



Sociedad  
Española  
de Ciencias  
Hortícolas

**74**

Julio  
2016

## **ACTAS DE HORTICULTURA**

Comunicaciones Técnicas  
Sociedad Española de Ciencias Hortícolas

# **VIII CONGRESO DE MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS**

Vitoria-Gasteiz 2016

Editores:

José I. Ruiz de Galarreta

Jaime Prohens

Roberto Tierno

Santiago Larregla

Patrick Riga

## ¿CUÁL ES EL ORIGEN DE LAS VARIEDADES LOCALES ESPAÑOLAS DE CEBADA?

A. M. Casas<sup>1</sup>, B. Contreras-Moreira<sup>1,6</sup>, C. P. Cantalapiedra<sup>1</sup>, S. Sakuma<sup>2</sup>, M. P. Gracia<sup>1</sup>, M. Moralejo<sup>3</sup>, J. L. Molina-Cano<sup>4</sup>, T. Komatsuda<sup>5</sup> y E. Igartua<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Estación Experimental Aula Dei, CSIC, Avda Montañana 1005, 50059 Zaragoza, España

<sup>2</sup>Instituto Kihara, Yokohama City University, Japón

<sup>3</sup>Universitat de Lleida, Lleida, España

<sup>4</sup>Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (UdL-IRTA), Lleida, España

<sup>5</sup>Instituto Nacional de Ciencias Agrobiológicas (NIAS), Tsukuba, Japón

<sup>6</sup>ARAD, Fundación, calle María de Luna 11, 50018 Zaragoza, España

**Palabras clave:** cebada, domesticación, tipo de espiga, raquis tenaz

### INTRODUCCION

En los últimos años se han clonado distintos genes responsables del proceso de domesticación de la cebada, *Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*, a partir de la especie silvestre *H. vulgare* ssp. *spontaneum*. Son el factor de transcripción *Vrs1* (Komatsuda et al. 2007) que determina el tipo de espiga (2 o 6 filas de grano por piso de la espiga, o carreras) y los dos genes, *Btr1* y *Btr2*. El alelo mutado recesivo en cualquiera de estos dos genes produce un raquis tenaz (Pourkheirandish et al. 2015). El gen *Vrs1* ha sido ampliamente estudiado. El alelo dominante original del ancestro de la cebada codifica para un factor de transcripción que provoca la esterilidad del gineceo de las flores laterales, dando lugar a espigas de dos carreras. El alelo recesivo produce fertilidad de las flores laterales, dando lugar a un fenotipo de 6 carreras. El estudio de las mutaciones en estos genes permite trazar la historia de la domesticación del cultivo.

### MATERIAL Y METODOS

Se analizó la diversidad de la secuencia de los genes *Vrs1*, *Btr1* y *Btr2* en variedades locales españolas de cebada, de dos y de seis carreras, y genotipos de cebada silvestre (*H. vulgare* ssp. *spontaneum*) de origen marroquí. Los materiales se genotiparon además con 400 SNPs, cuyos resultados se analizaron mediante coordenadas principales.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Un análisis filogenético anterior de cultivares de cebada identificó dos alelos de *Vrs1* dentro de las cebadas de 2 carreras y al menos cuatro entre las de 6 carreras (Saisho et al., 2009; Cuesta-Marcos et al. 2010), siendo uno de estos últimos muy abundante en materiales del Mediterráneo.

