

Análisis preliminar de los determinantes genéticos de la fenología del germoplasma de cebada en Uruguay

Ariel Castro¹, Luis Viega², Andrés Locatelli¹ y Nicolás Mastadrea²

¹Departamento de Producción Vegetal, Est. Exp. "Dr. Mario A. Cassinoni", Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Ruta 3 Km 363, Paysandú, 60000, Uruguay; ²Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Garzón 780, Montevideo 12900, Uruguay vontruch@fagro.edu.uy

Objetivos:

- Conocer las determinantes genéticas de la duración de las distintas subfases del desarrollo en germoplasma de cebada relevante para el mejoramiento genético nacional

Material:

78 genotipos de cebada, representativos del germoplasma de cebada utilizado en Uruguay (variedades históricas y modernas, líneas experimentales relevantes, fuentes de variabilidad, etc)

Caracterización genotípica:

1536 SNPs (1033 incluidas en el análisis) usando la plataforma Illumina Golden Gate oligonucleotide pool assay desarrollada para cebada (BOPA1)

Caracterización fenotípica:

4 experimentos a campo, sembrados en Sayago, Montevideo, en parcelas de 0.4 m², en fechas contrastantes (12/6/09, 11/08/09, 24/06/10, 11/08/10).

Se determinó: ciclo a antesis y sus tres subfases (siembra-Z20, Z20-Z30, Z30-antesis) y la duración de llenado de grano y la respuesta al fotoperíodo en cada subfase analizada (mediante el contraste entre fechas de siembra en el mismo año)

