



Sociedad
Española
de **Ciencias**
Hortícolas

90

Septiembre 2022

ACTA DE HORTICULTURA

**Comunicaciones Técnicas
Sociedad Española de
Ciencias Hortícolas**

**X Congreso Nacional de
Mejora Genética de Plantas**

**Editores:
Rosa Ana Malvar
Pedro Fiz Rocha**

Pontevedra, 19-22 de septiembre 2022

55. Análisis de QTLs para azúcares en cerezo

C. Gracia^{1,2}, A. Calle³, K. Gasic³, E. Arias^{2,4} y A. Wünsch^{1,2*}

¹ Departamento de Ciencia Vegetal, Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA). Avenida de Montañana 930, 50059 Zaragoza.

² Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), 50013 Zaragoza.

³ Department of Plant and Environmental Sciences, Clemson University, Clemson, SC (EEUU).

⁴ Grupo de Investigación Alimentos de Origen Vegetal. Instituto Agroalimentario de Aragón- IA2 - (Universidad de Zaragoza-CITA), Miguel Servet, 177. 50013, Zaragoza.

*Autor para correspondencia: awunsch@aragon.es

Palabras clave: Mejora genética, *Prunus avium* L, calidad de fruto, QTLs, genética

RESUMEN

La cereza es una fruta muy apreciada, cuya calidad organoléptica y nutricional depende de caracteres como la firmeza y el contenido en azúcares y ácidos. Hasta la fecha, la mayoría de los estudios asociados con la calidad de fruto se han centrado en las características físicas como tamaño, color o firmeza, mientras que las características químicas, como dulzor o acidez, han sido menos estudiadas. En este trabajo, se ha analizado el contenido de los principales azúcares (glucosa, fructosa, sorbitol y sacarosa) en varias familias de cerezo y se ha realizado un estudio de identificación de QTLs asociados a los mismos. La cuantificación de cada azúcar simple se llevó a cabo durante dos años mediante cromatografía líquida. El mapeo de los principales QTLs implicados en la regulación de estos compuestos se realizó mediante un análisis multi-familia utilizando el software FlexQTL™. Resultados preliminares indican la presencia de QTLs conservados durante ambos años, algunos de ellos explicando altos porcentajes de varianza fenotípica.

INTRODUCCIÓN

En cerezo (*Prunus avium*), una de las características que contribuye a la calidad de fruto es el dulzor (Carrasco et al., 2013; Crisosto et al., 2003). Este se encuentra relacionado con la concentración de sólidos solubles (CSS) y el contenido de azúcares. Un alto CSS se asocia con una mayor aceptación por parte de los consumidores (Crisosto et al., 2003).

Existen varios estudios sobre la variabilidad en el contenido de azúcares en distintas variedades de cerezo (Serradilla et al., 2017). Sin embargo, a pesar de la importancia de los azúcares, la mayoría de los estudios genéticos de calidad de fruto se han centrado en características físicas como el tamaño, la firmeza y el peso (Cai et al., 2019; Calle et al., 2020; Calle and Wünsch, 2020; Campoy et al., 2015; Rosyara et al., 2013). Los estudios genéticos asociados al contenido de azúcares son escasos, centrándose únicamente en el estudio del CSS (Calle and Wünsch, 2020; Quero-García et al., 2019; Zhao et al., 2014). En otras especies del género *Prunus*, como melocotonero (*Prunus persica*), albaricoquero (*Prunus armeniaca*) o ciruelo jápónes (*Prunus salicina* Lindl.) si se han descrito QTLs asociados a la regulación de azúcares, además del CSS (Quilot et al., 2004; Salazar et al.,

2013; Zeballos et al., 2016). El objetivo de este estudio es analizar la variabilidad del contenido de azúcares y el CSS en diferentes familias de cerezo, y a partir de esta

