

PROYECTO: ESTUDIO DE CARACTERES DE INTERÉS EN LA MEJORA Y PRODUCCIÓN DE CEREZO. INCOMPATIBILIDAD FLORAL Y CALIDAD DE FRUTO

ORGANISMO FINANCIADOR



MINISTERIO DE CIENCIA, INNOVACIÓN Y UNIVERSIDADES



 **INIA**
Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria

CONVOCATORIA

Proyectos de investigación fundamental orientada y acciones complementarias dentro del Programa Estatal de I+D+I Orientada a los Retos de la Sociedad (Reto de Seguridad y Calidad Alimentaria, Actividad Agraria Productiva y Sostenible, Sostenibilidad de los Recursos Naturales e Investigación Marina y Marítima) del Plan Estatal de Investigación Científica y Técnica y de Innovación, 2013-2016

<https://www.boe.es/boe/dias/2014/09/24/pdfs/BOE-A-2014-9697.pdf>

REFERENCIA

RTA2015-00027-00-00

INVESTIGADOR PRINCIPAL

Ana Wünsch Blanco

EQUIPO DE TRABAJO



○ Alejandro Calle



CENTRO DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS Y TECNOLÓGICAS DE EXTREMADURA

- Manuel Joaquín Serradilla Sánchez
- Francisco Carlos Balas Torres



京都大学
KYOTO UNIVERSITY

- Ryutaro Tao
- Takashi Akagi

FECHA INICIO

Mayo 2017

FECHA FINAL

Diciembre 2020

RESÚMEN DEL PROYECTO

La información científica generada permitirá ahondar en el conocimiento de los mecanismos biológicos de interés para el cultivo del cerezo y otras especies de interés agroalimentario del mismo género (melocotonero, ciruelo, almendro, albaricoquero...) y de la familia de las Rosáceas (manzano, peral, fresa..): la autocompatibilidad gametofítica, la dormancia y la salida del reposo (floración), la maduración y el desarrollo de fruto, el color, el tamaño y la firmeza de fruto, y el contenido funcional del fruto. El conocimiento de los genes que regulan estos caracteres permitirá mejorar su selección y/o su modificación con el fin de acelerar la mejora de estos cultivos. Es de especial interés actual en el contexto de calentamiento global el conocimiento de la dormancia y la salida del reposo porque esta respuesta fisiológica depende de las temperaturas. Es necesario, por tanto, conocer el mecanismo que regula este mecanismo con el fin de poder adaptar el cultivo al cambio climático para poder asegurar el mantenimiento de la cosecha, la cual depende de la floración y de los requerimientos de temperatura. Asimismo, conocer el mecanismo de floración y periodo de maduración permitirá adaptar el cultivo a diferentes áreas geográficas ampliando las zonas de cultivo a áreas más cálidas. El uso del material local disponible ha permitido ahondar en estos estudios. El conocimiento del control de los caracteres de fruto estudiados permitirá mejorar la calidad de fruto en sus caracteres físicos-químicos (tamaño, textura, color, sólidos solubles, acidez) y en el contenido nutricional (contenido en compuestos fenólicos) lo que es positivo de cara a su valor de mercado y vida postcosecha beneficiando a productores, y a los consumidores por la asociación a beneficios para la salud de estos compuestos.

Además, la información técnica generada (haplotipos de QTLs para caracteres estudiados, marcadores ligados a caracteres de interés) permitirá acelerar la selección de las variantes definidas de los caracteres estudiados en programas de mejora de cerezo utilizando estos materiales. Esto es un avance sustancial en el proceso de mejora. En el proyecto vigente ya se están utilizando algunos de estos marcadores para la generación de materiales base de mejora a partir del material local de interés.

FORMACIÓN DE PERSONAL EN RELACIÓN AL PROYECTO

TESIS DOCTORALES

Calle Calderón, A. Título: 'Phenology and fruit quality in sweet cherry (*Prunus avium* L). Genetics, QTL analysis and marker assisted selection'. Dirección: A. Wünsch. Centro: Universidad de Zaragoza -CITA de Aragón. Fecha: Noviembre 2019. Calificación: Sobresaliente cum laude.
<http://hdl.handle.net/10532/5417>

TESIS MASTER

Balas, F. C. 'Firmness QTL analysis in sweet cherry. Centro: Instituto Agronómico Mediterráneo de Zaragoza Fecha: Zaragoza, Octubre 2016 Dirección: Margarita López-Corrales, A. Wünsch

Abascal, J. 'Diversidad genética en cerezo mediante marcadores moleculares de ADN de cloroplasto'. Centro: Escuela Politécnica Superior Huasca, Universidad de Zaragoza Fecha: Huesca, Diciembre 2017; Nota: 9.5 Dirección: A. Wünsch

