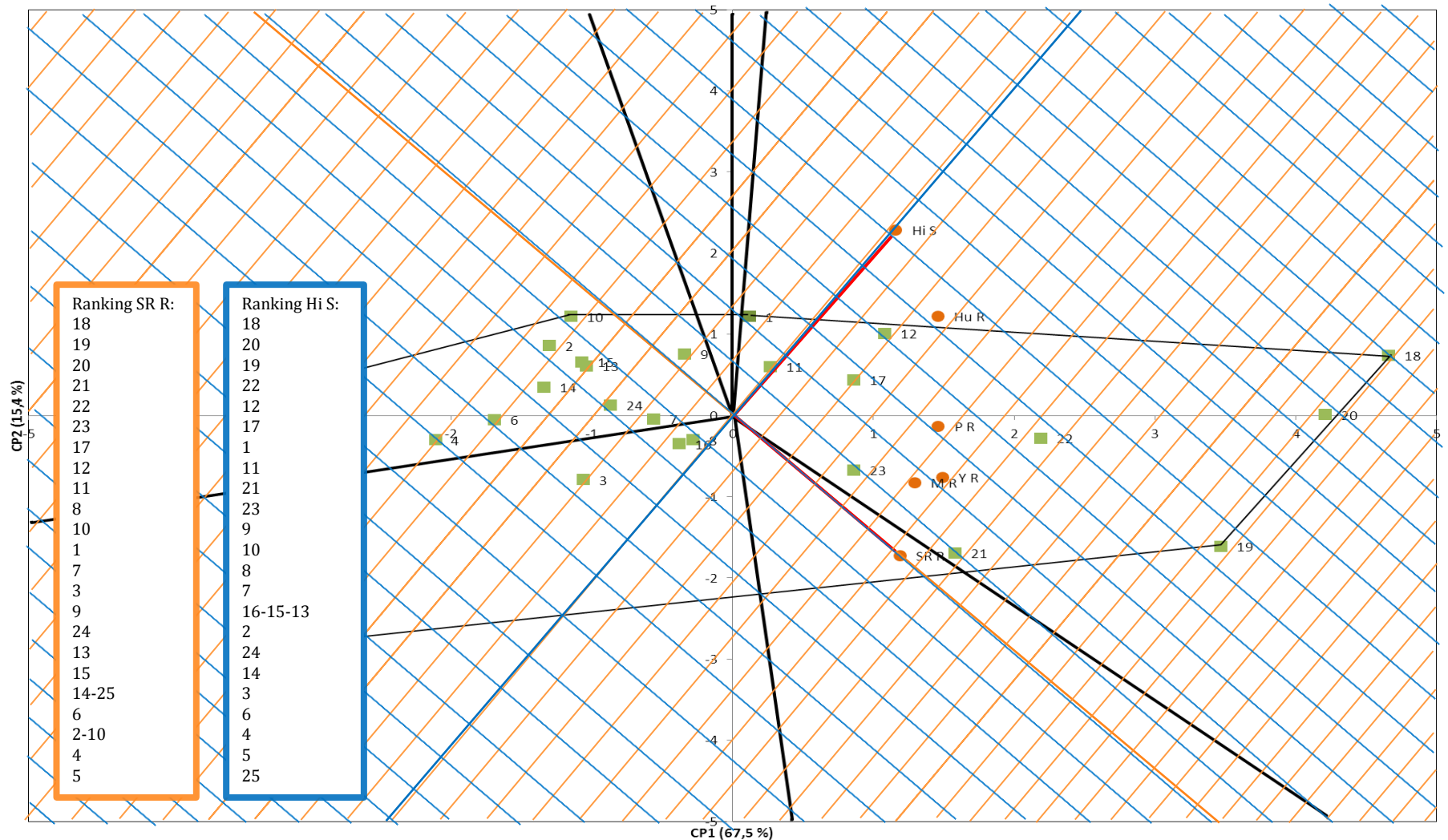
Genotipo	Índice L*	*
18	88,87	a
20	88,80	a
19	88,67	a b
22	88,41	b c
21	88,31	c d
23	88,15	c d e
12	88,14	c d e
17	88,10	c d e f
11	87,99	d e f g
1	87,96	d e f g
8	87,93	e f g
16	87,89	e f g h
9	87,88	e f g h
7	87,87	e f g h
24	87,77	f g h i
3	87,76	f g h i
13	87,73	g h i
15	87,72	g h i
10	87,71	g h i
2	87,70	g h i
14	87,69	g h i j
6	87,64	g h i j
4	87,56	h i j
25	87,46	i j
5	87,34	j