información mapear los principales QTLs implicados en la regulación del contenido de los mismos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó la identificación y cuantificación de los principales azúcares y la CSS durante dos años (2019 y 2021) en los individuos de cinco familias de cerezo (N=372) provenientes de los cruzamientos de variedades locales y de mejora, situadas en las parcelas experimentales del CITA de Aragón en Zaragoza (España). Tres de las familias han sido obtenidas por polinización cruzada (F1): ‘Lambert’ × ‘Cristobalina’ (L×C; N=14), ‘Vic’ × ‘Cristobalina’ (V×C; N=158) y ‘Ambrunés’ × ‘Cristobalina’ (A×C; N=40); y otras dos provienen de autopolinizaciones (F2): ‘Cristobalina’ (C×C; N=97) y la selección ‘BC-8’ (BC2; N=68). El número de individuos analizados fue de 245 el primer año y 263 el segundo año. Cada año se recogieron frutos en el momento de madurez comercial y se realizó un análisis del CSS utilizando un refractómetro digital a partir del homogenizado de 15 frutos. Este mismo homogenizado se utilizó para la extracción de los azúcares, utilizando una adaptación del método descrito por Sturm et al. (2003). A partir del extracto, los azúcares fueron cuantificados mediante UPLC en el Parque Científico Tecnológico Aula Dei (Zaragoza). La distribución y las correlaciones de los compuestos en las distintas familias se realizó usando R v4.1.1 (R Core Team, 2021). Estos resultados, y el mapa genético de estas familias que previamente habían sido genotipadas con la plataforma Illumina RosBREED Cherry 6K SNP array (Calle et al., 2018), se utilizaron para la detección de QTLs implicados en la regulación de la CSS y los azúcares. Este análisis se realizó con el software FlexQTLTM que permite un análisis multi-familia.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Cuatro azúcares principales (glucosa, fructosa, sorbitol y sacarosa) fueron identificados y cuantificados en el material estudiado. En todo el material, el azúcar mayoritario en ambos años fue la glucosa, con un valor medio por individuo de 3,89 g/100g de peso fresco (PF) en el primer año y 3,73 g/100g de PF en el segundo, seguido de la fructosa (3,48 y 3,27 g/100g de PF), y en menor concentración el sorbitol y la sacarosa respectivamente (Fig.1). El valor medio por individuo de CSS fue similar en ambos años, siendo 20,9 y 21,4 °Brix, cada año. Estos valores fueron similares a los rangos descritos en la bibliografía para otras variedades de cerezo (Ballistreri et al., 2013).

Se observaron diferencias significativas entre los valores medios de los azúcares y el CSS entre las familias en los dos años, a excepción de la glucosa, en la que los valores medios entre las familias no presentaron diferencias significativas en el 2019, aunque si en el 2021. La distribución de todos los compuestos en las distintas familias presentó una amplia segregación confirmando el carácter cuantitativo.

Los análisis preliminares de QTLs indican la presencia de un total de 30 y 46 QTLs para el contenido de azúcares y la CSS en los años 2019 y 2021, respectivamente. De ellos, 27 QTLs fueron detectados de manera significativa en ambos años, lo que indica presencia de QTLs estables para estos compuestos. Algunos de estos QTLs, coinciden con los descritos para estos compuestos en otras especies de *Prunus* (Zeballos et al., 2016).

Se identificó un QTL con una alta significación asociado a CSS durante ambos años en el grupo de ligamiento (GL) 4, coincidiendo con el QTL previamente descrito para el mismo carácter en este mismo material con datos de otros dos años adicionales (Calle and Wunsch, 2020), y en otros estudios realizados en otras especies de *Prunus* (Quilot et al., 2004; Salazar et al., 2013; Zeballos et al., 2016). En la misma región de este GL se

encontraron QTLs para la glucosa y el sorbitol, estables durante ambos años. Además, se observó co-localización de QTLs para los distintos azúcares en los GLs 2 y 3.

En este estudio se ha analizado la variabilidad en el contenido de azúcares de cinco familias de cerezo a partir de las cuales se ha realizado un estudio de QTLs implicados en la regulación de estos compuestos. Resultados preliminares han permitido identificar por primera vez en cerezo QTLs asociados al contenido de azúcares, que se espera permitan avanzar en el conocimiento de la regulación genética de estos compuestos y por tanto en la selección de frutos con mayor calidad.

AGRADECIMIENTOS

Trabajo financiado por el proyecto PID2019-103985RR-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033. C. Gracia ha sido financiada por la ayuda PRE2020-095382 financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y FSE “El FSE invierte en tu futuro”.

