

¿Qué sabemos acerca de la compatibilidad de 'Sweet Pekeetah'?

Igor Pacheco

Profesor Asociado

INTA – Universidad de Chile



Polinización en ciruelas → Falta de cuaja



Esterilidad masculina



Frecuentes anomalías en el desarrollo del óvulo



Falta de polen



Auto-incompatibilidad

Relación entre cultivares
parcialmente conocida
(pocas variedades del
germoplasma)



5-14%

flowers develop into fruits

- Horas de frío para Desarrollo floral: 200 – 1000
- Pollen germination: 12% ('Sun Gold') – 60% ('Hiromi Red')
- Polinización entre 1-3 días después de apertura floral
- *Locus S*: 42 alelos del gen S-RNAsa alleles and 15 para gen SFB
- 26 grupos de incompatibilidad

- Requires Cross Pollination
- *Prunus* unable to bear fruit parthenocarpically

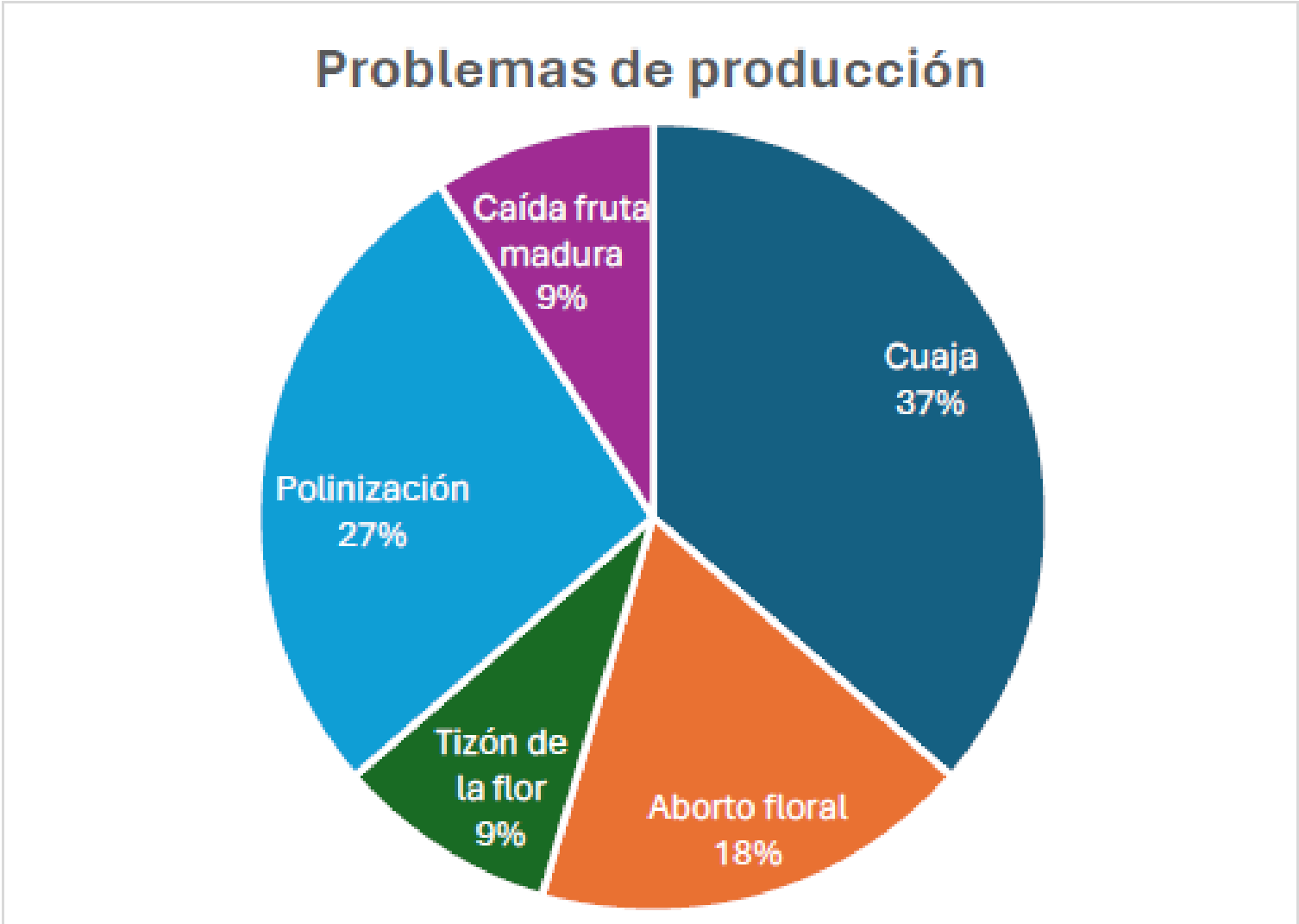
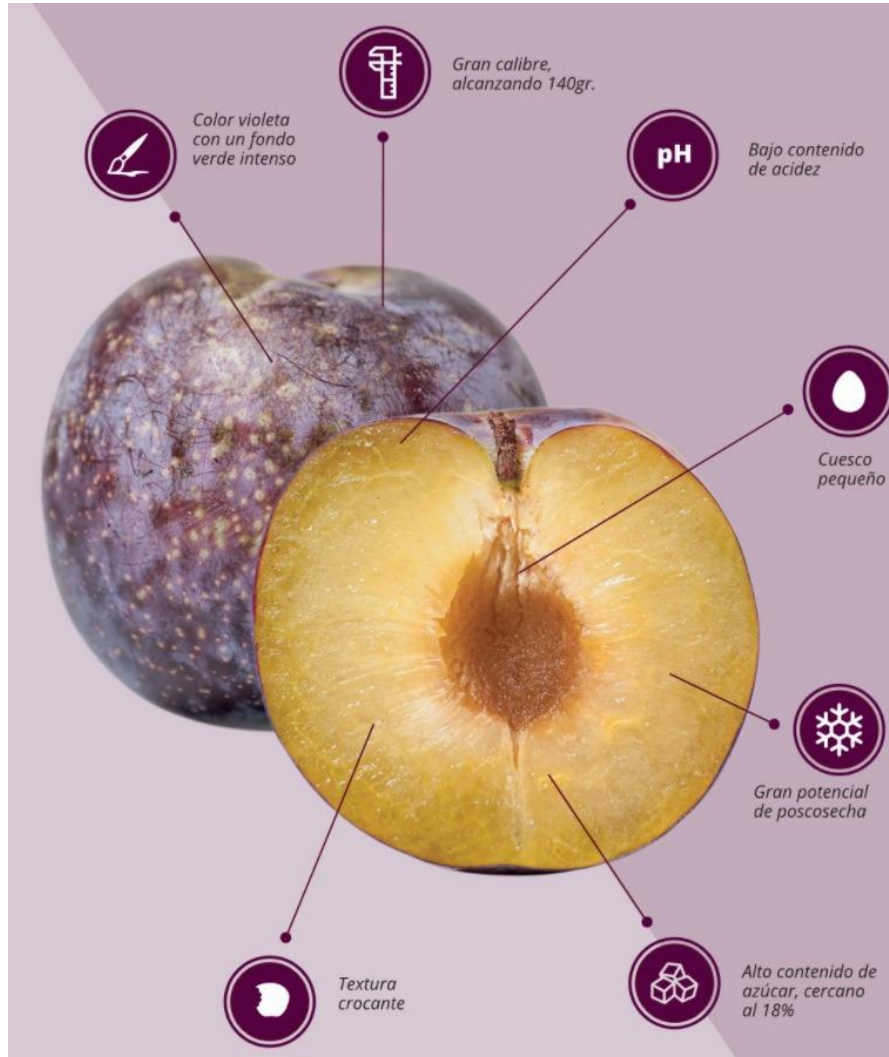