Máximo Valor Fenotípico: Genotipo 19 en YR: 89,59

Mínimo Valor Fenotípico: Genotipo 25 en Hu R: 86,59

Resultados- Índice L*

Interacción GxE



Resultados- Índice b*

ANOVA combinado a través de Localidades

FV	GL	SC	CM	F	P	% del Total	σ^2	h^2
Genotipo	24	965,66	40,24	66,63	5,02E-58	60,60	1,65	0,85
Localidad	5	466,37	93,27	154,47	1,53E-50	29,27	-	
Repetición (Localidad)	18	6,75					-	
Genotipo x Localidad	120	72,46	0,60	3,17	2,22E-18	4,55	0,10	
Error	432	82,33	0,19				0,19	
Total	599	1593,58						

Heredabilidades (h^2)

Localidad	h^2
Hu R	0,93
P R	0,89
M R	0,93
SR R	0,90
Y R	0,90
Hi S	0,88

Ranking de promedios a través de localidades

Genotipo	Índice b*	*
25	22,27	a
5	21,95	a b
16	21,88	a b
8	21,68	b c
10	21,63	b c
7	21,62	b c
6	21,57	c
21	21,39	c
9	20,66	d
2	20,58	d
11	20,51	d
13	20,50	d
22	20,26	d e
20	19,97	e f
1	19,52	f g
14	19,48	g
24	19,30	g
17	19,29	g
23	19,26	g
18	18,78	h
19	18,74	h
15	18,61	h i
4	18,54	h i
12	18,37	h i
3	18,28	i

Índice b* promedio por localidad

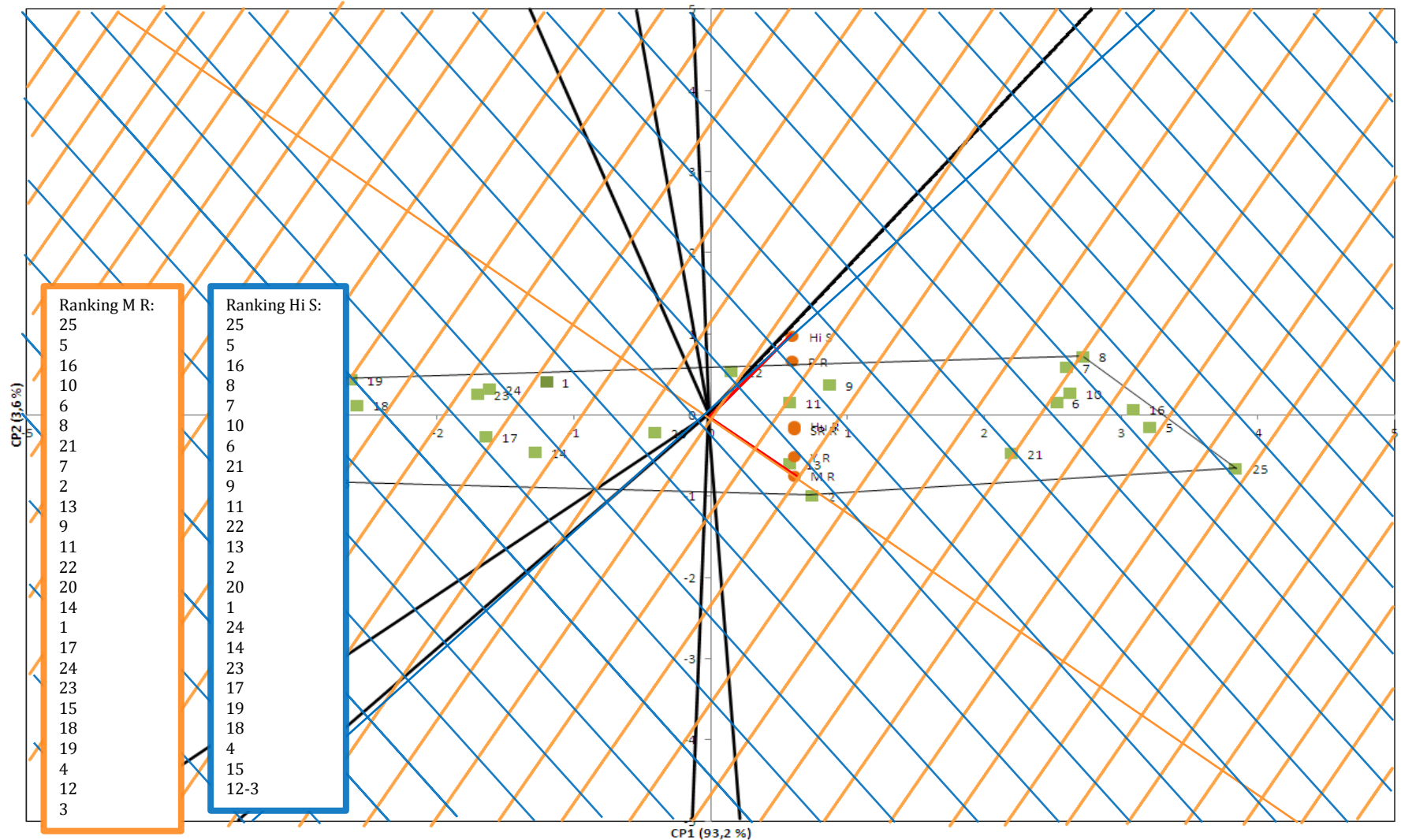
Localidad	Índice b*
Hu R	21,23
P R	20,18
M R	18,82
SR R	20,54
Y R	21,06
Hi S	19,29