REFERENCIAS

- Ballistreri, G., Continella, A., Gentile, A., Amenta, M., Fabroni, S. and Rapisarda, P. 2013. Fruit quality and bioactive compounds relevant to human health of sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars grown in Italy. *Food Chem.* 140: 630–638.
- Cai, L., Quero-García, J., Barreneche, T., Dirlwanger, E., Saski, C. and Iezzoni, A. 2019. A fruit firmness QTL identified on linkage group 4 in sweet cherry (*Prunus avium* L.) is associated with domesticated and bred germplasm. *Sci. Rep.* 9: 5008.
- Calle, A., Balas, F., Cai, L., Iezzoni, A., López-Corrales, M., Serradilla, M.J. and Wünsch, A. 2020. Fruit size and firmness QTL alleles of breeding interest identified in a sweet cherry ‘Ambrunés’ × ‘Sweetheart’ population. *Mol. Breeding* 40: 86.
- Calle, A. and 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.). *Hort. Res.* 7: 127.
- Campoy, J.A., le Dantec, L., Barreneche, T., Dirlwanger, E. and Quero-García, J. 2015. New insights into fruit firmness and weight control in sweet cherry. *Plant Mol. Biol. Rep.* 33: 783–796.
- Carrasco, B., Meisel, L., Gebauer, M., García-Gonzales, R. and Silva, H. 2013. Breeding in peach, cherry and plum: from a tissue culture, genetic, transcriptomic and genomic perspective. *Biol. Res.* 46: 219–230.
- Crisosto, C.H., Crisosto, G.M. and Metheney, P. 2003. Consumer acceptance of “Brooks” and “Bing” cherries is mainly dependent on fruit SSC and visual skin color. *Postharvest Biol. Technol.* 28: 159–167.
- Quero-García, J., Campoy, J.A., Barreneche, T., le Dantec, L., Wenden, B., Fouché, M., Dirlwanger, E., Silva, H., Cai, L. and Iezzoni, A. 2019. Present and future of marker-assisted breeding in sweet and sour cherry. *Acta Hort.* 1235: 1–14.
- Quilot, B., Wu, B.H., Kervella, J., Génard, M., Foulongne, M. and Moreau, K. 2004. QTL analysis of quality traits in an advanced backcross between *Prunus persica* cultivars and the wild relative species *P. davidiana*. *Theor. Appl. Genet.* 109: 884–897.
- Rosyara, U.R., Bink, M.C.A.M, van de Weg, E., Zhang, G., Wang, D., Sebolt, A., Dirlwanger, E., Quero-García, J., Schuster, M. and Iezzoni, A. F. 2013. Fruit size QTL identification and the prediction of parental QTL genotypes and breeding values in multiple pedigreed populations of sweet cherry. *Mol. Breeding* 32: 875–887.
- Salazar, J.A., Ruiz, D., Egea, J. and Martínez-Gómez, P. 2013. Transmission of fruit quality traits in apricot (*Prunus armeniaca* L.) and analysis of linked quantitative trait loci

(QTLs) using simple sequence repeat (SSR) markers. *Plant. Mol. Biol. Rep.* 31: 1506–1517.

Serradilla, M.J., Aksic, M.F., Manganaris, G.A., Ercisli, S., González-Gómez, D. and Valero, D. 2017. Fruit chemistry, nutritional benefits and social aspects of cherries. p 420-441 En: Quero-García, J., Iezzoni, A., Putawska, J., and Lang, G. (eds.), *Cherries: Botany, Production and Uses*. CABI, Londres.

Sturm, K., Koron D, and Stampar, F. 2003. The composition of fruit of different strawberry varieties depending on maturity stage. *Food Chem.* 83: 417–422.

Zeballos, J.L., Abidi, W., Giménez, R., Monforte, A.J., Moreno, M.Á. and Gogorcena, Y. 2016. Mapping QTLs associated with fruit quality traits in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] using SNP maps. *Tree Genet. Genomes* 12: 37.

Zhao, Y., Rosyara U.R, Iezzoni, A., Peace, C., Whiting, M., Dhingra, A. and Oraguzie, N. 2014. Identification of QTL underlying soluble solids content and titratable acidity in sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Hort. Sci.* 49: 149–150.

FIGURAS

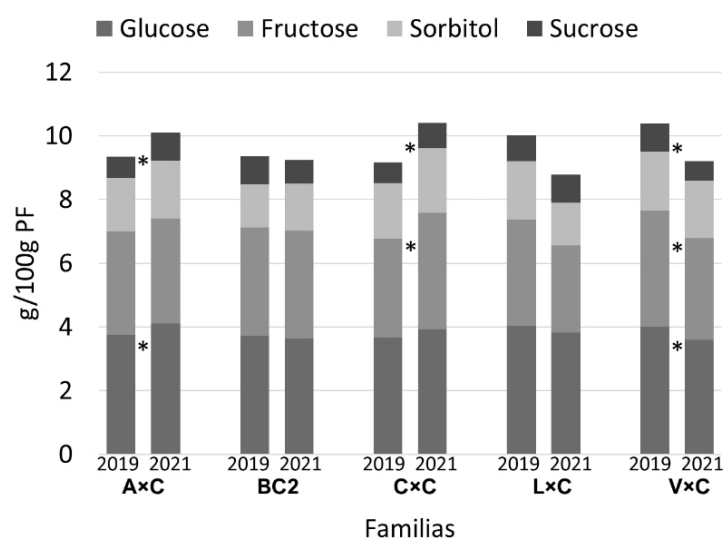


Fig. 1: Contenido medio de los azúcares en las 5 familias de cerezo analizadas los dos años. (*) diferencias significativas (p -valor <0.05) en el contenido de cada azúcar en cada familia entre los dos años