

S1-06

Control genético del color y el contenido en compuestos fenólicos en cerezo

PALABRAS CLAVE: *Prunus avium*, color, antocianinas, ácidos hidroxicinámicos, QTLs, genes candidatos

AUTORES: **Alejandro Calle** -Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA)-Department of Plant and Environmental Sciences. Clemson University, Clemson, SC-EEUU
Manuel Serradilla -Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura (CICYTEX)
Ana Wünsch -Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA)

Las cerezas (*Prunus avium* L.) son una de las frutas de hueso que presentan mayor contenido en compuestos bioactivos. Estos compuestos contribuyen no solo a la calidad de los frutos sino también aportan valor añadido al estar asociados con beneficios para la salud. Los polifenoles, entre los que se encuentran las antocianinas y los ácidos hidroxicinámicos, son los compuestos bioactivos más abundantes en las cerezas, que influyen sobre la calidad de estos frutos mediante cambios en el color, sabor y astringencia durante la maduración. En este trabajo, tres ácidos hidroxicinámicos (*clorogénico*, *p-cumaroilquínico* y *p-cumárico*) y cuatro antocianinas (cianidina 3-O-rutinósido, cianidina 3-O-glucósido, peonidina 3-O-rutinósido y peonidina 3-O-glucósido) fueron identificados y cuantificados en una familia de cerezo (n=161), junto con el color de la piel y la pulpa, con el fin de estudiar su control genético. Para el estudio, esta familia fue genotipada con marcadores tipo SNPs (Illumina RosBREED Cherry 6+9K array), y se generó un mapa genético de alta densidad que permitió la identificación de los QTLs asociados al color y al contenido de estos compuestos. Este análisis permitió localizar QTLs, con un alto grado de significación, para el color y el contenido de las cuatro antocianinas identificadas en el grupo de ligamiento 3. El factor de transcripción *PavMYB10*, asociado a la regulación del color en la especie, se encuentra localizado en esta misma región. Por tanto, este trabajo confirma que este gen es el principal candidato para la regulación de estos compuestos y, con ello, el color de la cereza. Por otro lado, para los tres ácidos hidroxicinámicos se identificaron QTLs otra misma region, muy acotada, en la parte baja del grupo de ligamiento 1. Estas regiones tienen una alta significación al explicar más del 60% de la variación fenotípica de estos compuestos. En esta región se identificó el gen *p-coumarate 3-hydroxylase* (*C3H*) como el principal candidato a la variación fenotípica de estos compuestos en cerezo. •