

La autocompatibilidad en el almendro (*Prunus amygdalus* Batsch): estructura genética del alelo S_f y modificaciones de su expresión

RESUMEN

El almendro, *Prunus amygdalus* Batsch, es una especie diploide que pertenece al género *Prunus*. Aunque la autoincompatibilidad (AI) es un carácter importante en el reino vegetal desde el punto de vista evolutivo, la autocompatibilidad (AC) es un carácter agronómico muy crítico para asegurar la producción. De este modo, la AC se ha convertido en uno de los principales objetivos de los programas de mejora de almendro en todo el mundo. Aunque la AC ha sido identificada en algunas variedades de almendro, es muy poco frecuente. Los métodos que se han utilizado para determinar la AC en el almendro son la observación de los tubos polínicos y el cuajado de frutos después de polinizaciones controladas. Sin embargo, las nuevas técnicas moleculares se han ido aplicando cada vez más durante estas dos últimas décadas. De este modo, se ha conseguido determinar el genotipo de las variedades y selecciones de una manera muy rápida y eficaz. La AC ha sido relacionada con la presencia del alelo S_f , el cual pertenece a la serie alélica S , y es dominante sobre los otros alelos de AI. Por ello siempre se había considerado que la AI/AC era un carácter cualitativo.

En el transcurso de esta tesis, sólo un 25% de los individuos procedentes del cruzamiento 'Vivot' \times 'Blanquerna' ha sido AC, mucho menos de lo esperado, un 50%. Las dos diferentes versiones del haplotipo S_f , una activa y AI (S_{fa}) y la otra inactiva y AC (S_{fi}) han mostrado un mutuo reconocimiento, por lo que la S_{fa} -RNasa del estilo de 'Vivot' ha impedido el crecimiento del tubo polínico S_{fi} de 'Blanquerna'. Estos resultados sugieren la presencia de un locus modificador no ligado al locus S , el cual sería responsable del control de la AI/AC en esta población. Aunque últimamente se ha profundizado mucho en el estudio del locus S a nivel molecular, su mecanismo de acción sigue sin estar del todo determinado, por lo que se sugiere que otros genes externos son necesarios en la AI. En esta tesis se han localizado por primera vez en la familia de las rosáceas dos nuevos loci situados fuera del locus S , los cuales se encuentran en el grupo 6 y 8. Con estos resultados, podríamos sugerir que la AI es un carácter cuantitativo y no cualitativo, como se conocía hasta la fecha.

Por otro lado, la construcción de una librería genómica (fósmido) en ‘Vivot’ y ‘Blanquerna’ ha permitido comprobar que tanto las secuencias de las S_f -RNAsas como de los SFB $_f$ eran completamente idénticas, a pesar de tener dos expresiones tan distintas. Como no ha sido posible encontrar ninguna mutación entre ambos S_f , se ha sugerido la implicación de la metilación del ADN en esta población. La metilación puede producir cambios en los fenotipos o en la expresión de los genes sin alterar las secuencias del ADN. Los ensayos llevados a cabo en esta tesis sugieren que el ADN metilado sería el responsable de la activación y/o inactivación del haplotipo S_f . De hecho, se ha podido comprobar que cuando la secuencia de la S_f -RNasa es metilada, ésta inactiva la expresión, por lo que esta inhibición se traduciría en una expresión AC, como es el caso de ‘Blanquerna’. En el caso contrario, si la secuencia de ADN no es metilada, como es el caso de ‘Vivot’, la RNasa permanece activa y a consecuencia la planta será AI.

Además, se ha construido la estructura en 3D de las RNAsas de los alelos S_f , S_{23} y S_8 mediante herramientas bioinformáticas. La principal diferencia encontrada fue que en la estructura del S_f , había un lazo más largo que en las otras dos RNAsas AI. En la bibliografía se ha descrito que los lazos grandes son susceptibles a la degradación proteólica, por lo que este mismo fenómeno podría estar pasando en estas RNAsas.