



Universidad de Córdoba

# Localización física de marcadores moleculares en el cromosoma 3H<sup>ch</sup> de *Hordeum chilense*

Mahmoud Said y Adoración Cabrera

z42alibm@uco.es

ge1cabca@uco.es

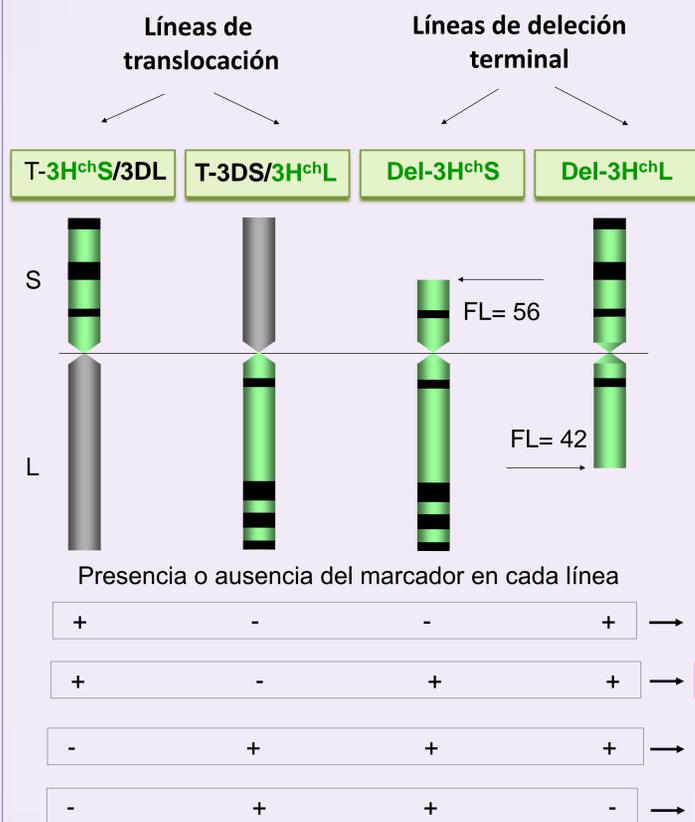
Dpto. de Genética, ETSIAM. Univ. de Córdoba, Campus de Rabanales, 14071 Córdoba

La construcción de un mapa físico del cromosoma 3H<sup>ch</sup> de *Hordeum chilense* que contenga marcadores moleculares capaces de detectar segmentos de este cromosoma en el fondo genético de trigo sería muy útil para la introgresión asistida por marcadores de este cromosoma en trigos duros y harineros. Las líneas de delección terminal permiten el mapeo físico de genes y marcadores moleculares a lo largo del cromosoma ya que la ausencia de un determinado marcador se puede asociar directamente con la pérdida de un fragmento cromosómico. Además, conocer la distribución de los genes a lo largo del cromosoma es de interés para la identificación de regiones funcionalmente importantes. Así mismo, la comparación entre la localización de marcadores en cromosomas de especies relacionadas permite estudiar la sintenia entre cromosomas homeólogos.

## OBJETIVOS

1. Estudiar la transferencia de marcadores moleculares del cromosoma 3H<sup>v</sup> de *Hordeum vulgare* al cromosoma 3H<sup>ch</sup> de *H. chilense*.
2. Mapear físicamente en el cromosoma 3H<sup>ch</sup> los marcadores transferidos utilizando líneas de translocación y delección terminal.
3. Localizar los marcadores en el cromosoma 3H<sup>v</sup> de la cebada y comparar su localización con *H. chilense*.

## RESULTADOS



## MATERIAL VEGETAL

Se han utilizado las siguientes líneas que implican al cromosoma 3H<sup>ch</sup> de *H. chilense* en el fondo genético de trigo (*T. aestivum*) 'Chinese Spring' (CS):

- Dos líneas de translocación recíproca entre el cromosoma 3H<sup>ch</sup> de *H. chilense* y el cromosoma 3D de trigo harinero:
  1. T-3H<sup>ch</sup>S.3DL
  2. T-3DS.3H<sup>ch</sup>L
- Dos líneas de delección terminal el cromosoma 3H<sup>ch</sup>:
  1. Del-3H<sup>ch</sup>S: línea de sustitución disómica 3H<sup>ch</sup>(3D) El cromosoma 3H<sup>ch</sup> deficiente para el brazo corto (FL=56)
  2. Del-3H<sup>ch</sup>L: línea de adición disómica 3H<sup>ch</sup> en CS. El cromosoma 3H<sup>ch</sup> es deficiente para el brazo largo (FL=42)

Tabla 1. Código, tipo y número de marcadores del cromosoma 3H<sup>v</sup> de *H. vulgare* evaluados.

Código	Tipo	Nº
ABG	Genómico-STS	2
Bmac	Genómico-SSR	6
Bmag	Genómico-SSR	21
EBmac	Genómico-SSR	4
EBmag	Genómico-SSR	1
GBM	EST-SSR	30
GBMS	Genómico-SSR	11
GBS	EST-SNP	24
GDM	Genómico-SSR	3
GMS	Genómico-SSR	1
Hv	Genómico-SSR	5
HVM	Genómico-SSR	6
MWG	Genómico-STS	15

## MÉTODOS

- Selección de 129 marcadores mapeados en el cromosoma 3H<sup>v</sup> de la cebada cultivada (*H. vulgare*) (GrainGenes <http://wheat.pw.usda.gov>). (Tabla 1).
- Amplificación por PCR en *H. chilense*, trigo duro y trigo harinero.
- Selección de marcadores polimórficos.
- Amplificación de marcadores polimórficos en las líneas de translocación y de delección terminal.
- Localización en *H. vulgare* mediante amplificación por PCR en las líneas de adición ditelosómica 3H<sup>v</sup>S y 3H<sup>v</sup>L en trigo harinero CS

