

DIVERSIDAD ALÉLICA S Y RELACIONES DE PARENTESCO EN CULTIVARES DE CIRUELO JAPONÉS

M. E. Guerra^{1,2}, J. Rodrigo¹, M. López-Corrales² y A. Wünsch¹

1. Unidad de Fruticultura, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón.

Avda. Montañana 930, 50059 - Zaragoza

2. Departamento de Hortofruticultura. Centro de Investigación,

Finca La Orden- Valdesequera'. Apdo. 22, 06187 - Badajoz

Palabras clave: alelos S, auto-incompatibilidad, pedigrí, *Prunus salicina*.

Resumen

Los cultivares tipo 'ciruelo japonés' proceden de la hibridación interespecífica de diferentes especies de ciruelos diploides del género *Prunus*. La determinación de los haplotipos S de auto-incompatibilidad polen-pistilo mediante PCR ha permitido estudiar la diversidad genética del material vegetal cultivado, así como esclarecer las relaciones de parentesco entre cultivares y el posible origen de algunos de estos haplotipos.

INTRODUCCIÓN

Los cultivares tipo 'ciruelo japonés' cultivados en la actualidad forman un grupo heterogéneo de híbridos interespecíficos de ciruelos. El ciruelo japonés (*Prunus salicina*) fue introducido en EEUU desde Japón por Burbank en el siglo XIX. En los procesos iniciales de la mejora de la especie, *P. salicina* se cruzó con otros ciruelos diploides como *P. americana*, *P. hortelana*, *P. munsoniana*, *P. simonii* o *P. cerasifera* (Okie y Winberger, 1996). En este trabajo se ha estudiado la diversidad de los alelos S de auto-incompatibilidad y se han analizado las relaciones de parentesco de algunos de los principales cultivares.

MATERIAL Y MÉTODOS

ADN genómico de 68 variedades de ciruelo japonés fue utilizado para el análisis. La identificación de los alelos S (locus de autoincompatibilidad) de cada cultivar fue realizada mediante amplificación por PCR del gen de la S-RNasa, utilizando los cebadores PruC2, PruT2 y PCER (Beppu et al., 2002; 2003). Cada alelo S fue determinado mediante la comparación de los tamaños de los fragmentos amplificados con los tamaños descritos para cada alelo en variedades de referencia descritas anteriormente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En los 68 cultivares analizados en este trabajo se han detectado 14 alelos diferentes, siendo los más frecuentes *Sh* (24%), *Sb* (21%), *Sc* (18%) y *Se* (16%), de forma que el 79% de los cultivares analizados presentan al menos uno de estos 4 alelos, que también son los más frecuentes en el total de 119 cultivares de genotipo S conocido hasta el momento (Yamane et al., 1999; Beppu et al., 2002, 2003; Sapir et al., 2004; Halász et al., 2007). El alelo más frecuente, *Sh*, se encuentra en los cultivares más relevantes de los principales programas de mejora así como en los genotipos de *P. salicina* 'Kelsey' (*SfSh*) y 'Abundance' (*SfSh*), parentales de los primeros cruzamientos interespecíficos de la especie (Faust y Surányi, 1999). El resto de alelos identificados se encuentran en un porcentaje inferior al 10%, siendo *Sj*, *Sm*, *Sn*, *Sp*, *Sq*, *Sr* y *Ss* los de

menor presencia. Estos alelos se encuentran en cultivares obtenidos recientemente en distintos programas de mejora. A pesar de ser un cultivo derivado de la hibridación interespecífica de varias especies de ciruelo, la alta frecuencia de un número reducido de alelos confirma el uso reiterado de pocos parentales y sus descendientes en la mejora. Por el contrario, la identificación de otros alelos en los nuevos cultivares pone de relieve la introducción más reciente de nuevos genotipos, ampliando así la variabilidad genética del cultivo.

La información del pedigrí (Byrne, 1989; Brooks y Olmo, 1997) y el genotipado del locus *S* de los diferentes cultivares en este trabajo ha permitido también comprobar la genealogía de los cultivares, inferir el genotipo *S* algunos cultivares de gran difusión y descifrar el posible origen de los haplotipos *S* más comunes. La presencia de los alelos *Sh*, *Sf* y *Sa* en los genotipos de *P. salicina* originales y en todos sus descendientes sugiere que dichos alelos proceden de *P. salicina*, mientras que el alelo *Sk* presente únicamente en los descendientes de 'Simon' (*P. simonii*) sugiere que este haplotipo deriva de esta especie.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia y Tecnología-FEDER, (proyecto CICYT AGL2006-13529-C02-02/AGR) y por el Gobierno de Aragón (Grupo consolidado de Aragón A-43). M. E. Guerra ha sido financiada con una beca predoctoral por el INIA.

REFERENCIAS

- Beppu, K., Yamane, H., Yaegaki, H., Yamaguchi, M., Kataoka, I. y Tao, R. 2002. Diversity of S-RNase genes and S-haplotypes in Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl.). J. Hort. Sci. Biotech. 77, 658-664.
- Beppu, K., Takemoto, Y., Yamane, H., Yaegaki, H., Yamaguchi, M., Kataoka, I. y Tao R. 2003. Determination of S-haplotypes in Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl.) cultivars by PCR and cross-pollination tests. J. Hort. Sci. Biotech. 78:315-318.
- Brooks, R.M. y Olmo H.P. 1997. Register of fruit and nut varieties. ASHS Press, Alexandria.
- Byrne, D.H. 1989. Inbreeding, coancestry, and founding clones of Japanese-type Plums of California and the southeastern United States. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 114: 699-705.
- Faust, M. y Surányi, D. 1999. Origin and dissemination of plum. Hort. Rev. 23:179-231.
- Halász, J., Hegedus, A., Szabó, Z., Nyéki, J. y Pedryc, A. 2007. DNA-based S-Genotyping of Japanese plum and pluot cultivars to clarify incompatibility relationships. Hortscience 42:46-50.
- Okie, W. R. y Weinberger, J.H. 1996. Plums. En: J. Janick y J.N. Moore (eds), Fruit Breeding. I: Tree and tropical fruits, 559-607. J. Wiley and Sons, New York.
- Sapir, G., Stern, R.A., Eisikowitch, D. y Goldway, M. 2004. Cloning of four new Japanese plum S-alleles and determination of the compatibility between cultivars by PCR analysis. J. Hort. Sci. Biotech. 79:223-227.
- Yamane, H., Tao, R., y Sugiura, A. 1999. Identification and cDNA cloning for S-RNases in self-incompatible Japanese plum (*Prunus salicina* Lindl. cv. Sordum). Plant Biotech. 16:389-396.