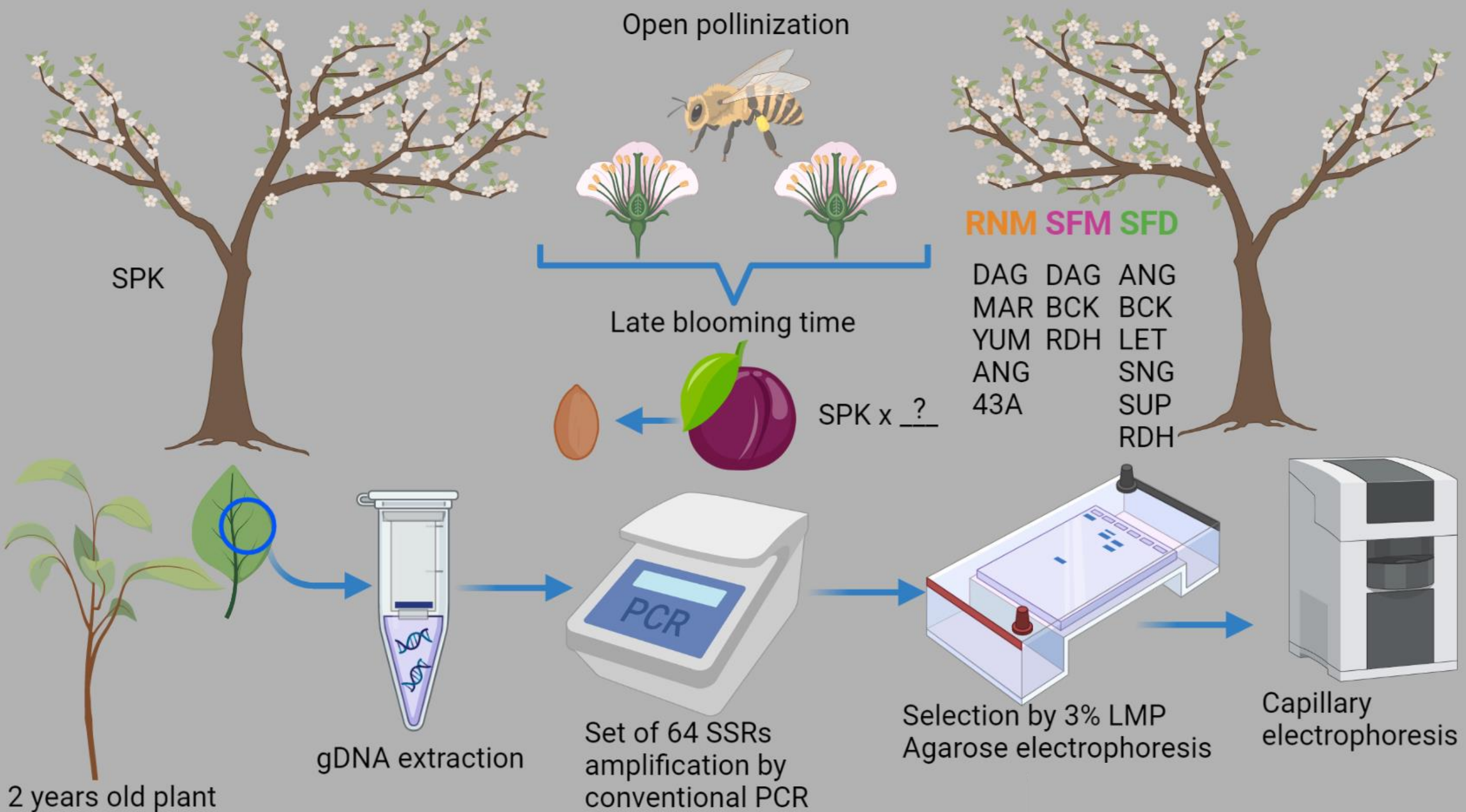
Figura 3. Principales problemas de producción identificados en el diagnóstico.

