

## Selección genotípica del tipo sexual en pepino (*Cucumis sativus* L.)

R.A. Espejo, M.M. Carretero, J. Capel y R. Lozano  
Departamento Biología Aplicada, Área de Genética, Universidad de Almería, 04120  
Almería

**Palabras clave:** tipo sexual, pepino, RAPD, SSR, AFLP, selección genotípica, marcadores moleculares

Los actuales programas de mejora genética de pepino (*Cucumis sativus* L.) están encaminados al incremento de la producción y calidad del fruto, caracteres dependientes en gran medida del tipo sexual de las líneas seleccionadas como parentales de nuevos híbridos. En esta especie, la presencia de diferentes tipos de flores, unisexuales y/o hermafroditas, a lo largo del tallo permite distinguir varios tipos sexuales, entre los que se encuentran ginoicos, monoicos, androicos, andromonoicos y hermafrodita. El control genético de este carácter se debe a la acción de tres genes mayores, *F/f*, *M/m* y *A/a*, si bien estudios fisiológicos han demostrado que el fenotipo sexual resulta de la acción combinada de dichos genes, las condiciones ambientales y la actividad de algunas hormonas vegetales como el etileno (Robinson y Decker-Walters, 1997). Los cultivares tradicionales de pepino son monoicos, mientras que las nuevas variedades híbridas son principalmente ginoicas. El interés de la ginoecia para los mejoradores reside en la facilidad que ofrecen las líneas portadoras de ese carácter para producir semilla híbrida sin necesidad de emasculación del parental femenino; para los productores por su parte, los genotipos ginoicos y partenocárpicos ofrecen mejores rendimientos.

La selección genotípica de un tipo sexual concreto precisa la evaluación en etapas tardías del desarrollo reproductivo, por lo que la disponibilidad de marcadores moleculares estrechamente ligados a los genes *F/f* y *M/m*, responsables respectivamente de los caracteres “ginoico/monoico” y “presencia de flores unisexuales y/o hermafroditas” en pepino, constituye un objetivo importante en la mejora genética de este cultivo. Tales marcadores permitirían la selección temprana de líneas ginoicas, así como de otros tipos sexuales de interés. Con este fin se generaron dos poblaciones de análisis genético, una compuesta por líneas doble haploides (DH) en la que segregaba el carácter ginoico/monoico a partir de la cual se utilizó una estrategia BSA (*Bulked Segregant Analysis*, Michelmore et al., 1991) para identificar marcadores ligados al gen *F/f*. En el caso del gen *M/m*, hemos utilizado una población  $F_2$  y una estrategia Multi-BSA (García et al., 1998) a partir de varios conjuntos de individuos, todos ellos homocigotos *mm* (hermafroditas), encaminada a la detección de marcadores ligados al gen *M/m*.

Tres marcadores moleculares, uno tipo RAPDs y dos SSRs, se encuentran estrechamente ligados al gen *F/f*; de hecho no se detectó ningún recombinante en la población DH, lo que indica que la distancia genética que separa a dichos marcadores del gen *F/f* es inferior a 2 cM. El marcador RAPD ligado al gen *F/f* fue convertido en un marcador tipo SCAR, más específico y de naturaleza codominante, con el cual es posible la selección fiable de plantas ginoicas y monoicas (Fig. 1).

Por su parte, el análisis Multi-BSA de 70 combinaciones de cebadores AFLP (EcoRI+NNN/ MseI+NNN) permitió identificar 3 marcadores potencialmente ligados al gen *M/m*. La cartografía de uno de estos marcadores indica que se encuentra estrechamente ligado al gen de interés, toda vez que no se ha identificado ningún cromosoma recombinante en los individuos  $F_2$  analizados. Actualmente, se está procediendo a clonar y secuenciar los fragmentos de ADN correspondientes a los

marcadores AFLP, con lo cual se pretende su conversión en marcadores tipo SCAR

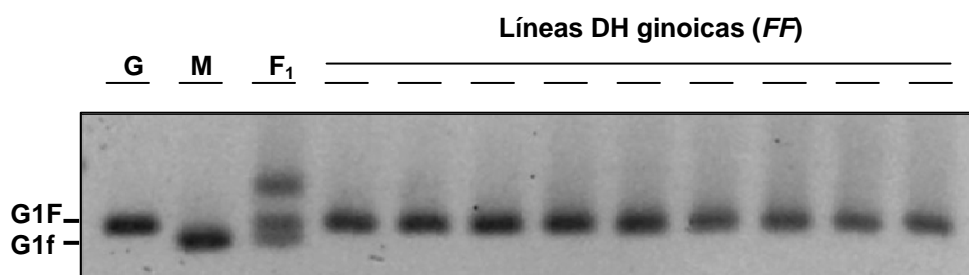


Fig. 1. Resultado de la amplificación del marcador RAPD (G1) convertido en un marcador SCAR codominante, en los parentales ginoico (G) y monoico (M), el híbrido F<sub>1</sub>, y un grupo de líneas que presentan el tipo sexual ginoico (FF). No se encontró ningún recombinante en 46 líneas DH analizadas.

fácilmente analizables mediante PCR. Junto a los marcadores desarrollados para objetivos de selección genotípica, el trabajo realizado ha llevado al mapeo de otros marcadores que flanquean a los genes responsables de los distintos tipos sexuales encontrados en pepino. Tales resultados aportan información muy útil para la selección de plantas con la menor proporción del genoma donador.

### Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto del Ministerio de Educación y Ciencia PTR1995-0815-OP. Rosa A. Espejo ha disfrutado de una beca de investigación de la Agencia Española de Cooperación Internacional. Los autores agradecen la colaboración de la empresa Rijk Zwaan Ibérica, S.A.

### Referencias

- García, E., Noguera, J., Jamilena, M, Capel, J. y Lozano, R. 1998. Identificación y mapeo de marcadores moleculares ligados al gen de resistencia al virus del cribado en melón (MNSV). Utilidades en programas de mejora asistida por marcadores. Actas de Horticultura 148: 148-155.
- Michelmore, R.W., Paran, I. and Kesseli, R. V. 1991. Identification of markers linked to disease resistance by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific regions using segregating populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88: 9828-9832.
- Robinson, A. W. and Decker-Walters, D. S. 1997. Cucurbits. CAB International. New York.