

Resumen

Las rosas son las flores más conocidas, cultivadas y solicitadas como flores de corte en todo el mundo, esto se debe a la amplia variedad de colores, tonos y combinaciones que presenta. Las rosas pueden propagarse por métodos sexuales como semillas y métodos asexuales en donde la utilización de portainjertos de rosas para su propagación es la práctica más común. Los marcadores microsatélites de sitio de secuencia marcada (STMS) permiten la identificación de diferentes genotipos de rosa. En total, se utilizaron 15 marcadores STMS de seis grupos de ligación diferentes, para caracterizar 10 variedades de portainjertos de rosa pertenecientes al banco de germoplasma de la empresa "Agroinnovación S.A.". De los 15 STMS utilizados, 14 exhibieron polimorfismos y se identificaron 49 alelos, en donde el número de alelos amplificados por marcador estuvo entre 2 a 6 alelos por locus, los loci RhAB15, RhO507 y RhAB22, presentaron de 5 a 6 alelos y obtuvieron valores de PIC superiores a 0,5; considerándolos los STMS más polimórficos en el estudio. Gracias a la determinación de la combinación óptima de marcadores más informativos se logró la obtención de la huella genética de portainjerto de rosa #BG-1177 con tan solo 6 microsatélites, permitiendo así su fácil diferenciación entre las otras variedades analizadas en el presente estudio. Estos marcadores serán un mecanismo útil para proteger la propagación ilegal del patrón de rosa #BG-1177.

Palabras clave: Huella genética, portainjerto de rosa, marcadores moleculares, STMS, índice de contenido polimórfico

Abstract

Roses are the most known, cultivated and requested flowers throughout the world, this is due to the high variety of colors, tones and combinations that they present. Roses can be propagated by sexual methods such as seeds and asexual methods, the use of rose rootstocks for propagation is the most common practice. The microsatellite markers: Sequence-Tagged Microsatellite Site (STMS) are a highly effective tool for the identification of rose genotypes. In total, 15 STMS markers from 6 different ligation groups were used to characterize 10 varieties of rose rootstock belonging to the germplasm of the company "Agroinnovación S.A." Of the 15 STMS used, 14 exhibited polymorphisms and 49 alleles were identified. The number of amplified alleles per marker was between 2 to 6 alleles per locus. The RhAB15, RhO507, and RhAB22 loci amplified 5 to 6 alleles and obtained PIC values greater than 0.5; making them the most polymorphic STMS in the study. By the determination of the optimal combination of the most informative markers, we obtained the genetic fingerprint of rose rootstock #BG-1177 with only 6 microsatellites, thus allowing its easy differentiation between the other varieties analyzed in the present study. These markers will be a helpful mechanism to protect the illegal propagation of the rose rootstock #BG-1177

Keywords: Fingerprinting, rose rootstock, molecular markers, STMS, polymorphic information content