



Frutales mediterráneos y subtropicales

frente al cambio climático,
la sostenibilidad y la digitalización

II JORNADAS NACIONALES DE CITRICULTURA
XII JORNADAS NACIONALES DEL GRUPO DE FRUTICULTURA
VIII JORNADAS NACIONALES DEL GRUPO DE OLIVICULTURA

25, 26 y 27 de junio
Complejo Martíáñez
Puerto de la Cruz (Tenerife)



Colabora:



Expresión de genes candidatos en la regulación de bajas necesidades de frío y floración temprana en cerezo.

A. Hedhly A.^{1,2,*}, A.P. Gracia,^{1,2,3} A. Calle^{1,2,4}, J. Grimplet^{1,2}, A. Wünsch^{1,2}

¹Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Avda. Montañana.930, 50059 Zaragoza.

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

³Actualmente: Universidad de Zaragoza, Facultad de Veterinaria, 50013 Zaragoza.

⁴Actualmente: Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), Fruitcentre, PCiTAL, Parc Agrobiotech Lleida, Parc de Gardeny, Edifici Fruitcentre, 25003 Lleida.

*Autor para correspondencia: ahedhly@cita-aragon.es

Palabras clave: *Prunus avium*, Dormancia, Floración, Genes DAM, Expresión de Genes.

Resumen las recientes previsiones de calentamiento global en la región mediterránea apuntan a un aumento en la frecuencia de las olas de calor estivales, de periodos cálidos en otoño y primavera, y de inviernos suaves. En consecuencia, la obtención de cultivares mejor adaptados a estas necesidades, por ejemplo, con bajas necesidades de frío, es un objetivo importante de la mejora para mitigar estos cambios. En trabajos previos de este grupo de investigación sobre la genética de la fecha de floración en 'Cristobalina', una variedad local de cerezo de muy bajos requerimientos de frío y floración temprana, se identificaron QTLs altamente significativos (grupos de ligamientos 1 y 2) y variaciones estructurales en los genes DAM (QTL del grupo de ligamiento 1) asociados a este fenotipo. En este trabajo, se ha realizado un análisis transcriptómico in silico en una serie temporal para salida de dormancia de este genotipo (Cristobalina) y otros de fenotipo contrastado. Para ello se ha utilizado un genoma de referencia de cerezo como novedad, y el análisis se ha centrado en las regiones genómicas de los QTLs mencionados, y en genes de las rutas conocidas que regulan este proceso. Mediante este análisis se ha podido confirmar la importancia del clúster de genes DAM y se han identificado genes candidatos adicionales aguas arriba y abajo de la ruta molecular. Para validar estos resultados en nuestras condiciones se está llevando a cabo un análisis de PCR cuantitativa (QPCR) en otra serie temporal que cubre la entrada y salida del letargo invernal. Se presentan los resultados de este trabajo que muestran la implicación de algunos genes de las rutas moleculares de floración, de señalización del ácido abscísico, y de percepción de frío.

Agradecimientos: Este trabajo es parte del proyecto de I+D+i PID2019-103985RR-I00 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033.