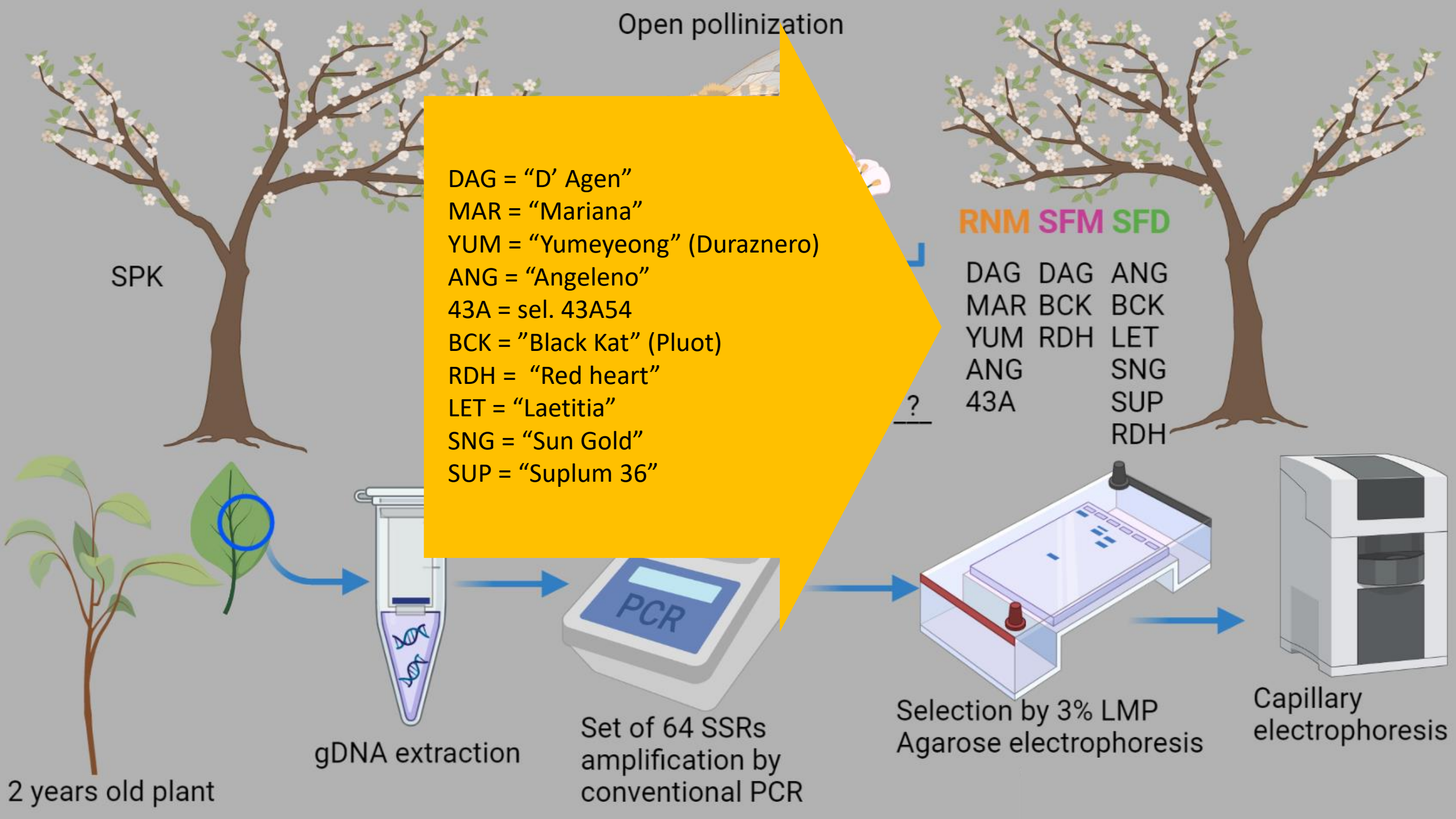
Best pollen donor for “Sweet Pekeetah” (SPK)