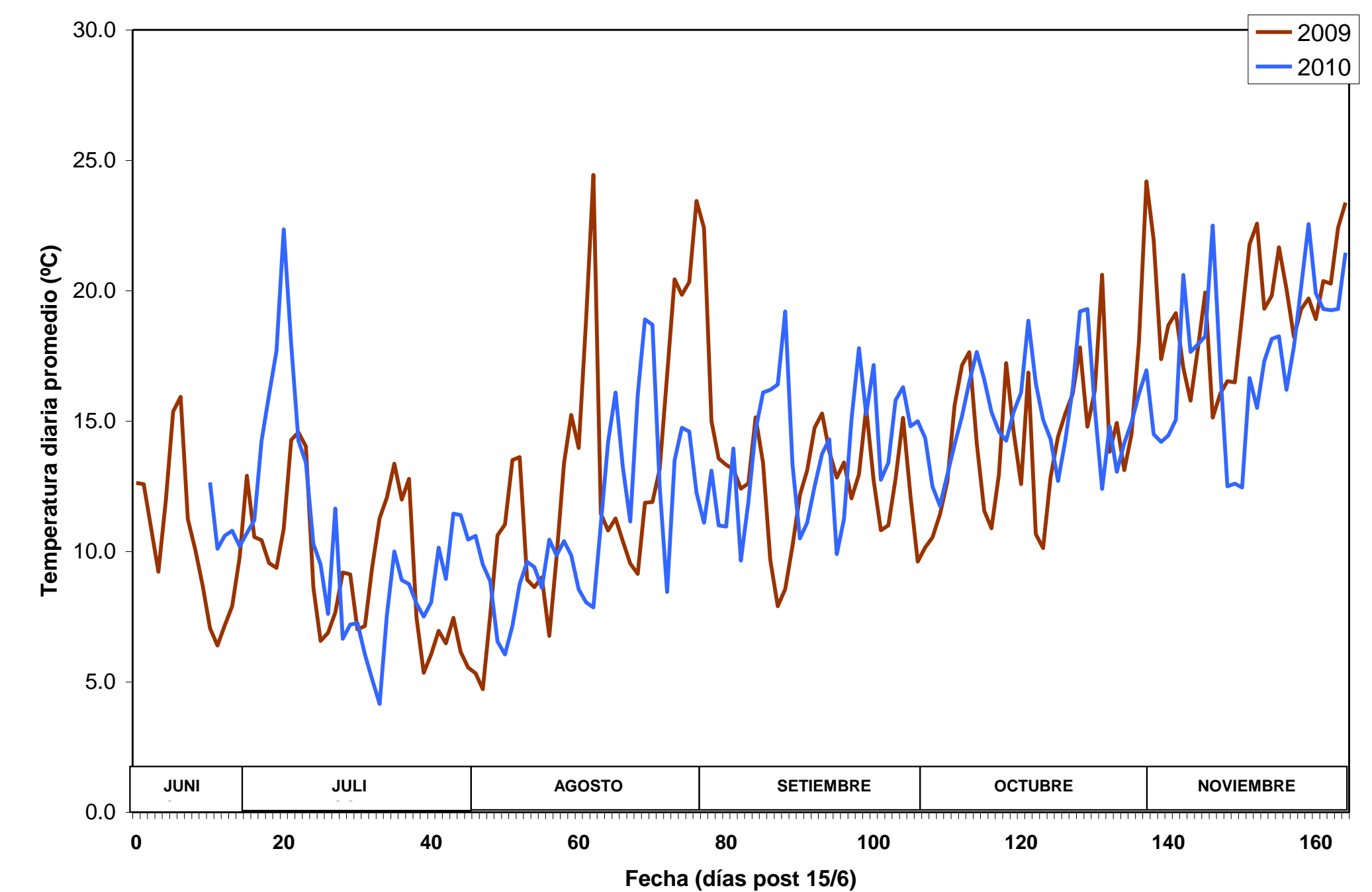


Figura 1. Temperaturas diarias promedio para 2009 y 2010 en Sayago.

Análisis:

Análisis de asociación de genoma completo (Genome-wide association analysis) utilizando un modelo:

$$Y = X\beta + Qv + Z\mu$$

X: Matriz de scores genéticos

Q: Matriz de estructura

Z: Matriz de coancestría

El análisis se realizó en TASSEL (www.maizegenetics.net)

La matriz Q se calculó con STRUCTURE (Pritchard et al., 2000)

