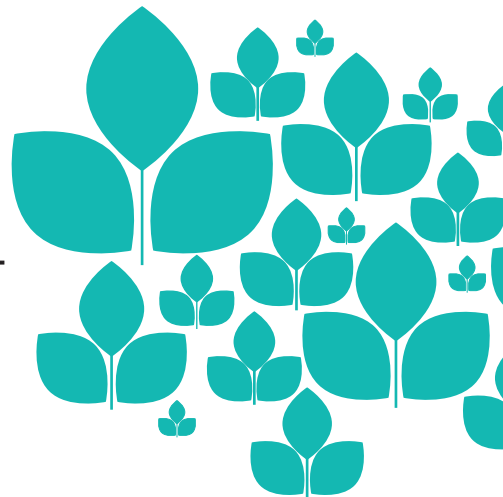




CONGRESO NACIONAL de MEJORA de GENÉTICA de PLANTAS

2022

pontevedra
19 - 22 set | pazo da cultura



Libro de Resúmenes

organizan



colaboran



patrocina



Análisis de asociación (GWAS) para la fecha de cosecha y caracteres de calidad en el programa de mejora genética de ‘Melocotón de Calanda’ del CITA

Celia M. Cantin^{1,3*}, Jerome Grimplet^{2,3}

¹Estación Experimental de Aula Dei-CSIC, Avda. Montañana 1005, 50059, Zaragoza

²Departamento de Ciencia Vegetal, Centro de Investigación y Tecnología de Aragón (CITA), Avda. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España.

³Instituto Agroalimentario de Aragón– IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), Zaragoza, España

*Autor para correspondencia: cmcantin@eead.csic.es

Palabras clave: calidad de fruto, aptitud postcosecha, madurez tardía, genes candidatos, genotipado

Resumen: este trabajo se enmarca dentro del ‘Programa de Mejora Genética del Melocotón de Calanda’ que se lleva a cabo en el Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). El objetivo final de este programa es la selección de nuevas variedades de melocotón amarillo tardío de carne no fundente que pueda comercializarse bajo la D.O. ‘Melocotón de Calanda’. Los objetivos de mejora son una excelente calidad organoléptica, buena aptitud postcosecha, buen comportamiento agronómico, y fechas de maduración que cubran los huecos actuales en la campaña, con el fin de poner a disposición del consumidor un melocotón de calidad extraordinaria que a su vez sea rentable para el productor.

En el marco de este programa de mejora genética, se ha llevado a cabo el estudio de la segregación de caracteres de interés en esta tipología de melocotón, y su control genético, con el fin último del desarrollo de marcadores moleculares para selección asistida. Para ello se han fenotipado 446 individuos provenientes de 4 familias segregantes durante 4 campañas de recolección para atributos relacionados con la calidad del fruto como la fecha de madurez, el peso del fruto, el porcentaje de coloración del fruto, el contenido en sólidos solubles (SSC), y la acidez del fruto. Además, se llevó a cabo el genotipado de los 193 individuos con fenotipos más extremos, junto con sus parentales, mediante el array ‘Illumina peach SNP chip’ (9+9K) (Fu et al., 2021). Un análisis de asociación del genoma completo (GWAS) nos ha permitido identificar varias zonas del genoma asociadas con el control de la fecha de madurez del fruto, así como con distintos parámetros claves en la calidad del fruto, en esta tipología de melocotón de carne amarilla no fundente y de madurez extra tardía.