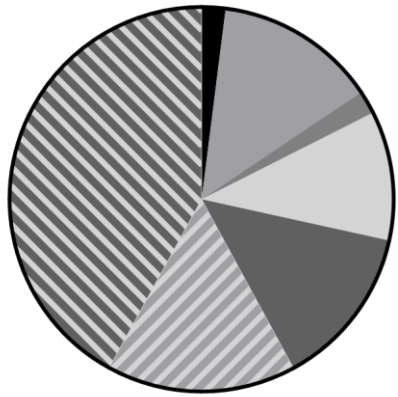
- Fruit set depends on successful fertilization
- SPK is a late blooming cultivar: Few commercial varieties have full blooming overlap with SPK

Which cultivar pollen is the most efficient in fertilizing SPK ovules ensuring a high fruit set?



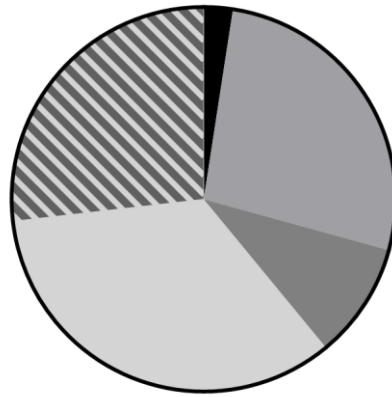


RNM Population



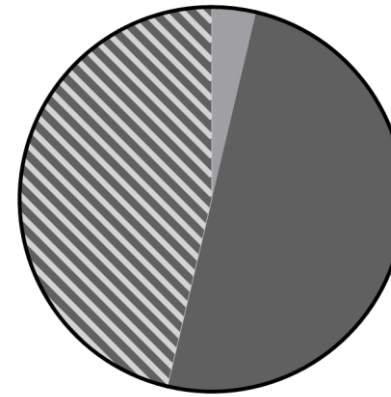
- DAG
- MAR
- YUM
- 43A
- ANG
- 43A-ANG
- Insufficient

SFM Population



- DAG
- BCK
- RDH
- BCK-RDH
- Insufficient

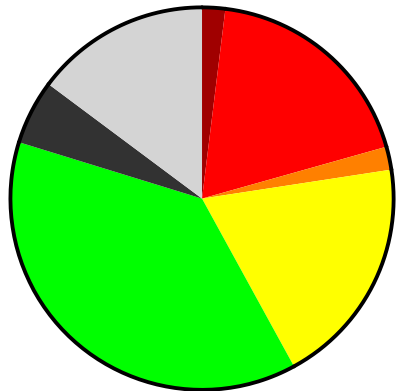
SFD Population



- BCK
- SUP
- Insufficient

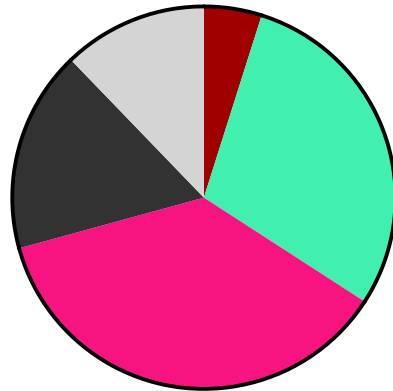
4 Markers, 60.5% Efficiency, 352 plants

A. RNM Population



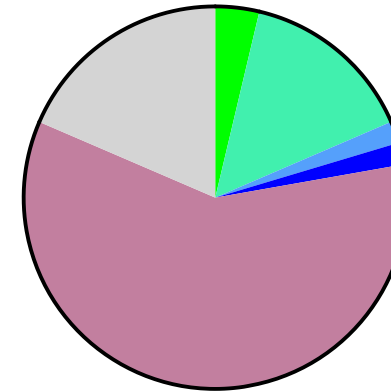
- DAG
- MAR
- YUM
- 43A
- ANG
- 43A-ANG
- Insufficient

