

**DISECCIÓN DE LA RESPUESTA DE *PINUS PINASTER* A LA SEQUÍA.
DESARROLLO DE HERRAMIENTAS MOLECULARES PARA LA
CARACTERIZACIÓN DEL MATERIAL DE BASE**

María Teresa Cervera^{1,2}, Carmen Collada^{2,3}, Ángeles Guevara^{1,2}, Juan Majada⁴, Ismael Aranda^{1,2}, Álvaro Soto^{2,5}

¹ *Genética y Ecofisiología Forestal, Dept. Sistemas y Recursos Forestales
(CIFOR-INIA) Madrid*

² *Unidad Mixta de Genómica y Ecofisiología INIA-UPM*

³ *Dept. de Biotecnología, ETSIM (UPM), Madrid, Spain.*

⁴ *SERIDA, Villaviciosa, Asturias*

⁵ *Anatomía, Fisiología y Genética Forestal, Dept. de Silvopasticultura,
ETSIM (UPM) Madrid*

Las predicciones sobre la evolución del clima apuntan a una fuerte acentuación de la sequía estacional en el área mediterránea en un futuro inmediato, limitando el crecimiento y la supervivencia de las actuales poblaciones naturales y reforestaciones. Una adecuada gestión de estos recursos requerirá, por tanto, comprender la base genética y fisiológica de los mecanismos adaptativos frente al estrés hídrico. Como especie modelo seleccionada para estudiar la respuesta al estrés hídrico hemos elegido *Pinus pinaster* Ait., la conífera más abundante en España. Esta especie, que se caracteriza por una notable diversidad genética y adaptativa, abarca ecosistemas muy variables, desde el clima oceánico en el noroeste de España hasta el mediterráneo seco en las mesetas y sur de España, sometidos en muchos casos a intensos periodos de sequía y que en algunos casos, pueden encontrarse gravemente amenazados por el cambio climático.

Este trabajo contempla la caracterización ecofisiológica y molecular de la respuesta a estrés hídrico, incluyendo la optimización de un protocolo de inducción del estrés en cultivo hidropónico mediante tratamiento con polietilenglicol (PEG) y la construcción de una genoteca sustractiva a partir de material clonal control y estresado. El estudio de los ESTs obtenidos permitirá identificar y catalogar funcionalmente por homología de secuencias los unigenes inducidos por el estrés. Estos unigenes se incluirán en un microarray de *P. pinaster* desarrollado por el equipo del Dr. Francisco Cánovas en la Universidad de Málaga, que contiene también genes relacionados con la embriogénesis, brotación y formación de madera. La utilización de este microarray, ligada al seguimiento fisiológico del material, permitirá analizar la expresión de estos genes a nivel poblacional analizando la transferibilidad de los resultados y herramientas obtenidos, mediante un análisis comparativo de la respuesta al estrés hídrico en *P. pinaster* y otras especies que soportan intensos periodos de sequía.

Por otro lado, la caracterización de marcadores moleculares para diferentes especies comerciales ha permitido abordar la selección de marcadores de fácil manejo y diseño de tests de identificación que permitan discriminar el Material de Base. Presentaremos brevemente el empleo de microsatélites seleccionados por su capacidad para discriminar clones comerciales de chopo pertenecientes al Catálogo Nacional de Materiales de Base.