POLIMORFISMO Y EXPRESIÓN DE HvFT1,
EL GEN INTEGRADOR DE LAS RUTAS DEL FOTOPERIODO
Y LA VERNALIZACIÓN EN CEBADA

J. Loscos¹, E. Igartua¹, B. Contreras-Moreira², M.P. Gracia¹, A.M. Casas¹

¹ Estación Experimental de Aula Dei (EEAD-CSIC), Avda. Montañana, 1005, 50059 Zaragoza.
² Fundación ARAID, calle María de Luna 11, 50018 Zaragoza.

Palabras clave: cebada, adaptación, fotoperiódico, vernalización, CNV, HvFT1

INTRODUCCIÓN

El tiempo que transcurre hasta la floración es un proceso fuertemente regulado en las plantas, con la intervención de un elevado número de genes. En la cebada (Hordeum vulgare L.), el gen HvFT1, homólogo del gen de Arabidopsis FLOWERING LOCUS T es el integrador principal de las señales de fotoperíodo y vernalización que conducen a la transición del estado vegetativo al estado reproductivo de la planta. Este gen presenta polimorfismos de secuencia que afectan el tiempo de floración en el primer intrón y en el promotor (Casas et al., 2011). Recientemente, se ha descrito para este gen variación del número de copias (copy number variation, CNV). Un alelo con varias copias del gen fue asociado a una mayor expresión génica, floración más temprana y un efecto epistático sobre el mecanismo de la vernalización (Nitcher et al., 2013). Este estudio tiene por objeto i) examinar la distribución de los polimorfismos de secuencia y CNV de HvFT1 en una muestra amplia de germoplasma de cebada y ii) confirmar si el polimorfismo CNV se relaciona con el fenotipo (Loscos et al., 2014).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizó el número de copias de HvFT1 mediante Q-RT-PCR realizado sobre ADN genómico en 108 variedades de cebada de invierno, primavera y facultativas. El número de copias fue investigado en varias regiones dentro y alrededor del locus HvFT1. Asimismo, se realizaron experimentos de expresión génica de HvFT1 y otros genes en variedades seleccionadas y líneas hermanas haploides duplicadas de una población biparental con polimorfismo para CNV en HvFT1.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Hubo más de una copia del gen (entre dos y cinco) sólo en cebadas de primavera o facultativas, es decir, sólo en aquellos genotipos que no mostraron un alelo de VrnH2 funcional. Se encontraron dos modelos del gen: uno con el mismo número de promotores y de regiones transcriptas, y otro con un solo promotor y un número variable de regiones transcriptas. Este último modelo sólo se encontró en algunas cebadas nórdicas, mientras que el primero apareció en cebadas nórdicas, centroeuropéneas y españolas.

Se llevaron a cabo análisis de expresión génica en dos experimentos con variedades de primavera y facultativas sometidas a condiciones de día largo. En esas condiciones, los genotipos con la floración más temprana fueron aquellos que tenían un alelo sensible en PpdH1, independientemente del alelo y del número de copias del gen que hubiera en HvFT1, demostrando el papel preponderante del primer gen sobre el establecimiento de la fecha de floración, en variedades que no sean de invierno. El alelo sensible de PpdH1 indujo una expresión elevada de HvFT1 y floración temprana. El gen HvCEN también afectó en gran medida al tiempo de floración, aunque de forma aparentemente menos ligada a la expresión de HvFT1. Se discute una posible interacción entre ellos. Entre las variedades de primavera con diferente número de copias,
no se encontró una relación clara entre la CNV, la expresión génica y el tiempo de floración, lo que permite descartar al número de copias como el mecanismo principal de precocidad asociado a este gen. Antes bien, los resultados confirman un efecto mayor del trasfondo genético de la variedad sobre la determinación de la fecha de floración que del propio HvFT1. Esto se confirmó en un conjunto de líneas haploides duplicadas de una población que segregaba para CNV en HvFT1. El aceleramiento de la floración en presencia de varias copias del gen sólo se observó en el cultivar “Tammi”, que tiene sólo un promotor y varias copias de la zona transcrita del gen, lo que sugiere una relación entre la estructura del gen y su regulación.

REFERENCIAS

INTRODUCCIÓN
La colección nutante de líneas de la segunda mitad del cados, la colección c resultados preliminares cobertura relativamente fenotípicos.

MATERIAL Y MÉ
La colección se 1 plataforma DArTseq secuenciación (geno) cadores por su calida un total de 9,779 SN marcadores se han en agronómicos medida (Yahiaoui et al., 201:

RESULTADOS Y E
La colección nuc mada por cuatro gru 2008). Se han proba conocidos como K y inclusión en los moc probabilidades de p dan resultados simi
Se presentan los de floración, altura c trogresión más efect loci favorables y en c