Máximo Valor Fenotípico: Genotipo 25 en Y R: 23,55

Mínimo Valor Fenotípico: Genotipo 15 en Hi S: 16,87

Resultados- Índice b^*

Interacción GxE



Resultados- CPA

ANOVA combinado a través de Localidades

FV	GL	SC	CM	F	P	% del Total	σ^2	h^2
Genotipo	24	121,37	5,06	59,33	2,89E-55	71,00	0,21	0,84
Localidad	5	26,87	5,37	63,06	5,94E-32	15,72	-	
Repetición (Localidad)	18	1,34					-	
Genotipo x Localidad	120	10,23	0,09	3,31	1,01E-19	5,98	0,01	
Error	432	11,13	0,03				0,03	
Total	599	170,94						

Heredabilidades (h^2)

Localidad	h^2
Hu R	0,91
P R	0,88
M R	0,88
SR R	0,91
Y R	0,91
Hi S	0,87

Ranking de promedios a través de localidades

Genotipo	CPA	*
10	4,422	a
25	4,335	a b
21	4,271	a b
8	4,268	a b
7	4,243	b
16	4,223	b
6	4,181	b
5	3,990	c
20	3,742	d
11	3,709	d
9	3,683	d
22	3,669	d
2	3,488	e
13	3,473	e f
19	3,417	e f g
24	3,355	e f g h
17	3,325	e f g h
23	3,320	f g h i
1	3,305	g h i
14	3,273	g h i j
18	3,213	h i j k
15	3,154	i j k l
12	3,132	j k l
3	3,059	k l
4	3,015	l