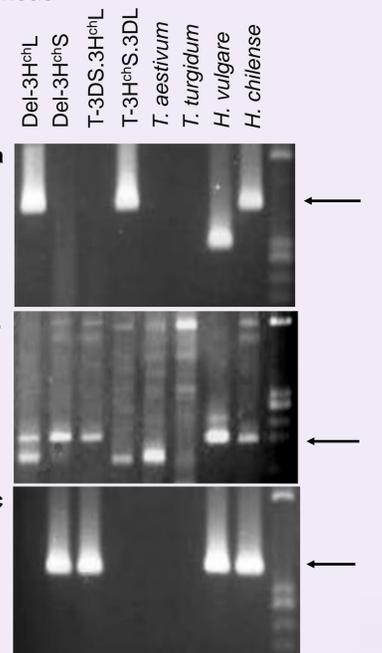
## Localización física

3H<sup>ch</sup>

GBMS185  
MWG852  
GBS194  
GBM1300

HvPEPD1PR

Bmag306  
GBM1014  
GBM1056  
GBMS163  
MWG884



• De un total de 129 marcadores estudiados, trece SSRs (22.4%), cinco STSs (29.4%), catorce EST-SSRs (46.7%) y ocho EST-SNPs (33.4%) amplificaron productos de PCR en *H. chilense* (Tabla 2).

• De esos 40 marcadores, 19 (47.5%) (12 SSR, 2 STS, 3 ET-SSR y 2 EST-SNP) mostraron polimorfismo entre *H. chilense* y trigo duro y harinero (Tabla 2).

• Diez de estos marcadores (4 SSR, 2 STS, 3 EST-SSR y 1 EST-SNP) se han localizado en el cromosoma 3H<sup>ch</sup>. De ellos 4 se localizan en el brazo corto y 6 en el brazo largo (Tabla 3).

Tabla 2. Número y frecuencia de marcadores del cromosoma 3H de cebada (*H. vulgare*) que amplifican en *H. chilense*.

Tipo de marcador	Polimórfico		No polimórfico	Nº total
SSR	6 <sup>a</sup> (10.3) <sup>b</sup>	6 <sup>c</sup> (10.3)	1 <sup>d</sup> (1.7)	58
STS	2 <sup>a</sup> (11.8)	-	3 <sup>d</sup> (17.6)	17
EST-SSR	1 <sup>a</sup> (3.3)	2 <sup>c</sup> (6.7)	11 <sup>d</sup> (36.7)	30
EST-SNP	2 <sup>a</sup> (8.4)	-	6 <sup>d</sup> (25.0)	24
Total	11 <sup>a</sup> (8.5)	8 <sup>c</sup> (6.2)	21 <sup>d</sup> (16.3)	129

<sup>a</sup> Amplificación de una banda única en *H. chilense*.

<sup>b</sup> El número entre paréntesis es el porcentaje de los marcadores de cebada que amplifican respecto al número total.

<sup>c</sup> Amplificación de una banda en *H. chilense* y amplificación de una banda en trigo de diferente tamaño que en *H. chilense*.

<sup>d</sup> Amplificación de una banda en *H. chilense* y amplificación de una banda en trigo del mismo tamaño que en *H. chilense*

- La mayor parte de los marcadores mapeados (4 en el brazo corto y 5 del brazo largo) se localizan físicamente en la mitad distal de los brazos cromosómicos. Sólo uno de los marcadores (HvPEPD1PR) se ha localizado en las zonas proximales al centrómero. Este es el único marcador que se localiza en brazos cromosómicos distintos en el grupo homeólogo 3 de ambas especies de *Hordeum*.
- Los marcadores mapeados son potencialmente útiles para la detección de introgresiones del cromosoma 3H<sup>ch</sup> en trigo duro y harinero.

Tabla 3. Caracterización y localización física de marcadores SSR, STS, EST-SSR y EST-SNP en los cromosomas 3H<sup>ch</sup> de *H. chilense* y 3H<sup>v</sup> de *H. vulgare*

Marcador	Tamaño del producto de amplificación				Tipo de polimorfismo	Localización física en 3H <sup>ch</sup>	Localización física en 3H <sup>v</sup>
	<i>H. vulgare</i>	<i>H. chilense</i>	<i>T. aestivum</i>	<i>T. turgidum</i>			
Bmag306	119	119	-	-	a	3H <sup>ch</sup> L (58% distal)	3H <sup>v</sup> L
GBM1014	238	238	-	-	a	3H <sup>ch</sup> L (58% distal)	3H <sup>v</sup> L
GBM1056	462	512	455	459	c	3H <sup>ch</sup> L (58% distal)	3H <sup>v</sup> L
GBM1300	152	169	152	155	c	3H <sup>ch</sup> S (44% distal)	3H <sup>v</sup> S
GBMS163	165	181	216	214	c	3H <sup>ch</sup> L (58% distal)	3H <sup>v</sup> L
GBMS185	130	114	133	135	c	3H <sup>ch</sup> S (44% distal)	3H <sup>v</sup> S
GBS194	290	281	-	-	a	3H <sup>ch</sup> S (44% distal)	3H <sup>v</sup> S
HvPEPD1PR	189	194	141	-	b	3H <sup>ch</sup> L (42% proximal)	3H <sup>v</sup> S
MWG852	306	452	-	-	a	3H <sup>ch</sup> S (44% distal)	3H <sup>v</sup> S
MWG884	374	376	-	-	a	3H <sup>ch</sup> L (58% distal)	3H <sup>v</sup> L

