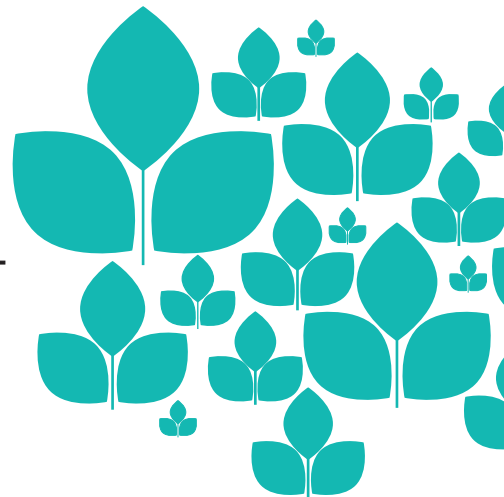




CONGRESO NACIONAL de MEJORA de GENÉTICA de PLANTAS

2022

pontevedra
19 - 22 set | pazo da cultura



Libro de Resúmenes

organizan



colaboran



patrocina



Identificación de zonas del genoma relacionadas con la susceptibilidad a la infección por *Monilinia fructicola* en una colección de variedades locales de melocotón mediante análisis de asociación (GWAS)

Celia M. Cantin^{1,2,3*}, Juan Barriuso⁴, Jorge Más-Gómez⁵, Pedro J. Martínez-García⁵

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

²Unidad de Hortofruticultura, CITA, Avda. Montañana 930, 50059, Zaragoza

³Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Zaragoza.

⁴Departamento de Ciencias Agrarias y del Medio Natural, Universidad de Zaragoza

⁵Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS), CSIC. Murcia.

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

Palabras clave: Monilia, germoplasma, calidad de fruto, patología postcosecha

Resumen: en este trabajo, enmarcado dentro del proyecto nacional RTI2018-094176-R-C31 y C32, se ha llevado a cabo una evaluación de la susceptibilidad a *Monilinia fructicola* (G. Winter) Honey, en 90 cultivares españoles de melocotón (*Prunus persica* L., Batsch) de la Colección Nacional de Referencia de melocotonero existente en CITA de Aragón (Zaragoza). Los principales objetivos de este trabajo son la caracterización del material local existente en esta colección, la identificación de fuentes de tolerancia y atributos de calidad del fruto de interés, así como avanzar en la comprensión de los factores implicados en la susceptibilidad a esta patología postcosecha. Los resultados obtenidos en este trabajo muestran una gran variabilidad en la susceptibilidad a la infección por *M. fructicola* en el germoplasma local estudiado. Se ha observado también una relación estadísticamente significativa entre el tipo de fruto y la fecha de maduración de las variedades con la susceptibilidad a la infección por *M. fructicola*.

Paralelamente, se ha llevado a cabo el genotipado masivo de todas las variedades estudiadas mediante la versión 2 del chip de SNPs de melocotonero de Illumina ‘peach SNP chip (9+9K)’ (Fu et al., 2021). Una vez obtenidos los datos genotípicos y fenotípicos, el análisis de asociación del genoma completo (GWAS) nos ha permitido identificar varias zonas del genoma asociadas con el control de la susceptibilidad a la podredumbre parda por *M. fructicola*, así como zonas relacionadas con la anatomía de la cutícula, que constituye una de las primeras barreras de resistencia para la infección de este hongo.

Este trabajo avanza en la comprensión de la susceptibilidad del melocotón a la podredumbre parda, así como en el desarrollo de herramientas valiosas para su aplicación en la selección de nuevas variedades con menor susceptibilidad a esta patología postcosecha.