

Caracterización de la época de la floración en poblaciones de mejora de almendro con presencia del gen mayor "Late blooming"

J. M. Alonso Segura¹, A. Fernández i Martí² y R. Socias i Company¹

¹ Unidad de Hortofruticultura, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Av. Montañana 930, 50059 Zaragoza. España. ² Dept. of Environmental Science, Policy and Management, University of California Berkeley, 145 Mulford Hall, Berkeley USA

Palabras clave: *Prunus amygdalus*, floración tardía, heredabilidad, fenotipado

Resumen

La floración tardía es un objetivo común en los programas de mejora genética del almendro, para evitar la floración durante la época de mayor incidencia de heladas y la consecuente pérdida de cosecha. La fecha de floración es en el almendro un carácter cuantitativo con una elevada heredabilidad. Se ha identificado además un gen mayor, *Lb* (Late blooming) procedente de 'Tardy Nonpareil', que se considera que retrasa la floración unos 15 días respecto a los que lo carecen. Las recientes variedades de floración muy tardía de almendro que incorporan el gen *Lb* están ayudando a introducir este cultivo en zonas de interior donde las variedades tradicionales son improductivas. El fenotipado de la dinámica de la floración en poblaciones de mejora es un paso previo a la obtención de marcadores moleculares ligados a la floración tardía y al gen *Lb*, y su utilización en la selección asistida en la mejora genética del almendro.

INTRODUCCIÓN

La floración tardía es un objetivo primario en los programas de mejora genética del almendro. Las variedades con floración tardía tienen una menor probabilidad de sufrir heladas durante la floración y estados fenológicos siguientes, que ocasionan la disminución o pérdida prematura de la cosecha (Socias i Company et al., 2012). Las nuevas variedades de floración tardía y muy tardía, con elevadas necesidades en frío y calor para la floración (Alonso et al., 2005), están permitiendo la producción del almendro con éxito en zonas frías de interior, donde el cultivo del almendro era hasta hace unos pocos años una verdadera utopía.

La herencia de la época de floración en el almendro es cuantitativa, como en la mayoría de especies frutales, con una elevada heredabilidad (Dicenta et al., 1993). Sin embargo, Kester (1965) sugirió que en algunas progenies procedentes de 'Tardy Nonpareil', variedad mutante de floración tardía de 'Nonpareil', un gen dominante podría estar implicado en la determinación de la floración tardía. Kester basó su conclusión en la distribución bimodal de las fechas de floración en dichas poblaciones, característica también posteriormente observada en otras progenies por Graselly (1978) y Socias i Company et al. (1999). De esta manera, la época de floración en 'Tardy Nonpareil' parece estar determinada por un gen mayor, denominado *Lb* (Late blooming), y varios genes modificadores con herencia cuantitativa. Ballester et al. (2001) cartografiaron primeramente el gen *Lb* en la familia 'Felisia' (*Lb/lb*) x 'Bertina' (*lb/lb*), encontrándose localizado en el grupo 4 de ligamiento de *Prunus* (G4). Se estima que en familias

segregantes, los individuos que expresan el gen *Lb* muestran como media un retraso en la floración de unos 15 días respecto a los que lo carecen (Socias i Company et al., 1999). En los últimos años se ha buscado marcadores moleculares ligados a la floración tardía para su aplicación en selección precoz asistida por marcadores moleculares. Silva et al. (2005) y Sánchez-Pérez et al. (2012) han descrito diferentes QTLs en los grupos de ligamiento G1, G2, G3, G4, G5, G6 and G7 ligados a época de floración, confirmando el control poligénico de este carácter.