CPA promedio por localidad

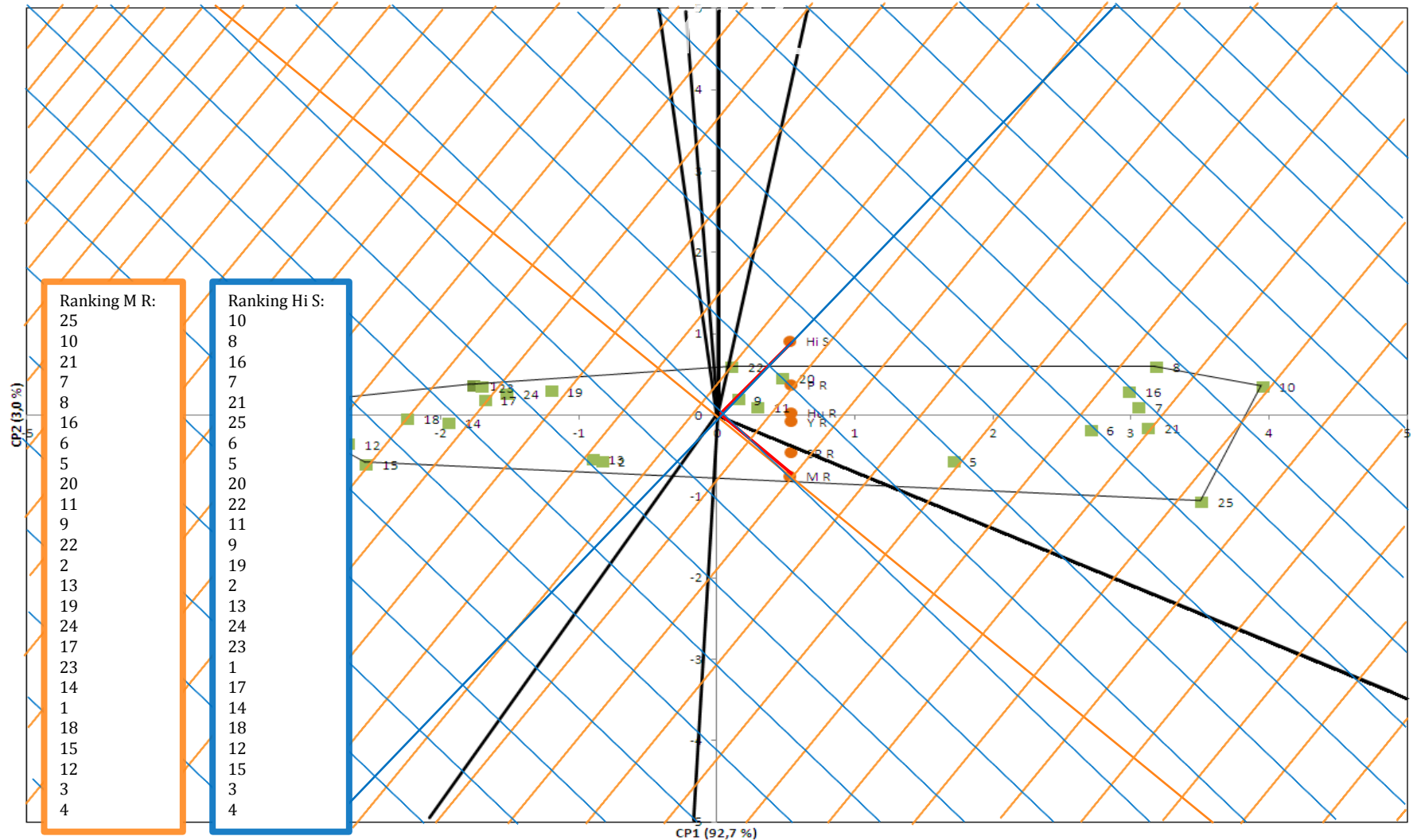
Localidad	CPA
Hu R	3,85
P R	3,65
M R	3,33
SR R	3,85
Y R	3,81
Hi S	3,41

Máximo Valor Fenotípico: Genotipo 10 en Y R: 4,95

Mínimo Valor Fenotípico: Genotipo 4 en M R: 2,57

Resultados- CPA

Interacción GxE



Resultados- Relación entre atributos

Ambiente	L* x b*	L* x CPA	b* x CPA
Hu R	-0,34***	-0,2*	0,90***
P R	-0,44***	-0,18 n.s.	0,85***
M R	0,05 n.s.	0,15 n.s.	0,89***
SR R	-0,42***	-0,14 n.s.	0,84***
Y R	-0,38***	-0,10 n.s.	0,83***
Hi S	-0,29**	-0,17 n.s.	0,89***
General	-0,18***	-0,06 n.s.	0,87***