La mayoría (aproximadamente 90%) de las cebadas tradicionales españolas guardadas en bancos de germoplasma son de seis carreras. Tienen dos alelos distintos en *Vrs1*, indicando dos posibles orígenes (Yahiaoui et al., 2008). Uno de ellos es el alelo "mediterráneo" descrito por Komatsuda et al. (2007). Dentro de las variedades de dos carreras, la mayoría tienen el alelo más común que se encuentra en cebadas de todo el mundo. Sin embargo, se ha encontrado un alelo nuevo de *Vrs1* (*Vrs1.b5*) en 7 de las 54 accesiones locales españolas de dos carreras (13%). Este alelo no se ha descrito en ningún otro estudio, por ejemplo en el estudio más amplio realizado, el de Muñoz-Amatriain et al. (2014), en el que se analizaron 2800 accesiones de todo el mundo. Tampoco aparece en las cebadas silvestres de Marruecos, que han sido propuestas como posibles ancestros de la cebada del oeste del Mediterráneo (Molina-Cano et al., 1987). Moralejo et al. (1994) ya indicaron una singularidad de las cebadas españolas de dos carreras.

Se describirá la mutación que ha dado origen a este nuevo alelo y se discutirá la filogenia de *Vrs1*. Los resultados apuntan una nueva hipótesis sobre el origen del alelo de seis carreras "mediterráneo" (*vrs1.a2*), que podría resultar de una mutación bien en el alelo *Vrs1.b2* (hipótesis clásica) o en el alelo *Vrs1.b5* recién encontrado, identificado en variedades locales españolas. El análisis combinado de los alelos

de *Vrs1* y de los genes *Btr1* y *Btr2* indican una situación compleja del origen de las cebadas españolas, con al menos dos vías de entrada distintas, seguidas de una posible evolución local.

### AGRADECIMIENTOS

Trabajo financiado por el MINECO, proyecto AGL2013-48756-R, y el proyecto RFP-00015-00-00 del INIA.

### REFERENCIAS

- Cuesta-Marcos A, Szűcs P, Close TJ, Filichkin T, Muehlbauer GJ, Smith KP and Hayes PM. 2010. Genome-wide SNPs and re-sequencing of growth habit and inflorescence genes in barley: implications for association mapping in germplasm arrays varying in size and structure. *BMC Genomics* 11:707
- Komatsuda T, Pourkheirandish M, He C, Azhaguvel P, Kanamori H, Perovic D, Stein N, Graner A, Wicker T, Tagiri A, Lundqvist U, Fujimura T, Matsuoka M, Matsumoto T, and Yano M. 2007. Six-rowed barley originated from a mutation in a homeodomain-leucine zipper I-class homeobox gene. *Proc Natl Acad Sci USA* 104:1424–1429.
- Molina-Cano JL, Fra-Mon P, Salcedo G, Aragoncillo C, Togoeres FR and García-Olmedo F. 1987. Morocco as a possible domestication center for barley: biochemical and agromorphological evidence. *Theor Appl Genet*, 73:531-536.
- Moralejo M, Romagosa I, Salcedo G, Sánchez-Monge R and Molina-Cano JL. 1994. On the origin of Spanish two-rowed barleys. *Theor Appl Genet* 87:829-836.
- Muñoz-Amatriaín M, Cuesta-Marcos A, Endelman JB, Comadran J, Bonman JM, Bockelman HE, Chao S, Russell J, Waugh R, Hayes PM and Muehlbauer GJ. 2014. The USDA barley core collection: Genetic diversity, population structure, and potential for genome-wide association studies. *PLoS ONE* 9(4): e94688.
- Pourkheirandish M, Hensel G, Kilian B, Senthil N, Chen G, Sameri M, and Komatsuda T. 2015. Evolution of the Grain Dispersal System in Barley. *Cell* 162: 527–539.
- Saisho D, Pourkheirandish M, Kanamori H, Matsumoto T and Komatsuda T. 2009. Allelic variation of row type gene *Vrs1* in barley and implication of the functional divergence. *Breeding Sci* 59: 621–628.
- Yahiaoui S, Igartua E, Moralejo M, Ramsay L, Molina-Cano JL, Ciudad FJ, Lasa JM, Gracia MP and Casas AM. 2008. Patterns of genetic and eco-geographical diversity in Spanish barleys. *Theor Appl Genet* 116:271–282.