B. SFM Population



- DAG
- BKC
- RDH
- BCK-RDH
- Insufficient

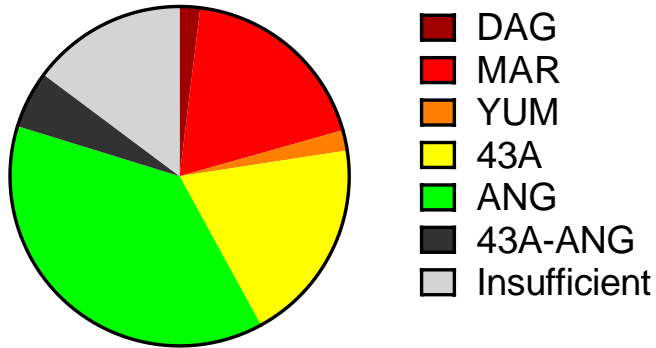
C. SFD Population



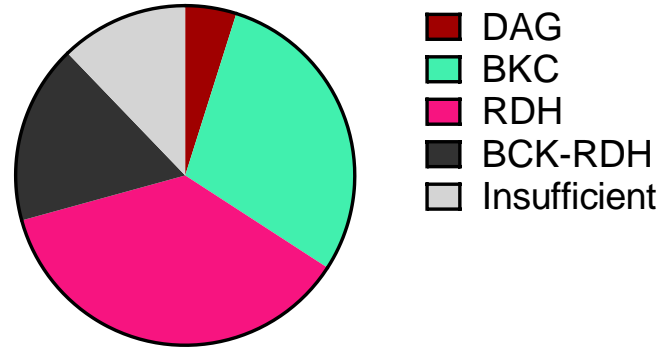
- ANG
- BKC
- LET
- SNG
- SUP
- Insufficient

8 Markers, 77.1% Efficiency, 352 plants

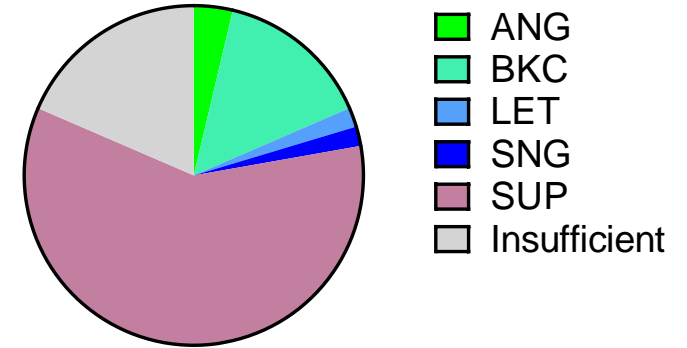
A. RNM Population



B. SFM Population



C. SFD Population



Huerto No.	Region	Comuna	Polinizantes			Año plantación	Producción (kg/ha)
3	VI	Rengo	'Angeleno'	'Red Heart'	'Black Kat'	2020	43 818
12	VI	Rengo	'Laetitia'	-	-	2019	36 000
6	VII	Teno	'Laetitia'	-	-	2018	30 000
1	RM	María Pinto	Blue Giant	'Laetitia'		2019	28 000
4	VI	Santa Cruz	'Red Heart'	'Black Kat'		2020	26 385
9	VI	Pichidegua	'Black Kat'	sel. 43A54	-	2019	20 000
17	VI	San Fernando	Autumn Giant	Suplum 36	-	2021	17 472
11	VII	Los Niches	Floreros		-	2019	11 627
13	VII	Villa Alegre	sel. 43A54	'Laetitia'	-	2021	6 000
16	VI	San Vicente de TT	'D'Agen'	-	-	2019	5 600
21	RM	Melipilla	s/i	-	-	2021	2 959
15	VII	Sagrada Familia	King Red	Larry Ann	-	2019	42
2	VI	Rengo				2022	sin produccion
5	VI					2022	sin produccion
7	VI	Lolol	'Laetitia'	-	-	2021	sin produccion
19	VI	Graneros					sin produccion
20	VII	Itahue	sel. 43A54	-	-	2021	sin produccion
8	VI	San Vicente	'Laetitia'		-	2019	
14	VII		'Laetitia'				
18	VI	Peralillo (El Huique)	Autumn Giant	'D'Agen'	-	2019/2020	s/i

OK
?
?
?
OK
OK
?

¿Qué variedad
abrió flores junto
con SPK?