Genotipo	L* x b*	L* x CPA	b* x CPA
1	0,05 n.s.	-0,06 n.s.	0,77***
2	-0,34 n.s.	-0,41*	0,8***
3	0,17 n.s.	0,59**	0,59**
4	0,06 n.s.	0,38 n.s.	0,73***
5	-0,28 n.s.	-0,17 n.s.	0,69***
6	0,08 n.s.	0,11 n.s.	0,70***
7	-0,38 n.s.	-0,29 n.s.	0,84***
8	-0,33 n.s.	-0,20 n.s.	0,84***
9	0,08 n.s.	0,16 n.s.	0,90***
10	-0,13 n.s.	0,32 n.s.	0,68***
11	0,29 n.s.	0,14 n.s.	0,88***
12	-0,06 n.s.	-0,08 n.s.	0,84***
13	-0,04 n.s.	-0,22 n.s.	0,76***
14	-0,14 n.s.	-0,12 n.s.	0,87***
15	0,03 n.s.	-0,03 n.s.	0,74***
16	-0,19 n.s.	-0,5*	0,62**
17	0,06 n.s.	0,00 n.s.	0,77***
18	-0,17 n.s.	-0,28 n.s.	0,75***
19	-0,26 n.s.	0,10 n.s.	0,76***
20	-0,01 n.s.	0,11 n.s.	0,72***
21	-0,04 n.s.	0,16 n.s.	0,83***
22	-0,25 n.s.	-0,14 n.s.	0,74***
23	-0,11 n.s.	-0,01 n.s.	0,8***
24	0,26 n.s.	0,35 n.s.	0,68***
25	0,0682 n.s.	0,40 n.s.	0,76***

Digesù et al. 2009: Relación positiva entre brillo y amarillez de semolina

Pozniak: “Mientras más amarilla la semolina menor el brillo de ésta”

Alta relación entre ambos métodos de medición de amarillez

Tendencia general por genotipo: No hay relación significativa entre brillo y amarillez

Relación entre atributos y rendimiento

Ambiente	L* x Rend	b*x Rend	CPA x Rend
Hu R	0,03 n.s.	0,10 n.s.	0,07 n.s.
P R	-0,08 n.s.	0,23*	0,22*
M R	-0,02 n.s.	-0,38***	-0,3**
SR R	0,24*	-0,02 n.s.	0,03 n.s.
Y R	0,3**	-0,05 n.s.	0,24*
Hi S	0,21*	-0,16 n.s.	-0,06 n.s.
General	0,15***	-0,22***	-0,12**

Genotipo	L* x Rend	b* x Rend	CPA x Rend
1	0,188 n.s.	-0,777***	-0,700***
2	0,164 n.s.	-0,570**	-0,543**
3	-0,031 n.s.	-0,524**	-0,343 n.s.
4	-4,6E-04 n.s.	-0,004 n.s.	0,017 n.s.
5	0,531**	-0,060 n.s.	-0,095 n.s.
6	0,224 n.s.	-0,138 n.s.	-0,119 n.s.
7	0,296 n.s.	-0,015 n.s.	0,021 n.s.
8	0,225 n.s.	-0,040 n.s.	0,065 n.s.
9	0,254 n.s.	-0,706***	-0,708***
10	0,689***	-0,504*	-0,015 n.s.
11	-0,147 n.s.	-0,657***	-0,689***
12	-0,099 n.s.	-0,711***	-0,570**
13	0,274 n.s.	-0,107 n.s.	-0,031 n.s.
14	0,211 n.s.	-0,269 n.s.	-0,252 n.s.
15	0,185 n.s.	-0,607**	-0,363 n.s.
16	0,0630 n.s.	-0,3727 n.s.	-0,2080 n.s.
17	0,1064 n.s.	-0,5260**	-0,4700*
18	0,110 n.s.	-0,530**	-0,470*
19	-0,2013 n.s.	0,0160 n.s.	-0,2505 n.s.
20	-0,083 n.s.	-0,378 n.s.	-0,428*
21	-0,095 n.s.	0,099 n.s.	0,267 n.s.
22	0,197 n.s.	0,042 n.s.	0,069 n.s.
23	0,094 n.s.	-0,391 n.s.	-0,194 n.s.
24	0,002 n.s.	-0,642***	-0,398 n.s.
25	-0,041 n.s.	-0,129 n.s.	-0,132 n.s.

