

NUEVOS INSTRUMENTOS PARA LA MEJORA DE LOS FRUTALES



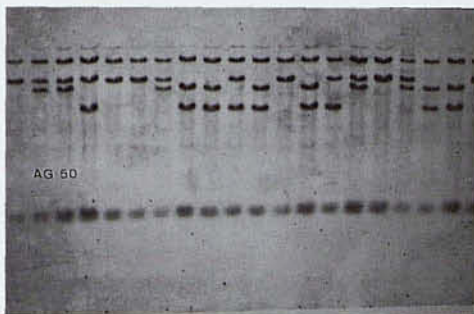
CUANDO UN MARCADOR ESTÁ MUY CERCA, O COINCIDE CON LA POSICIÓN DE UN CARÁCTER DE INTERÉS, AMBOS TIENDEN A HEREDARSE CONJUNTAMENTE, Y ELLO HACE POSIBLE PREDECIR CÓMO SERÁ UN CARÁCTER DADO SI CONOCEMOS CÓMO ES UN MARCADOR MUY CERCANO.

PERE ARÚS CODIRECTOR DE LA UNIDAD MIXTA DE GENÉTICA Y BIOTECNOLOGÍA VEGETAL,
Y COORDINADOR DEL PROYECTO EUROPEO DE LOCALIZACIÓN GÉNICA DEL GÉNERO *PRUNUS*.
IRTA - CENTRO DE CABRILS

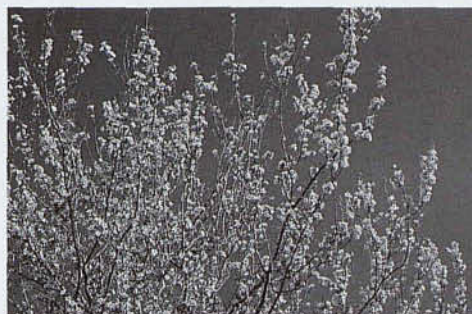
A partir de noviembre de 1993, ha empezado un nuevo proyecto en el que participan seis grupos de investigación, especializados en la mejora genética de frutales. Dos de estos grupos son franceses (INRA de Orleans y de Burdeos), uno inglés (HRI de East Malling), uno italiano (ISF de Roma) y dos españoles (CIMA de Arkaute y el grupo catalán de la Unidad Mixta IRTA-CSIC de Genética y Biotecnología Vegetal). El objetivo es desarrollar una nueva técnica genética: los marcadores

moleculares, que deben permitir la simplificación del proceso de obtención de nuevas variedades de frutales con mejor calidad, resistencia a plagas y enfermedades, y otras características de interés. El género *Prunus*, en el que se centrará este proyecto, incluye cuatro cultivos de fruta dulce (cerezo, albaricoquero, melocotonero y ciruelo), uno de frutos secos (almendro) y diversas especies de interés forestal y ornamental. Como todas las plantas leñosas, se caracteriza por tener un largo período intergenera-

cional –suelen pasar entre 3 y 5 años desde la siembra o el injerto hasta el inicio de la producción comercial–, y también porque cada individuo ocupa una superficie de terreno considerable. Ambas circunstancias hacen que el proceso de obtención de variedades mejoradas, basado en la selección durante diversas generaciones (a menudo más de cinco) y en el análisis de muchos miles de individuos, sea especialmente largo, caro y difícil en estas especies. El enorme progreso que se está realizan-



MARCADOR MOLECULAR



do en estos últimos años en genética molecular, ha permitido el estudio detallado de la molécula que lleva la información genética, el ADN, y de sus productos directos, las proteínas. Basándose en técnicas moleculares, es posible detectar pequeñas diferencias en el ADN o las proteínas de los individuos. El estudio genético de estas diferencias permite detectar unos polimorfismos de herencia sencilla que se denominan marcadores moleculares, y que están distribuidos por todo el ADN de los seres vivos. La posición de estos marcadores en los cromosomas se puede determinar, y ello permite usarlos como referencias dentro de la molécula del ADN, facilitando de este modo la localización de genes de importancia para la vida de las plantas, o de un especial valor en mejora genética, como los que determinan las propiedades de la fruta dulce o los que confieren resistencia frente a enfermedades.

Cuando un marcador está muy cerca, o coincide con la posición de un carácter de interés, ambos tienden a heredarse conjuntamente, y ello hace posible predecir cómo será un carácter dado si conocemos cómo es un marcador muy cercano. Esta propiedad es extraordinariamente útil, ya que el análisis de los marcadores se puede hacer tan pronto como sea posible obtener una cierta cantidad de ADN de la planta —a partir de una hoja, por ejemplo—, lo cual puede realizarse mucho antes de saber cómo será el carácter que nos interesa estudiar. Así pues, con la ayuda de los marcadores, será posible saber, unos

meses después de sembrar una semilla de almendro, si la planta adulta tendrá las hojas rosas o blancas, si la cáscara de la almendra será blanda o dura, o si la almendra será dulce o amarga, unos caracteres que la planta no mostrará hasta por lo menos tres o cuatro años más tarde. Con esta información podemos escoger rápidamente las plantas que más nos interesan, y rechazar las demás, y así habremos ganado tiempo, espacio y coste respecto a la metodología tradicional.

Para poder hacer todo esto, es necesario estudiar muchos marcadores de la especie que nos interesa, y determinar su grado de proximidad, lo que se denomina su "ligamiento". Los marcadores que están en el mismo cromosoma estarán ligados entre sí y se podrán alinear formando un grupo de ligamiento, uno por cromosoma, siendo el conjunto de grupos de ligamiento lo que se denomina "mapa genético" de la especie. Cuando el "mapa" contiene muchos marcadores, es muy probable encontrar alguno que esté estrechamente ligado al gen que afecta al carácter que nos interesa, y por consiguiente podremos usarlo para seleccionar.

Si dos especies son muy cercanas evolutivamente, es previsible que sus mapas sean también muy parecidos. Los datos que poseemos sobre los frutales del género *Prunus* nos hacen creer en su gran semejanza genética, y ello nos permitirá usar el mapa de una de ellas en todas las demás. En esta observación se basa el proyecto europeo de marcadores de *Prunus*, que consistirá, en primer lugar,

en la construcción, con la colaboración de todos los participantes, de un solo mapa para el género. A continuación utilizaremos los datos de este mapa para localizar marcadores que sean útiles para seleccionar caracteres importantes de la especie en la que cada participante esté interesado. Analizaremos así veintiséis caracteres, algunos de herencia sencilla y otros compleja. Cinco de estos caracteres son resistencias a plagas o enfermedades, ocho afectan a la calidad de los frutos o de las semillas, tres guardan relación con la diversificación de la oferta, cinco con la época de producción y la estabilidad de la cosecha, y los cinco restantes afectan a otros aspectos vegetativos de la planta.

Los rasgos típicos de las especies leñosas las han hecho siempre difíciles de tratar por los investigadores y mejoradores, y por esa razón suelen ser prácticamente desconocidas desde el punto de vista genético. Con los datos obtenidos por este proyecto, se habrá dado un salto cualitativo en el nivel de conocimiento genético de los árboles frutales, de su variabilidad, de la semejanza entre las especies que los componen, y sobre todo de la herencia de los caracteres más importantes para su mejora. Al final del proyecto, pensamos haber logrado poner a disposición de los investigadores, agricultores y empresas que trabajan en frutales, unos instrumentos que les facilitarán su labor y que permitirán una oferta más variada, de mayor calidad y mejor adaptada a las necesidades y demandas del consumidor. ■