Gracia Latre, Clara. Evaluación del contenido de azúcares y ácidos orgánicos en familias de cerezo mediante técnicas cromatográficas. Centro: Universidad de Zaragoza. Fecha: Zaragoza, Diciembre 2020; Nota: 9 Dirección: A. Calle y A. Wünsch

ARTÍCULO CIENTÍFICOS

Calle A, Cai L, lezzoni A, Wünsch A. (2018 a) 'High density linkage maps constructed in sweet cherry (*Prunus avium* L.) using cross- and self-pollination populations reveal chromosomal homozygosity in inbred families and non-syntenic regions with the peach genome'. *Tree Genetics and Genomes* 14: 37. <https://doi.org/10.1007/s11295-018-1252-2>

Ono K, Akagi K, Morimoto T, Wünsch A, Tao R (2018) 'Genome Re-sequencing of Diverse Sweet Cherry (*Prunus avium*) Individuals Reveals a Modifier Gene Mutation Conferring Pollen-part Self-compatibility'. *Plant and Cell Physiology*, 59 (6): 1265-1275. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcy068>
<http://hdl.handle.net/10532/5396>

Calle A, Cai L, lezzoni A, Wünsch A. (2020 a) 'Genetic dissection of bloom date in low chilling sweet cherry (*Prunus avium* L.) using a QTL multi-family approach'. *Frontiers in Plant Science*.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01647> / <http://hdl.handle.net/10532/4985>

Calle, A., Wünsch, A. (2020) Multiple-population QTL mapping of maturity and fruit-quality traits reveals LG4 region as a breeding target in sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Hortic Res* 7, 127.
<https://doi.org/10.1038/s41438-020-00349-2> / <http://hdl.handle.net/10532/5074>

Calle, A., Balas, F., Cai, L, lezzoni A., Lopez Corrales M., Serradilla M.J., Wünsch A. (2020 b) Fruit size and firmness QTL alleles of breeding interest identified in a sweet cherry 'Ambrunés' x 'Sweetheart' population. *Mol Breeding* 40, 86 (2020). <https://doi.org/10.1007/s11032-020-01165-1>

Calle, A., Serradilla M.J., Wünsch, A. (2021). QTL mapping of phenolic compounds and fruit colour in sweet cherry using a 15K SNP array genetic map. *Scientia Horticulturae*, 280.
<https://doi.org/10.1016/j.scienta.2021.109900>

ARTÍCULOS DE DIVULGACIÓN

Wünsch A. (2018). 'Mejora genética de cerezo. Del pasado al presente'. Opiniones y Experiencias RICA 2017. (www.ricalimentacion.es). Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). Vol. 2017: 15-16 <http://hdl.handle.net/10532/3960>

Wünsch A. (2019). 'El acervo genético del cerezo en España y su interés para la mejora del cultivo'. Opiniones y Experiencias RICA 2019. <http://rica.chil.me/post/el-acervo-genetico-del-cerezo-en-espana-y-su-interes-para-la-mejora-del-cultivo-267171> <http://hdl.handle.net/10532/4767>

Rodrigo J, Negueroles J, Wünsch A. (2019) Elección de variedades polinizadoras en cerezo. Revista de Fruticultura. Especial cerezo. 68-71

TRABAJOS PRESENTADOS A CONGRESOS, REUNIONES, SIMPOSIOS

ARTÍCULOS EN MONOGRAFÍAS DE CONGRESOS

Calle A, L. Cai, A. Iezzoni, A. Wünsch. (2018 b) 'Construcción de mapas de ligamiento de alta densidad en cerezo para la realización de análisis genéticos de caracteres de interés de material vegetal local'. Actas de Horticultura 80: 240-243 <http://hdl.handle.net/10532/4220>

Calle A, L. Cai, A. Iezzoni, A. Wünsch (2018 c) 'Análisis de QTLs en cerezo (*Prunus avium* L.) para la selección de caracteres de interés de material vegetal local. Fecha de floración.' Actas de Horticultura 80: 244-247. <http://hdl.handle.net/10532/4221>

Balas F, López-Corrales M, Serradilla MJ, Cai L, Iezzoni A, Wünsch A. (2019) 'Firmness QTL mapping using an 'Ambrunés' x 'Sweetheart' sweet cherry population'. Acta horticulturae 1235:41-45.

Calle A, L. Cai, A. Iezzoni, A. Wünsch. (2019). 'Construction of a high density SNP marker linkage map of 'Vic' x 'Cristobalina' in sweet cherry'. Acta horticulturae 1235:55-59.