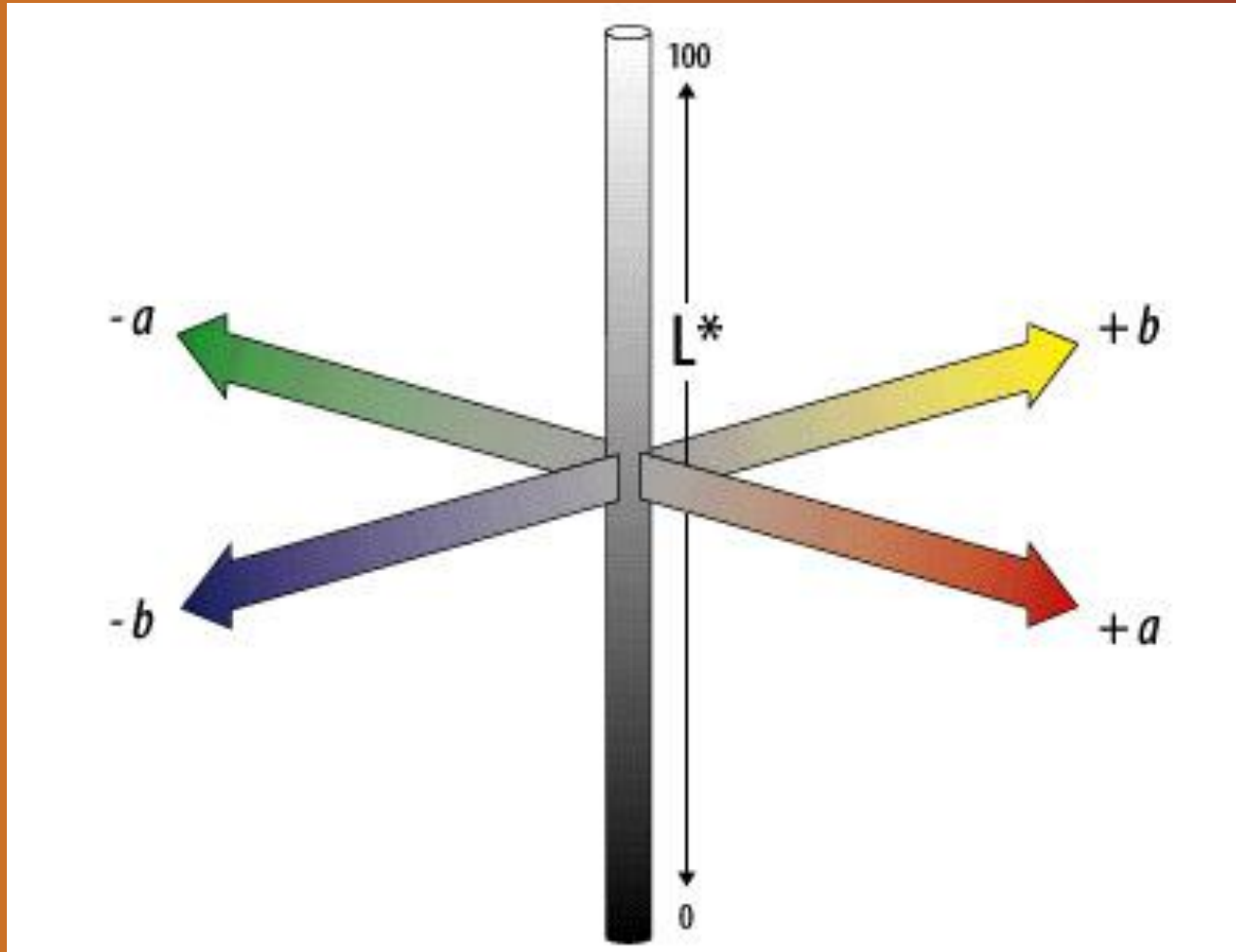
Conclusiones

- Para los 3 caracteres en estudio, los factores de genotipo, localidad e interacción GxL fueron significativos
- Gran parte de la variabilidad total de CPA e índice b^* se debe al factor genotípico con valores de heredabilidad superiores a 0,8
- Para el índice L^* las localidades explicaron un mayor porcentaje de la variabilidad en comparación a los genotipos, lo que se traduce en niveles moderados de heredabilidad
- El bajo porcentaje de la variabilidad total explicada por las interacciones GxL para los índice L^* , b^* y CPA (16,1, 4,5, y 6,0, respectivamente) se evidencia en que no hay grandes variaciones entre ambientes en el ranking de los genotipos debido a la ausencia de correlaciones negativas en la forma que los ambientes hacen responder a los genotipos
- Respecto a la variabilidad local se encontraron genotipos de alto, medio y bajo valor para los 3 caracteres en estudio. Dado que 6,5 ppm de CPA es considerado como un nivel suficiente para cumplir con las necesidades del mercado en países que valoran este atributo, si se piensa en abordar mercados internacionales exigentes, el nivel actual de amarillez resulta ser insuficiente → Incorporación de material foráneo
- En síntesis, el alto componente genotípico y por tanto heredabilidad de la amarillez de semolina (Índice b^* o CPA) permitirá hacer selecciones basadas solamente en el fenotipo, que en conjunto con la incorporación de germoplasma de alto valor de amarillez de semolina, podrá mejorar este atributo en los cultivares nacionales de trigo candeal

Muchas Gracias

Anexo

Espacio de color:



Anexo

Detalle Genotipos:

Genotipo	Nombre	Pedigree
1	LLARETA	D67.54.4.9A//JORI'S'/ROSNER DURUM 119-200-4Y/3/SAHEL77 CD-64399-4P-2P-3P
2	CORCOLEN	ALGA'S'/3/CANDEALFEN5/FLAMINGO'S'//PETREL'S'/4/CHURRILLAS'S'/5/AUK'S'/6/RUFF'S'/FLAMINGO'S'//FLAMINGO'S'/CRANE'S'/3/YAV79/HUITLES'S'A-27357-0P-5P-3P-3P
3	LLEUQUE	YEL'S'/BAR'S'/3/GR'S'/AFN//CR'S'/5/DOM'S'//CR'S'*2/GS'S'/3/SCO'S'/4/HORA/6/LAP76/GULL'S'/7/KICAN A-27735-0P-3P-1P-1P
4	QUC 3104-2005	ALTAR84/ALD'S'//STN'S'/CHEN'S'/ALTAR84/4/ATES1D A-30064-0P-0P-0P-2P