La precisión de la evaluación fenotípica de un determinado carácter resulta crucial para realizar estudios genéticos y moleculares. En este trabajo se muestra la distribución fenotípica de la época de floración en dos familias en donde se produce la segregación de la expresión del alelo *Lb* en tres años consecutivos, como paso previo al estudio genético de la época de floración en estas familias.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se ha realizado en dos familias del programa de mejora genética del almendro del CITA de Aragón, 'Vialfas' (*Lb/lb*) x 'Marcona' (*lb/lb*) de 89 individuos y 'Mardía' (*Lb/lb*) x 'Forastero' (*lb/lb*) de 88 individuos. Durante las floraciones de 2016, 2017 y 2018 se registraron semanalmente la distribución porcentual de las yemas en cada estado fenológico de la floración (estados B, C, D, E, F y G) (Felipe, 1977), desde la fecha en que los árboles más precoces presentaron yemas en estado fenológico C hasta que los más tardíos se encontraron en estado fenológico G. En este trabajo se presenta la distribución temporal de la plena floración (F50) de los individuos en las distintas familias y el análisis de varianza en cada familia obtenido en este estado fenológico.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Fig. 1 se muestran los histogramas de la plena floración (F50) en las dos familias estudiadas. En los histogramas presentados se observa una distribución bimodal, distribuciones ya observadas en familias con segregación de la expresión del gen *Lb*. Para la familia 'Vialfas' x 'Marcona' las dos modas se encuentran comprendidas entre las fechas de floración de sus parentales, sin embargo, en 'Mardía' x 'Forastero', la moda más precoz es anterior en 2016 y similar en 2017 a la fecha de floración de 'Forastero', siendo éste el parental que mostró una mayor estabilidad en la fecha de floración para los tres años de estudio. Además del genotipo, el efecto del año tuvo un peso significativo sobre la fecha de floración plena (Tablas 1 y 2). Así, durante el año 2017, los árboles de ambas descendencias florecieron más agrupadamente debido a que las temperaturas durante la época de floración fueron más suaves y con menores oscilaciones que las temperaturas de los años 2016 y 2018. En el año 2018 se produjo un retraso generalizado de la floración debido al retraso de la satisfacción de las necesidades de calor. El orden de plena floración de los genotipos en ambas descendencias varía muy poco de año en año, lo que implica que la interacción genotipo x año es relativamente pequeña. En ambas descendencias se observan muy pocos genotipos que muestren plenas floraciones anteriores al parental más precoz y posteriores al parental más tardío (Fig. 1).

CONCLUSIONES

Para la obtener una mayor respuesta en la búsqueda de la floración tardía es deseable generar descendencias a partir de cruzamientos entre selecciones de floración lo más tardía posible, y a ser posible que sean portadoras del gen mayor *Lb*.

Un fenotipado preciso de la dinámica de floración va a permitir el estudio genético de este carácter en estas descendencias, y buscar otros nuevos marcadores ligados al gen mayor *Lb*, ya que ha sido posible identificar los genotipos con una elevada probabilidad de expresar o no expresar dicho gen.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto RTA2014-00062-00-00 del INIA y las actividades del Grupo Consolidado de Investigación de Aragón A12.

Referencias

- Alonso, J.M., Ansón, J.M., Espiau, M.T., Socias i Company, R. 2005. Determination of endo-dormancy break in almond flower buds by a correlation model using the average temperature of different day intervals and its application to the estimation of chill and heat requirements and blooming date. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 130, 308–318.
- Ballester, J., Socias i Company, R., Arús, P., de Vicente, M.C., 2001. Genetic mapping of a major gene delaying blooming time in almond. *Plant Breed.* 120, 268–270.
- Dicenta, F., García, J.E., Carbonell, E. 1993. Heritability of flowering, productivity and maturity in almond. *J. Horti. Sci.* 68:113–120.
- Grasselly, C. 1978. Observations sur l'utilisation d'un mutant d'amandier à floraison tardive dans un programme d'hybridation. *Ann. Amélior. Plant.* 28:685–695.
- Felipe, A. J. 1977. Almendro: estados fenológicos. *Inf. Técn. Econ. Agrar.* 8(27):8-9.
- Kester, D.E. 1965. Inheritance of time of bloom in certain progenies of almond. *Proc. Amer. Soc. Hort. Sci.* 87:214–221.
- Sánchez-Pérez, R., Dicenta, F. and Martínez-Gómez, P. 2012. Inheritance of chilling and heat requirements for flowering in almond and QTL analysis. *Tree Genetics & Genomes* 8:379–389.
- Silva, C., García-Mas, J., Sánchez, A.M., Arús, P. and Oliveira, M.M. 2005. Looking into flowering time in almond (*Prunus dulcis* (Mill.) D.A. Webb): the candidate gene approach. *Theor. Appl. Gen.* 110:959–968.
- Socias i Company, R., Felipe, A.J., Gómez Aparisi, J. 1999. A major gene for flowering time in almond. *Plant Breed.* 118:443–448.
- Socias i Company, R., Alonso, J.M., Kodad, O., Gradziel, T.M. 2012. Almond p. 697-728. En: Badenes M.L. and Byrne D. (eds.), *Fruit Breeding, Handbook of Plant Breeding* 8, Springer Verlag, Heidelberg.