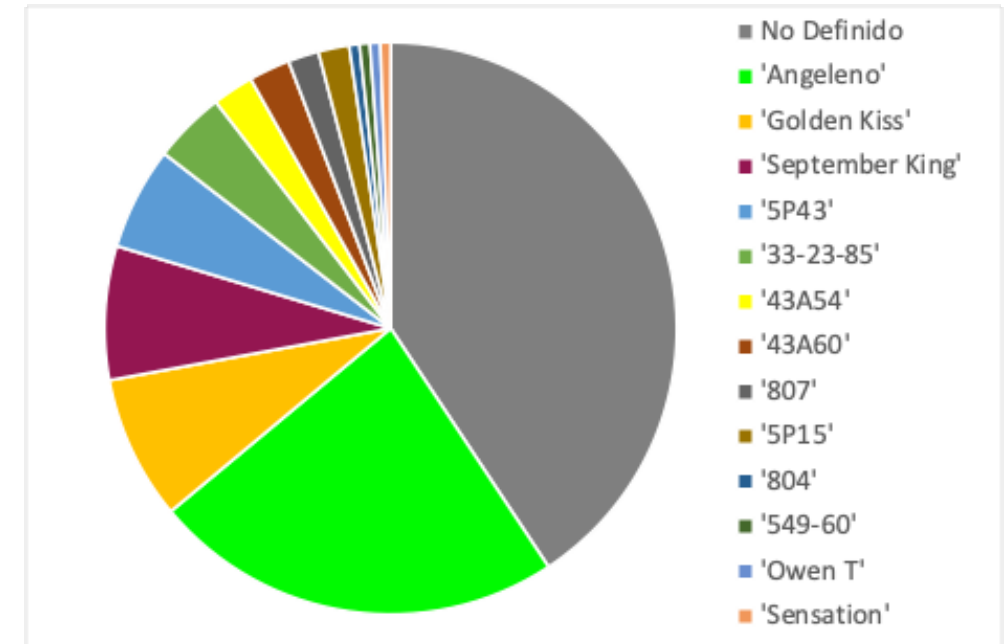
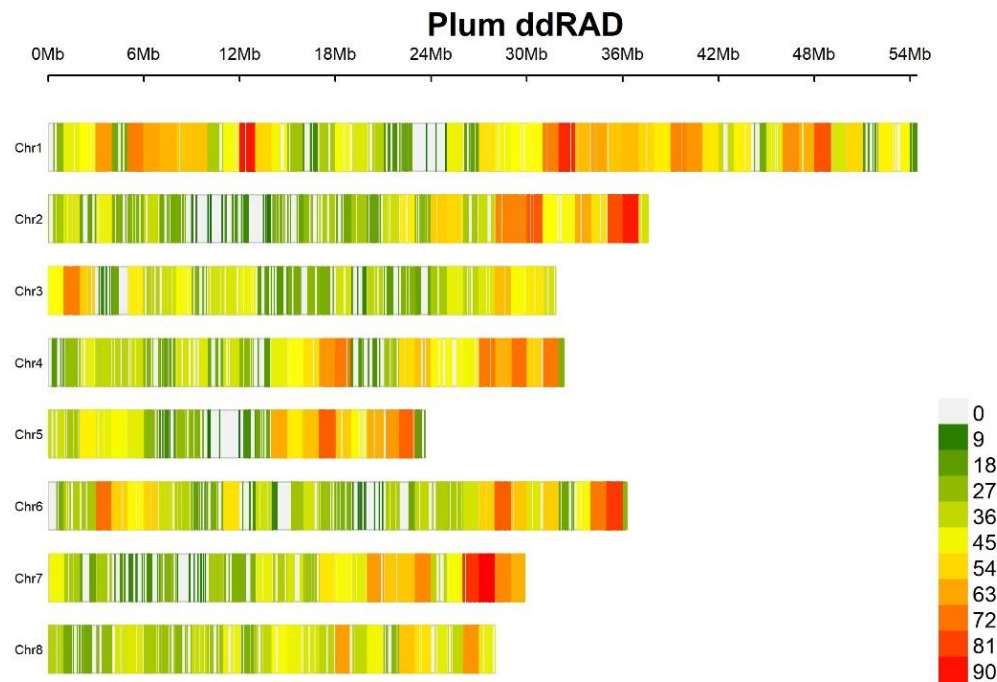
Depende de
factores
ambientales

Datos proyecto Selección Genómica en Ciruela Japonesa (IDEA ID22110266): preliminar

- Panel de polimorfismos de nucleótido único (SNPs) entre **1150 individuos**, secuenciados mediante ddRAD.
- 38 cruzamientos (mucho polinización abierta); 20 líneas parentales
- Mapeo contra genoma referencia *P. salicina* 'Sanyueli' (trabajando en genoma 'Angleleno')
- ~17000 SNPs (8 cromosomas), distintas densidades de SNPs






172 plantas son hijas de cruzamientos con SPK como madre

Inferencia de parentesco con 17K SNP
(software KING, Kinship Inference for Gwas)



(se requiere afinar el set de marcadores para maximizar discriminación de diversidad)

Conclusiones

-  Las pruebas de paternidad basadas en SSR permitieron determinar variedades polinizadoras de “Sweet Pekeetah” (**SPK**) en un 77,1% de los hermanos analizados.
-  En general, “Sweet Pekeetah” (**SPK**) muestra una buena compatibilidad con pólenes de diferentes cultivares en diferentes huertos.
-  ‘**Angeleno**’, ‘**43A54**’, ‘**Red Heart**’, ‘**Black Kat**’, ‘**Laetitia**’, ‘**Mariana**’ y ‘**Suplum 36**’ (y ‘**Golden Kiss**’, ‘**September King**’?) también se muestran compatibles con **SPK**, aunque se debe analizar con mayor profundidad la fenología de los distintos cultivares en los distintos campos.
-  La variedad de ciruelo europeo D’Agen resulta ser un mal candidato polinizador para “Sweet Pekeetah”, con solo un 1,98% de eventos de fertilización.
-  Se hace necesario hacer un seguimiento anual de las fechas de apertura de flor en las variedades dadoras de polen y Sweet Pekeetah, para relacionarlo con la productividad

- ¿Cuán factible sería delinear propuestas de financiamiento para caracterizar SPK (y otras futuras selecciones) respecto de sus potenciales variedades dadoras de polen?
- ¿Interesa cooperar para levantar conocimiento aplicado respecto de las nuevas variedades generadas en Chile?