5	QUC 3497-2007	NACH'S'/CHEN'S'//RUFO'S'/ALD'S'/3/SQLA'S'/7/YEL'S'/BAR'S'/3/GR'S'/AFN//CR'S'/5/DOM'S'//CR'S'*2/GS'S'/3/SCO'S'/4/HORA/6/LAP76/GUIL'S' A-31604-0P-0P-0P-0P-5A-0C
6	QUC 3506-2007	ALTAR84/STINT'S'//SILVER/4/ALTAR84/CMH82A.1062//RISSA'S'/3/ACONCHI'S' A-31607-0P-0P-0P-0P-4A-0C
7	QUC 3585-2007	POHO1/4/ALTAR84/CMH84/CMH82A.1062//RISSA'S'/3/ACONCHI89 A-31732-0P-0P-0P-0P-2A-0C
8	QUC 3587-2007	POHO1/4/ALTAR84/CMH84/CMH82A.1062//RISSA'S'/3/ACONCHI89 A-31732-0P-0P-0P-0P-4A-0C
9	QUC 3626-2007	SOMAT3.1//WODUCK/CHSM3/5/AJAI16//HORA/JRO/3/GSN/4/ZAR CDSS00Y01093T-0TOPB-2Y-0BLR-3Y-0B-0Y-0B
10	SARAGOLLA	Iride/LineaPSB 0114
11	QUC 3205-2006	GUAYACAN INIA/7/YEL'S'/BAR'S'/3/GR'S'/AFN//CR'S'/5/DOM'S'//CR'S'*2/GS'S'/3/SCO'S'/4/HORA/6/LAP76/GUIL'S' A 31322-0P-0P-0P-0P-1P
12	QUC 3212-2006	GUAYACAN INIA/6/SOMO'S'/5/GUIL'S'/MEXI75/USA0575/3/HUI'S'/4/SOMO A-31326-0P-0P-0P-0P-2P
13	QUC 3509-2007	ATES 2-D/7/ YEL'S'/BAR'S'/3/GR'S'/AFN//CR'S'/5/DOM'S'//CR'S'*2/GS'S'/3/SCO'S'/4/HORA/6/LAP76/GUIL'S' A-31617-0P-0P-0P-0P-1A-0C
14	QUC 3555-2007	NACH'S'/CHEN'S'//RUFO'S'/ALD'S'/3/SQLA'S'/4/CRANE'S'/PLAC1485 A-31677-0P-0P-0P-0P-1A-0C
15	QUC 3556-2007	ALTAR84/CMH82A.1062//RISSA'S'/4/QFN'S'/KILL'S' A-31690-0P-0P-0P-0P-3A-0C
16	QUC 3584-2007	POHO1/4/ALTAR84/CMH84/CMH82A.1062//RISSA'S'/3/ACONCHI89 A-31732-0P-0P-0P-0P-1A-0C
17	QUC 3597-2007	ALTAR84/STINT'S'//SILVER/7/YEL'S'/BAR'S'/3/GR'S'/AFN//CR'S'/5/DOM'S'//CR'S'*2/GS'S'/3/SCO'S'/4/HORA/6/LAP76/GUIL'S' A-31752-0P-0P-0P-0P-3A-0C
18	QUC 3672-2008	SNITAN/3/STOT//ALTAR84/ALD CDSS99Y00645S-0M-0Y-111Y-0M-0Y-1M-0Y
19	QUC 3693-2008	GUAYACAN INTA//YUAN1/GREEN18/3/SOOTY9/RASCON 37 CDSS00Y01041T-0TOPB-8Y-0BLR-5Y-0B-0Y-2M-0Y
20	QUC 3694-2008	GUANAY/3/STOT//ALTAR84/ALD/4/BINTEPE85/SULA CDSS00Y01051T-0TOPB-14Y-0BLR-1Y-0B-0Y-1B-0Y
21	QUC 3738-2008	OSU-3880005/3/STOT//ALTAR84/ALD/4/KUCUK2/5/RASCON 37/2*TARRO2 CDSS02Y00536S-0Y-0M-20Y-0Y
22	QUC 3739-2008	OSU-3880005/3/STOT//ALTAR84/ALD/4/KUCUK2/5/CRAKE10/RISSA CDSS02Y00540S-0Y-0M-22Y-0Y
23	QUC 3755-2008	VANRRIKSE6.2//1 ^a -1D 2+12-5/3*WB881 CDSS98Y00665S-0M-5Y-0M-0Y-0BLR-1Y-0B
24	QUC 3757-2008	STOT//ALTAR84/ALD/3/GREEN18/FOCHA1//AIRON1 CDSS99B00467S-0M-0Y-75Y-0M-0Y-2M-0Y
25	QUC 3775-2008	ATES 1-D/LLARETA INIA A-31865-0P-0P-0P-1A-1C-0C

