

DIVERSIDAD GENÉTICA DE LAS COLECCIONES ESPAÑOLAS DE MANZANO EVALUADA CON SSR

C. Miranda¹, S. Pereira-Lorenzo², A.M. Ramos-Cabrer², J. Urrestarazu¹, A. Pina⁴, M.B. Diaz-Hernandez², L.G. Santesteban¹, M.J. Laquidain¹, E. Dapena³, P. Errea⁴, J. Sanzol⁴, V. Urbina⁵, J. Dalmases⁵, A. Blanco⁶, M.A. Moreno⁶, Y. Gogorcena⁶, J.B. Royo¹

¹ Universidad Pública de Navarra, Departamento de Producción Agraria, Campus de Arrosadia, 31006 Pamplona

² Escola Politécnica Superior, Departamento de Producción Vexetal, Universidad de Santiago de Compostela, Campus de Lugo, 27002 Lugo

³ Servicio Regional de Investigación y Desarrollo de Asturias, 33300 Villaviciosa (Asturias)

⁴ Unidad de Hortofruticultura, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, 50059, Zaragoza

⁵ Departament d'Hortofruticultura, Botànica i Jardineria, Universitat de Lleida, 25198, Lleida

⁶ Departamento de Pomología, Estación Experimental de Aula Dei (CSIC), Apartado 13034, 50080 Zaragoza

Palabras clave: *Malus x domestica*, manzano, estandarización, identificación.

INTRODUCCIÓN

La Red de Colecciones de manzano del Programa Nacional de Recursos Fitogenéticos integra, entre otras, a las colecciones situadas en la Universidad Pública de Navarra (UPNA), el Centro de Investigaciones Agrarias de Mabegondo (CIAM), Cabildos (Tenerife, La Palma y Gran Canaria), la Universidad de Lleida (UdL), el Servicio Regional de Investigación y Desarrollo de Asturias (SERIDA), la Estación Experimental de Aula Dei-CSIC (EEAD) y el Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). Estas colecciones comprenden mayoritariamente cultivares locales prospectados en sus respectivas regiones y, en conjunto, representan la práctica totalidad de áreas productoras de manzano del país. Las colecciones habían sido caracterizadas, total o parcialmente, con caracteres morfológicos, agronómicos y moleculares, pero los métodos, caracteres y marcadores que se emplearon no estaban estandarizados, por lo que para evaluar de forma global la diversidad conservada por la Red era preciso realizar un trabajo previo de armonización.

En este contexto, en 2012 se inició el Proyecto Coordinado “Armonización de la metodología de caracterización, evaluación de la diversidad genética y definición de la colección nuclear de los recursos genéticos de manzano conservados en los Bancos de Germoplasma españoles” (RF2011-00017-C05-00), financiado por el INIA, e integrado por las colecciones citadas anteriormente. Su objetivo principal es el de optimizar el manejo de los recursos genéticos del manzano conservado en España, desarrollando e implantando metodologías y criterios comunes para la caracterización morfológica, agronómica, tecnológica y molecular de las colecciones. En esta comunicación presentamos los primeros resultados obtenidos de la armonización de las caracterizaciones moleculares.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se caracterizaron 1340 accesiones de manzano y 55 variedades comerciales con 13 SSR en los que se incluían 11 de los recomendados por el grupo *Malus/Pyrus* del ECP/GR (Lateur et al., 2013). La caracterización molecular se realizó de forma independiente en cada colección y los perfiles alélicos se alinearon posteriormente, empleando para ello como referencia un conjunto común de variedades comerciales.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Todos los SSR fueron altamente polimórficos, detectándose un total de 247 alelos, con una media de 19 alelos/locus. En los loci más polimórficos (CH04c07, CH01f02, CH03d07 y

CH04e05) se identificaron 24-25 alelos/locus y permitieron detectar, individualmente, en torno al 20% de los genotipos totales. Los loci menos polimórficos (CH02c09 y CH05f06) amplificaron 13 alelos/locus que permitían diferenciar menos de un 12% de los genotipos totales. En cada colección se pudieron encontrar entre el 52 y el 95% del total de alelos detectados y, en general, el nivel de diversidad alélica estaba directamente relacionado con el tamaño de las colecciones, aunque dependía también del locus considerado. Por ello, puede deducirse que las colecciones estudiadas se complementan muy bien de cara a conocer la diversidad total del manzano conservado en España.

Se identificaron un total de 738 genotipos, de los que 523 estaban representados por una accesión, y los 215 restantes, por un número que oscilaba entre 2 y 85 accesiones cada uno. De lo anterior cabría deducir que se conserva un elevado número de accesiones redundantes y que, por tanto, se podrían eliminar de algunas de las colecciones. Sin embargo, en el estudio paralelo que se está llevando a cabo para armonizar también la caracterización fenotípica, se ha observado que, en muchos casos, accesiones con un mismo perfil alélico presentan diferencias fenotípicas claras que sugieren la existencia de mutaciones no detectadas con los SSR. Estas diferencias, además de evidenciar el interés de la caracterización fenotípica en base a criterios homogéneos y realistas, aconsejan ser cautos a la hora de eliminar accesiones basándose en una sola fuente de información. Por todo ello, un análisis integral y coordinado de los recursos conservados tal y como se ha enfocado en este Proyecto, puede ser la mejor manera, al menos en especies leñosas, de optimizar el esfuerzo para el conocimiento de la diversidad real disponible y facilitar su uso posterior en mejora.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto INIA RF2011-00017-C05-00.

REFERENCIAS

Lateur, M., Ordidge, M., Engels, J., Lipman, E. (eds.). 2013. Report of a Working Group on *Malus/Pyrus*. Fourth meeting, 7-9 march 2012. Weggis, Switzerland. Bioversity International, Roma, Italia.