Proyecto IDeA I+D ID22I10266

Aumento en la tasa de generación de variedades chilenas de ciruela mediante la aplicación de Selección Genómica

Resumen de resultados



Objetivo General

Habilitar el enfoque de predicción genómica en el PMG de ciruelas de la Universidad de Chile, para los rasgos fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles de en frutos de esta especie.

Objetivos específicos

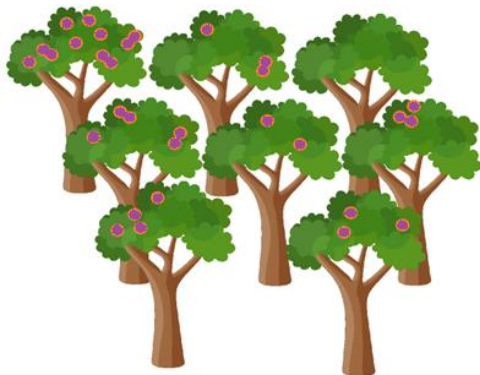
- 1.- Desarrollar un panel de datos genotípicos para al menos 1200 individuos del Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.
- 2.- Caracterizar fenotípicamente al menos a 1200 individuos del Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile, para los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles del fruto.
- 3.- Desarrollar modelos de predicción genómica de los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, fecha del desarrollo, peso y contenido de sólidos solubles del fruto, evaluados en el Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.
- 4.- Evaluar la capacidad predictiva y validar los modelos de selección genómica para los rasgos de fecha de floración, fecha de cosecha, peso y contenido de sólidos solubles del fruto, evaluados en el Programa de mejoramiento de ciruela de la Universidad de Chile.

Metodología (Resumen)

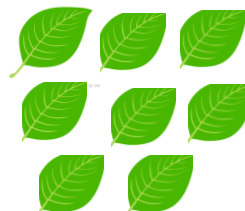
PMG-ciruelo, UChile
(Rinconada, Maipú)



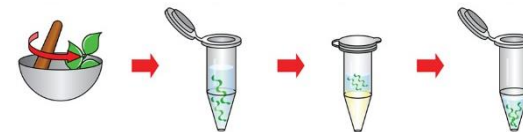
20 líneas parentales
38 cruzamientos



Recolección de brotes
(Oct-Nov 2022)



Extracción ADN



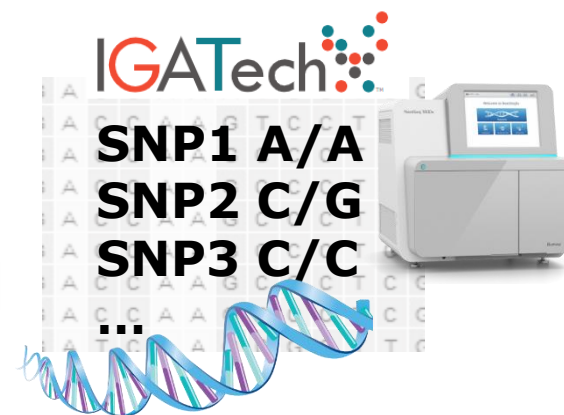
Fenotipado del PMG
(2 temporadas)



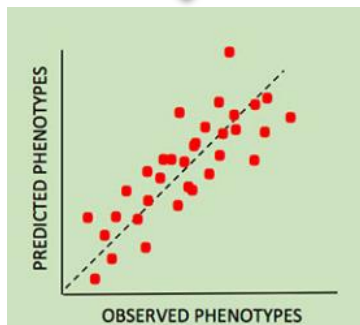
$$y = Xb + Zm + e$$

Matriz numérica de SNPs

1	0	2	0	1
0	0	2	1	2
2	0	1	1	2
1	1	0	2	2
1	2	0	1	2



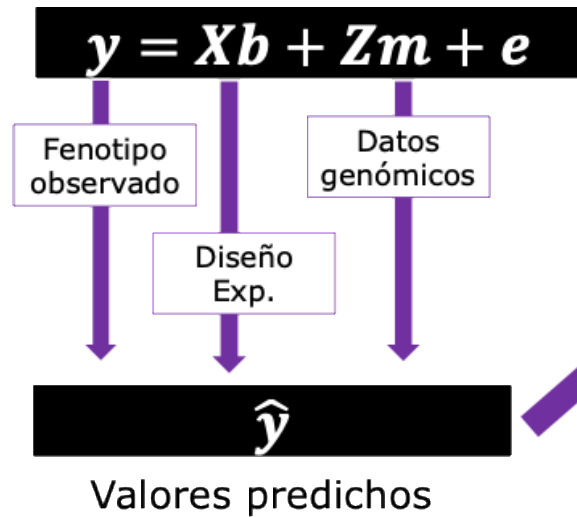
Secuenciación
Gen. *Prunus salicina* 'Sanyueli')