Anexo

Detalle del manejo agronómico temporada 2010-2011:

Localidad	Fecha de siembra	Cultivo anterior	Fertilización (kg ha ⁻¹)*						
			N*	P ₂ O ₅	K ₂ O	MgO Sulpomag	S	Zn	B
La Platina	14/07/2010	Maíz	200	120	80	36	44	1,05	1,10
Hidango	31/05/2011	Pradera trébol	200	120	80	36	44	1,05	1,10
Sta Rosa	06/08/2010	Avena	200	120	90	36	44	1,05	1,10
Human	19/08/2010	Maíz	200	120	90	36	44	1,05	1,10
Yungay Riego	20/08/2010	Remolacha	200	120	90	36	44	1,05	1,10
Mulchen	05/08/2010	Maíz	200	120	90	36	44	1,05	1,10

* Las 200 unidades de N aplicadas como Urea se distribuyeron como sigue: 47 unidades a la siembra, 60 unidades a media macolla, y 93 unidades a término de macolla.

➤ **Control de malezas:**

- Las malezas se controlaron con herbicida de preemergencia Bacara Forte (800 cc/ha) y de post emergencia para el control de hoja ancha se aplicó MCPA -750 (700 cc) + Ajax (10 grs). En todas las aplicaciones se usó 200 L de agua por hectárea.

➤ **Fungicidas:**

- No se utilizó ningún producto foliar para control de enfermedades. Solo desinfección de la semilla, con Anagran-plus

➤ **Riegos:**

- En La Platina, Santa Rosa, Human, Yungay Riego y Mulchén. Se regó de acuerdo con las necesidades del cultivo. En Yungay Riego el riego se aplicó mediante pivote.