Tabla 1. Análisis de varianza de la plena floración obtenidos en la familia 'Vialfas' x 'Marcona'.

Origen	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F
Árbol	88	11987.52362	136.22186	9.34	<.0001
Año	2	10517.87155	5258.93577	360.53	<.0001
Error	163	2377.62845	14.58668		
Total corregido	253	24883.02362			

Tabla 2. Análisis de varianza de la plena floración obtenidos en la familia ‘Mardía’ x ‘Forastero’.

Origen	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F
Árbol	87	19263.17155	221.41576	6.64	<.0001
Año	2	8395.35381	4197.67691	125.88	<.0001
Error	149	4968.64619	33.34662		
Total corregido	238	32627.17155			

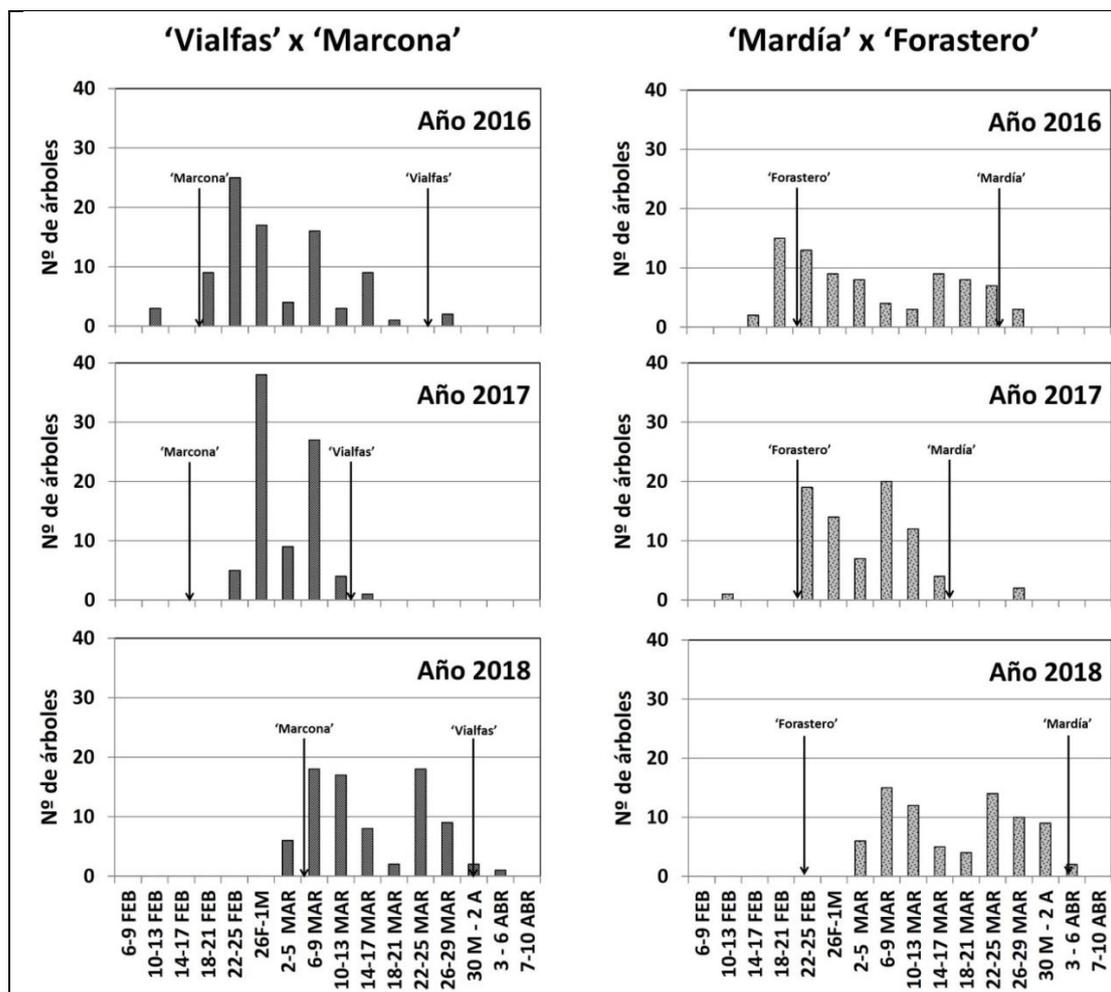


Fig. 1. Histogramas de plenas floraciones (F50) en las familias en estudio para los años 2016, 2017 y 2018.