

# IDENTIFICACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS DE ALMENDRO EN PROGENIES DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS

B. Bielsa<sup>1</sup>, A. Fernandez i Martí<sup>1,2</sup> y M.J. Rubio-Cabetas<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Hortofruticultura. Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Av. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España. \*mjrubio@cita-aragon.es

<sup>2</sup>Genome Center, University of California Davis, Davis, California 95616, USA

**Palabras clave:** Diversidad genética, marcador SSR, Portainjertos, *Prunus*

## RESUMEN

La mejora genética de portainjertos tiene por objetivo obtener diferentes híbridos interespecíficos y combinar la tolerancia a estreses abióticos. Distintos cruzamientos entre almendro, melocotonero y ciruelo se están estudiando para su adaptación a un amplio rango de condiciones edafoclimáticas. En este estudio analizamos 49 individuos de cuatro progenies de híbridos interespecíficos de tres especies y sus parentales (dos ciruelos mirobolanes: 'P.2175' y 'P.2980'; los híbridos almendro x melocotonero 'Garnem' y 'Felinem'; el almendro 'Garfi'; y el melocotonero 'Nemared'). Se analizaron 48 SSRs polimórficos en los parentales a lo largo de los 8 grupos de ligamiento a partir de varios mapas de referencia de *Prunus*. El dendrograma UPGMA generado con la variabilidad genética observada, clasificó los genotipos en 5 grupos, permitiéndonos diferenciar en nuestras progenies las regiones genómicas del almendro entre las regiones del melocotonero y el ciruelo. En estas regiones se va a llevar a cabo el estudio de distintos genes implicados en la tolerancia a la sequía, puesto que el almendro es más tolerante que las otras dos especies, melocotonero y ciruelo.

## INTRODUCCIÓN

En la actualidad uno de los mayores problemas que amenaza los ecosistemas es el cambio climático, el cual hace que la disponibilidad de agua sea un factor limitante para los cultivos en la cuenca mediterránea, haciendo imprescindible la utilización de portainjertos adaptados a condiciones de estrés hídrico. Entre los portainjertos existentes ya en el mercado, se encuentran los híbridos interespecíficos de almendro x melocotonero, 'Garfi' x 'Nemared' (GxN), que presentan resistencia a los nematodos agalladores del género *Meloidogyne* spp., poseen un buen comportamiento tanto en condiciones de replantación, como en suelos calcáreos. Sin embargo, estos patrones todavía muestran limitaciones como la sensibilidad a la sequía, salinidad y asfixia. Ya que el almendro es una especie tolerante a la sequía que presenta una buena adaptación a distintos rangos de disponibilidad de agua en el suelo, el objetivo de este estudio es la identificación de las regiones genómicas de almendro en distintas progenies de híbridos interespecíficos pertenecientes a un programa de mejora. Una vez identificadas estas regiones, se continuará con la identificación de genes implicados en la tolerancia a la sequía.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron cuatro progenies de híbridos interespecíficos de 3 especies obtenidas de cruzamientos entre dos ciruelos mirobolanes (*P. cerasifera* Ehrh) 'P.2175' y 'P.2980' como parentales femeninos y los híbridos almendro x melocotonero [*P. amygdalus* Batsch, syn *P. dulcis* (Mill.) x *P. persica* (L.) Batsch] 'Garnem' y 'Felinem' como parentales masculinos. Para el genotipado se utilizaron 48 marcadores SSRs polimórficos en los parentales repartidos a intervalos regulares en los 8 grupos de ligamiento a partir de distintos mapas de referencia para *Prunus* (Dirlewanger et al., 2004; Donoso, 2009; Howad et al., 2005). Primeramente, se detectaron mediante PCR, para luego ser visualizados mediante electroforesis capilar. Se empleó el software NTSYSpc v2.1 para calcular las relaciones de similitud genética entre las progenies y los parentales mediante el análisis de agrupamiento UPGMA obteniéndose el dendrograma correspondiente.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis mediante SSRs clasificó todos los individuos en 5 grupos en función de su similitud genética. El grupo A formado por un solo individuo, el almendro 'Garfi'. El grupo B donde se encontraron 'Nemared' y los híbridos 'Felinem' y 'Garnem'. En el tercer grupo C se diferenciaba el parental femenino 'P.2175' junto a otro individuo. Dentro del grupo D se encontraron los individuos de las progenies que tenían como parental femenino al ciruelo 'P.2175', destacando su mayor nivel de diversidad genética frente al resto de grupos. Finalmente, en el grupo E se agruparon tanto el parental femenino 'P.2980' como sus descendientes. Con la información genotípica obtenida, se identificaron las regiones de almendro presentes a lo largo de los 8 grupos de ligamiento dentro de nuestras progenies diferenciándolas de las regiones de melocotonero y ciruelo. Igualmente se han podido identificar algunos individuos que proceden de polinización abierta así como confirmar la paternidad de ciertos híbridos.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto n° RTA-2014-00062 del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) y al Gobierno de Aragón (grupo A12).

## REFERENCIAS

- Dirlewanger, E., Cosson, P., Howad, W., Capdeville, G., Bosselut, N., Claverie, M., Voisin, R., Poizat, C., Lafargue, B., Baron, O., Laïgret, F., Kleinhentz, M., Arúz, P. and Esmenjaud, D. 2004. Microsatellite genetic linkage maps of myrobalan plum and an almond-peach hybrid - Location of root-knot nematode resistance genes. *Theor. Appl. Genet.* 109, 827–838. doi:10.1007/s00122-004-1694-9
- Donoso, J.M. 2009. Genética de la introgresión de genes del almendro (*Prunus dulcis* Mill.) en el melocotonero [*P. persica* (L.) Batsch]: Desarrollo de una estrategia de selección de líneas casi isogénicas (NILs) con marcadores moleculares. Universidad Autónoma de Barcelona. doi:10.1174/021435502753511268
- Howad, W., Yamamoto, T., Dirlewanger, E., Testolin, R., Cosson, P., Cipriani, G., Monforte, A.J., Georgi, L., Abbott, A.G. and Arúz, P. 2005. Mapping with a few plants: using selective mapping for microsatellite saturation of the *Prunus* reference map. *Genetics* 171, 1305–9. doi:10.1534/genetics.105.043661