

**UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN  
FACULTAD DE AGRONOMÍA**



**DIVERSIDAD GENÉTICA EN CEREZO (*PRUNUS AVIUM* L.), CULTIVARES  
BING, KORDIA, REGINA Y VAN E HÍBRIDOS INDETERMINADOS, UTILIZANDO  
MARCADORES ISSR**

**POR**

**JOSÉ ANTONIO HENRÍQUEZ CORTÉS**

**MEMORIA PRESENTADA A LA  
FACULTAD DE AGRONOMÍA DE LA  
UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN  
PARA OPTAR AL TÍTULO DE  
INGENIERO AGRÓNOMO.**

**CHILLAN-CHILE  
2015**

## **DIVERSIDAD GENÉTICA EN CEREZO (*PRUNUS AVIUM* L.), CULTIVARES BING, KORDIA, REGINA Y VAN E HÍBRIDOS INDETERMINADOS, UTILIZANDO MARCADORES ISSR**

GENETIC DIVERSITY OF SWEET CHERRY (*PRUNUS AVIUM* L.) IN BING, KORDIA, REGINA AND VAN CULTIVARS AND UNDETERMINED HYBRIDS USING ISSR MARKERS

**Palabras índice adicionales: Similitud genética, Polimorfismo, Partidores, PCR.**

### **RESUMEN**

La identificación morfológica de plantas de cerezo en etapas juveniles es imprecisa. El uso de marcadores moleculares ha permitido rapidez y precisión en la identificación. El objetivo de este estudio fue determinar la similitud genética entre cuatro cultivares de cerezo *Prunus avium* L. (Bing, Kordia, Regina y Van) y cuatro híbridos de parentales indeterminados (3379, 3371, 3387 y 3655), usando marcadores moleculares del tipo ISSR. Los cuatro híbridos utilizados proceden del programa de mejoramiento genético de cerezo de INRA, Bordeaux, Francia, disponibles en la estación experimental "El Nogal" de la Universidad de Concepción, Campus Chillán. Se utilizaron 19 partidores y se realizaron 30 ensayos de amplificación mediante PCR (Polimorphism Chain Reaction). Los productos de amplificación fueron separados por electroforesis en gel de agarosa al 1,5 % p/v en solución TAE1X, teñidos con bromuro de etidio y visualizados bajo luz UV. Los resultados indican que 86,7 % de los ensayos generaron polimorfismo. Dos partidores (UBC 808 e ISSR 4) produjeron perfiles de ADN útiles para diferenciar los cultivares e híbridos estudiados. Los perfiles de ADN fueron analizados mediante análisis coordenadas principales (PCoA) y de agrupamientos (Kmeans). La mayor similitud genética se observó entre el híbrido 3379 y el cultivar Regina, entre el híbrido 3371 y el cultivar Bing y entre el híbrido 3387 y el cultivar Kordia. Se concluye que los marcadores moleculares ISSR constituyen una herramienta valiosa para futuros estudios de la diversidad genética en cerezo.