Hardner C, C Peace, J Quero-Garcia, S Vanderzande, D Giovannini, T Barreneche, JA Campoy, G Charlot, A Liverani, N Oraguzie, M Villamil-Castro, L Cai, M Ordridge, A Wünsch, Sotiropoulos T, Kazantzis K, A Patocchi, S Perren, D Graetz, A Iezzoni. (2019) 'Building international partnerships for the collation of historical data to study the environmental stability of genomic predictions in sweet cherry'. Acta horticulturae (1235: 47-53).

Ono K, E.T. Chang, S. Nishiyama, A. Wünsch, R. Tao. (en prensa) Characterization of a gene co-expression network associated with MGST, the pollen modifier gene of gametophytic self-incompatibility in sweet cherry (*Prunus avium* L.). Acta Horticulturae, en prensa.

CONGRESOS DE ÁMBITO INTERNACIONAL

VIII International Cherry Symposium. Junio 2017. Yamagata (Japón)

Balas F, López-Corrales M, Serradilla MJ, Cai L, Iezzoni A, Wünsch A. 'Firmness QTL mapping using an 'Ambrunés' x 'Sweetheart' sweet cherry population'. Poster <http://hdl.handle.net/10532/3760>

Calle A., L. Cai, A. Iezzoni, A. Wünsch. 'Construction of a high density SNP marker linkage map of 'Vic' x 'Cristobalina' in sweet cherry'. Presentación Oral <http://hdl.handle.net/10532/3759>

Ono K, T. Morimoto, T. Akagi, A. Wünsch, and R. Tao. 'Whole genome sequencing approach to identify pollen-part modifier conferring self-compatibility in sweet cherry 'Cristobalina'. Presentación Oral. <http://hdl.handle.net/10532/3761>

Hardner C, C Peace, J Quero-Garcia, S Vanderzande, D Giovannini, T Barreneche, JA Campoy, G Charlot, A Liverani, N Oraguzie, L Cai, A Wunsch, M Villamil-Castro, M Ordridge, T Sotiropoulos, K Kazantzis,

A Patocchi, S Perran, D Graetz, A lezzoni. 'Building an international partnership for the collation of historical data to study the environmental stability of genomic predictions in sweet cherry'. Poster

XXVI Plant and Animal Genome Conference. Enero 2018. San Diego (EEUU)

Ono K., T. Morimoto, T. Akagi, A. Wünsch, and R. Tao. 'NGS analysis reveals a possible causal mutation conferring self-compatibility in sweet cherry 'Cristobalina'. Poster. <http://hdl.handle.net/10532/3976>

25th ICSPR (International Conference on Sexual Plant Reproduction). Junio 2018. Gifu (Japón)

Ono K., T. Morimoto, T. Akagi, A. Wünsch, and R. Tao. 'Genome re-sequencing of diverse sweet cherry (*Prunus avium*) individuals reveals a modifier gene mutation conferring pollen-part self-compatibility'. Poster. <http://hdl.handle.net/10532/4160>

8th International Rosaceae Genomics Conference. Junio 2018. Nanjing (China)

Calle A., Cai L, lezzoni A, Wünsch A. 'QTL analysis of flowering time in sweet cherry'. Presentación Oral. <http://hdl.handle.net/10532/4069>

XXX International Horticultural Congress. Scientific Symposium: 'Applied Functional Molecular Biology', Agosto 2018. Estambul (Turquía)

Ono K., T. Morimoto, T. Akagi, A. Wünsch, and R. Tao. 'Characterization of the pollen-part modifier gene related to self-incompatibility reaction in sweet cherry'. Presentación oral. <http://hdl.handle.net/10532/4182>

10th International Rosaceae Genomics Conference. Diciembre 2020, Barcelona

Calle A, A. Wünsch. 'QTL mapping in multiple sweet cherry populations reveal LG4 as major determinant of fruit development, maturity and quality traits'. Poster. <http://hdl.handle.net/10532/5389>

Calle, M.J. Serradilla, A. Wünsch. 'Genetic analysis of phenolic compounds in sweet cherry. Poster. <http://hdl.handle.net/10532/5390>

CONGRESOS DE ÁMBITO NACIONAL

IX Congreso de Mejora Genética de Plantas. Septiembre 2018. Murcia (España):

Calle A, L. Cai, A. lezzoni, A. Wünsch. 'Construcción de mapas de ligamiento de alta densidad en cerezo para la realización de análisis genéticos de caracteres de interés de material vegetal local'. Poster. <http://hdl.handle.net/10532/4220>

Calle A, L. Cai, A. lezzoni, A. Wünsch. 'Análisis de QTLs de fecha de floración en material vegetal local de cerezo'. Poster. <http://hdl.handle.net/10532/4221>