

IDENTIFICACIÓN DE LOS ALELOS *S* DE INCOMPATIBILIDAD EN CEREZOS SILVESTRES DEL NORTE DE LA PENÍNSULA IBÉRICA

A.M. Cachi¹, A. Wünsch¹, A. Vilanova², N. Guardiola², M. Ciordia³, N. Aletà²

¹ Unidad de Hortofruticultura, CITA de Aragón. Avda. Montañana 930, 50059 Zaragoza

² IRTA. Torre Marimon, 08140 Caldes de Montbui

³ SERIDA. Consejería de Agroganadería y Recursos Autóctonos, 33300 Villaviciosa

Palabras Clave: locus *S*, *S-RNasa*, *SFB*, *Prunus avium*, materiales de base

Resumen

El cerezo es una especie nativa en la península ibérica y apreciada para la producción de madera. En este trabajo, se ha analizado el locus *S* de los cerezos de los Bancos Clonales de cerezo forestal existentes en el SERIDA y el IRTA. Este análisis se realizó mediante PCR y ha permitido identificar el genotipo *S* de los 140 cerezos analizados. Entre ellos se han identificado 70 genotipos diferentes del locus *S* y 33 grupos de incompatibilidad. El trabajo ha permitido detectar la gran diversidad genética del cerezo silvestre prospectado y la compatibilidad genética de este material.

INTRODUCCIÓN

El cerezo, *Prunus avium*, posee una madera tradicionalmente apreciada para la fabricación de muebles, es por lo tanto una especie a considerar en la producción de madera de alto valor. Sin embargo, son todavía pocas las opciones existentes en el mercado a la hora de elegir materiales debidamente catalogados para plantar con este objetivo productivo. Actualmente, fruto de recolecciones en distintas áreas del norte peninsular (resultados de diferentes proyectos del Plan Nacional y gracias a la implicación de organismos de investigación de distintas CCAA), se dispone de diversos Bancos Clonales (BCs) establecidos en varias áreas climáticas españolas, desde el atlántico al mediterráneo, con el objetivo de convertirse en sendos huertos semilleros (HS) (Cisneros et al., 2013).

El cerezo es una especie autoincompatible. La relación polen-estigma es gametofítica y está determinada por un locus, *S*, con múltiples alelos, en el que dos genes, *S-RNasa* y *SFB*, determinan la especificidad del pistilo y el polen respectivamente (revisado en Tao y Iezzoni, 2010). La determinación de los alelos *S* de cada genotipo puede realizarse mediante PCR utilizando cebadores diseñados en las regiones conservadas de los genes *S*, que amplifican fragmentos de diferentes tamaños para cada alelo. En cerezo hasta el momento se han identificado 24 haplotipos *S* diferentes (Schuster, 2012).

En un HS todos los genitores integrantes deben contribuir cada año con una carga genética proporcionalmente representativa en la semilla producida (MFR); el diseño del campo, la elección de genitores y su distribución, ha de favorecer la panmixia en el Material de Base. La determinación de los alelos de incompatibilidad presentes entre los genotipos que forman los citados BCs es una información imprescindible para depurarlos, para eliminar los individuos con nula o escasa contribución genética. En este trabajo se han analizado el locus de *S* de los BCs del SERIDA, ubicado en Villaviciosa (Asturias) y del IRTA en Caldes de Montbui (Cataluña).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se ha analizado el genotipo *S* de 140 individuos de cerezo mediante PCR y electroforesis capilar de los genes del locus *S*, *S-RNasa* y *SFB*. Estos genotipos provienen de 13 Regiones de

Identificación y Utilización de Material Forestal de Reproducción (RIU's) del norte peninsular (García del Barrio, 2001), y tres de ellos son variedades francesas para uso forestal. El análisis del genotipo *S* se realizó a partir de la extracción de ADN de hojas y siguiendo el protocolo descrito por Cachi y Wünsch (2014).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En los individuos analizados se han identificado 18 haplotipos *S* descritos en cerezo (*S*₁ a *S*₇, *S*₉, *S*₁₀, *S*₁₂ a *S*₁₄, *S*₁₆ a *S*₁₉, *S*₂₁ y *S*₂₂). Además se han identificado 4 posibles nuevos haplotipos *S* no descritos hasta el momento. Estos 22 haplotipos conformaron 71 genotipos *S* distintos, que se distribuyeron en 33 grupos de incompatibilidad formados por hasta 6 individuos. Los restantes 38 individuos presentaron genotipos *S* únicos y por tanto no conformaron ningún grupo. Dos de los individuos presentaron tres haplotipos indicando una posible triploidía y el genotipo de un individuo no pudo ser determinado de forma inequívoca. Algunos haplotipos *S* detectados no han sido identificados previamente en variedades de cerezo locales de la península (Cachi y Wünsch, 2014), poniendo de relieve que la diversidad genética del material silvestre es más amplia que la del material cultivado. Este trabajo ha permitido conocer la compatibilidad genética entre los individuos y la diversidad genética de este locus en el material silvestre de la franja norte de la península.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por distintos proyectos INIA, RF2011-00029-C03-00 y proyectos coordinados lo que permitió aunar esfuerzos para la prospección de organismos como el CIFA de Lourizán (Galicia), la Consejería de medio ambiente de Navarra, el DIEF de Valonsadero (Castilla-León), el SERIDA (Asturias) y la UdL y el IRTA (Cataluña).

REFERENCIAS

- Cachi, A.M y Wünsch, A. 2014. *S*-genotyping of sweet cherry varieties from Spain and *S*-locus diversity in Europe. *Euphytica* 197: 229–236.
- Cisneros, O., Santana, J., Ligos, J., Turrientes, A. y Nicolás, J.L. 2013. *Prunus avium* L. p. 123-144. En: Producción y manejo de semillas y plantas forestales. Tomo II. Ed. Naturaleza y Parques Nacionales, Serie Forestal (MAGRAMA).
- García del Barrio, J.M., De Miguel, J., Alía, R. e Iglesias, S. 2001. Regiones de Identificación y Utilización de Material Forestal de Reproducción en España. p. 293. Ed. Parques Nacionales.
- Schuster M. 2012. Incompatible (*S*-) genotypes of sweet cherry cultivars (*Prunus avium* L.). *Scientia Hort.* 148: 59-73.
- Tao R. e Iezzoni, A.F. 2010. The *S*-RNase-based gametophytic self-incompatibility system in *Prunus* exhibits distinct genetic and molecular features. *Scientia Hort.* 124: 423-433.