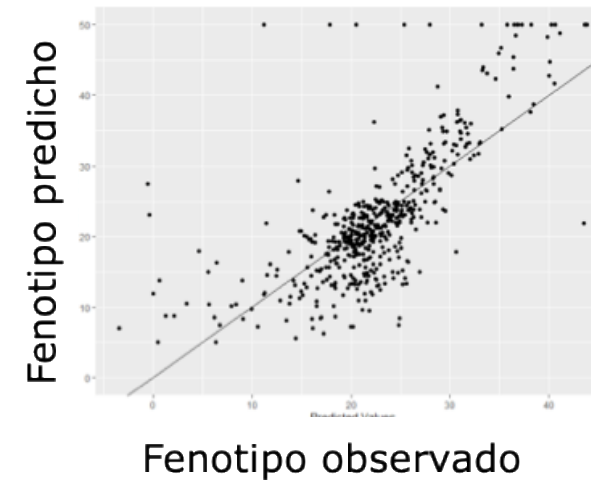
Modelo GS validado

Resultado principal: Capacidad predictiva de los modelos construidos

Modelo predictivo:



Capacidad predictiva



Método →	BL	RKHS	BC (p=0.1)	BB	BA	BRR	Método BB con reducción No. SNP
CSS (°Brix)	0.60	0.60	0.60	0.60	0.60	0.61	0.77
Acidez (eq. Málico)	0.47	0.47	0.48	0.48	0.47	0.47	0.70
Inc. Floración (días)	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.89
Peso fruto (g)	0.76	0.76	0.76	0.76	0.76	0.76	0.84
F. Cosecha (días)	0.79	0.78	0.80	0.81	0.80	0.78	0.90



Proyecto IDeA I+D ID22I10266

Aumento en la tasa de generación de variedades chilenas de ciruela mediante la aplicación de Selección Genómica

Resumen de resultados



Problema/oportunidad

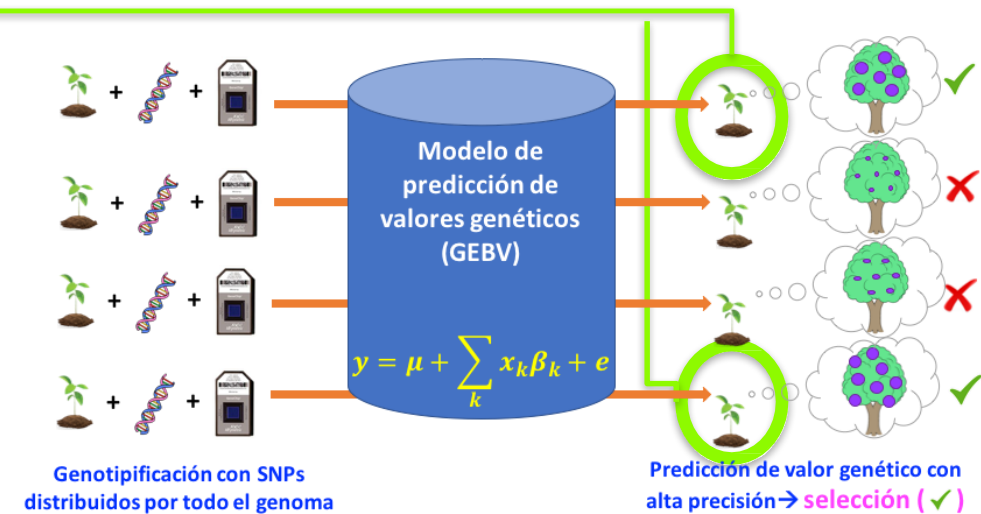
- Alza en la demanda frutícola (e.g., ciruelas)
- Oferta nacional de ciruelas basada en pocas variedades y de origen extranjero
- Necesidad de ampliar la oferta varietal: generación de nuevas variedades adaptadas a condiciones de producción local
- Mejora tradicional ha dado buenos resultados, pero aspectos reproductivos y tiempos generacionales la hacen lenta



Cada temporada: 5 selecciones por cada 5000 individuos

Solución propuesta

- Selección temprana de individuos, antes de plantar en campo para evaluación
- Selección Genómica (GS): Modelos de predicción de rasgos heredables complejos (e.g., peso, fecha floración, fecha de cosecha y sólidos solubles) basados en datos genotípicos (miles de SNPs)
- Una alta precisión en la predicción permitiría aumentar la eficiencia del mejoramiento (reducir los costos de mejora y aumentar la ganancia genética)



**Sólo se llevan al campo individuos con mayor valor genético:
Mayor porcentaje de selecciones por temporada**



...así la espera y la inversión valdrían mucho más la pena: mayor probabilidad de obtener el retorno esperado (variedad → \$\$)



¿Y si pudiéramos elegir *a priori* sólo los buenos juegos de dados?