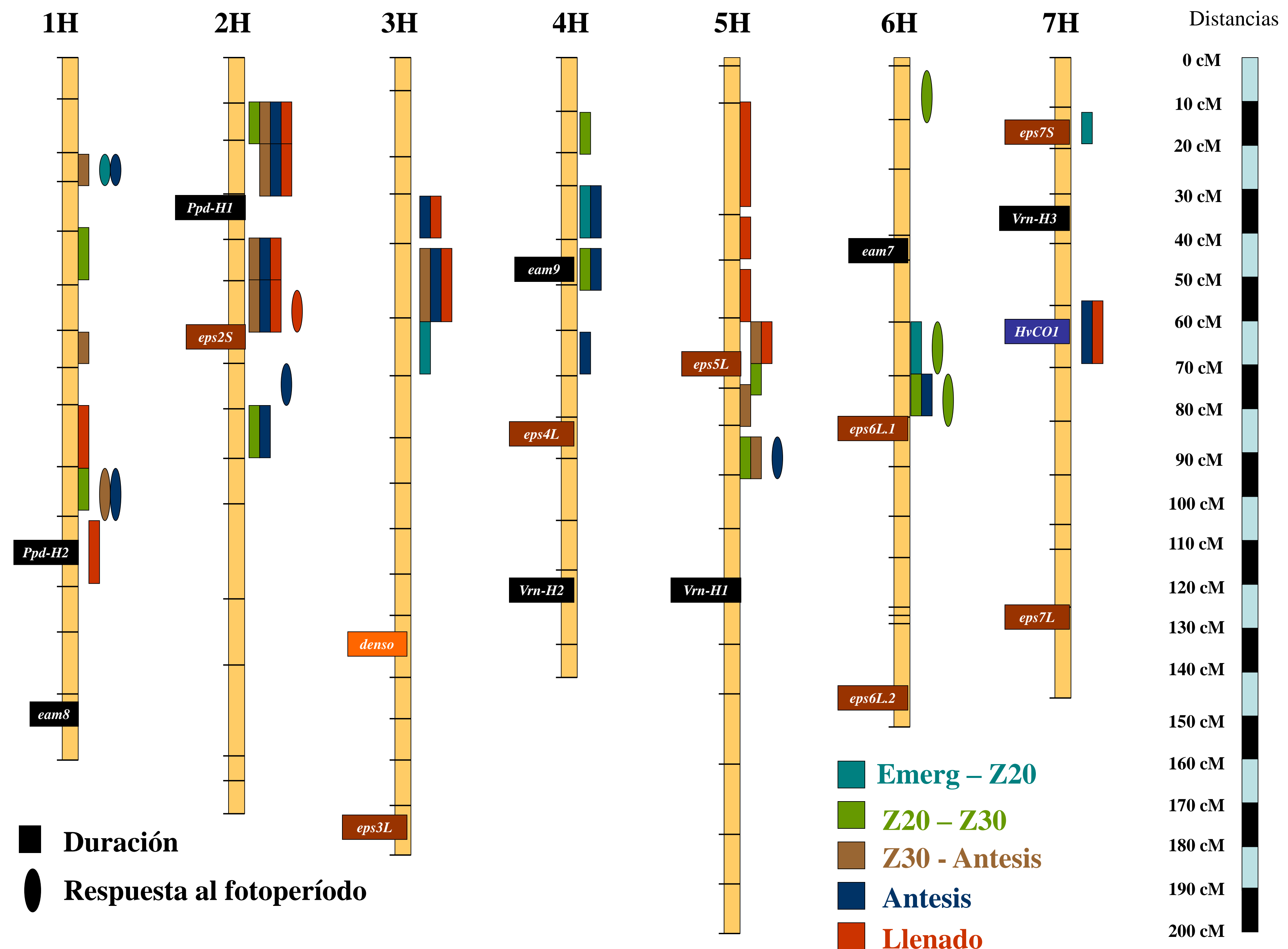
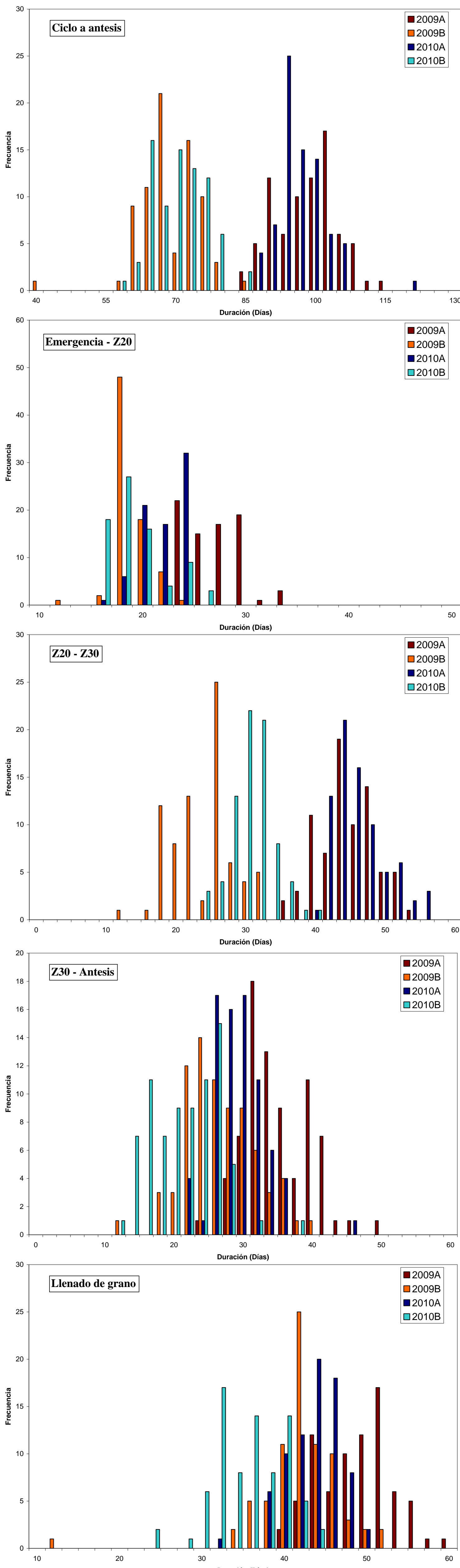


Figura 3. Resumen de localización de asociaciones significativas para duración de las distintas variables fenológicas estudiadas y su respuesta al fotoperíodo en el mapa de segmentos consenso para cebada ("bin Map", ver Kleinhofs et al., 2001). Se indican los segmentos donde se encontraron asociaciones, indicando la variable. En varios casos hay más de un marcador con asociación significativa en el mismo segmento. Se incluye la ubicación reportada de genes mayores que afectan la fenología

Figura 2. Distribución de frecuencias observadas para ciclo a antesis, su partición en subperíodos y la duración del llenado de grano de acuerdo al año (2009 y 2010) y la época de siembra (A para época temprana y B para época tardía) de cada experimento.

- Se encontraron 53 regiones con asociaciones significativas para la duración de las 5 variables fenológicas analizadas. Una proporción importante de las asociaciones fue específica por experimento
- Se encontraron 14 asociaciones significativas para la respuesta al fotoperíodo de las 5 variables fenológicas. Ninguna de las asociaciones se detectó en más de una combinación variable/ambiente
- En resumen se han detectado asociaciones en todas las variables estudiadas, localizadas en distintas regiones a lo largo del genoma. Su relación con genes y QTLs detectados en trabajos anteriores están siendo estudiadas así como la relación con la estructura de la población y sus posibles efectos en la evolución del mejoramiento de cebada.