

## Aplicación de la Metabonomía a la caracterización metabólica de cultivares de olivo en un programa de mejora genética

Natalia Hernández Sánchez<sup>1)</sup>, Pilar Barreiro<sup>2)</sup>, Lorenzo León<sup>3)</sup>, Aurelio Gracia<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup> E.U.I.T. Agrícolas, Ingeniería Rural (LPF-TAG), Av. De la Complutense s/n, 28040 Madrid, [n.hernandez@upm.es](mailto:n.hernandez@upm.es);

<sup>2)</sup> E.T.S.I. Agrónomos, Ingeniería Rural (LPF-TAG), Av. De la Complutense s/n, 28040 Madrid, [pilar.barreiro@upm.es](mailto:pilar.barreiro@upm.es)

<sup>3)</sup> Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica (IFAPA), Córdoba, [lorenzo.leon.ext@juntadeandalucia.es](mailto:lorenzo.leon.ext@juntadeandalucia.es), [aurelio.gracia.ext@juntadeandalucia.es](mailto:aurelio.gracia.ext@juntadeandalucia.es)

### Abstract

Metabonomics has been applied to establish a procedure in order to obtain the metabolic fingerprint of olive cultivars in a breeding program. High-resolution magic angle spinning (MAS) NMR spectroscopy has made feasible the analysis of small pieces of olive intact flesh. <sup>1</sup>H one-dimensional HR-NMR spectra arise simultaneously from the many metabolites in the analysed samples. Multivariate statistics allowed reveal metabolic similarities between parentals and descendants. This procedure is to be used as detailed reference technique for calibration models developed with non-destructive techniques such as near infrared spectroscopy implemented in in-field inspection devices. The results of the preliminary study are currently being validated in a large HR-NMR spectra data base.

### Palabras Clave (Keywords)

Metabonomía, perfil metabólico, calidad de aceitunas, programa de mejora (*Metabonomics*, *metabolic fingerprint*, *olive quality*, *breeding program*).

### Introducción

El espectro de alta resolución obtenido mediante la técnica llamada *magic angle spinning* (MAS) proporciona un patrón metabólico n-dimensional de pequeñas muestras de tejidos intactos semisólidos que es interpretado mediante análisis estadístico multivariante. Es lo que se ha llamado metabonomía (*Metabonomics*). El trabajo en desarrollo tiene el objeto de establecer un procedimiento para la obtención del perfil metabólico de tejido fresco de aceituna como referencia de los modelos de calibración basados en infrarrojo cercano implementados en equipos de nuevo desarrollo para su uso en campo. Todo ello dentro del programa de mejora genética llevado a cabo por el Instituto Andaluz de Investigación y Formación Agraria, Pesquera, Alimentaria y de la Producción Ecológica\* (IFAPA). Los resultados del primer estudio preliminar están siendo ahora validados sobre una amplia base de espectros RMN de alta resolución obtenidos de diferentes parentales y su progenie.

### **Materiales y métodos**

Para el estudio preliminar se utilizaron muestras de tejido fresco de aceituna (*Olea europaea* L.) de 2x2x2 mm extraídas de 3 parentales diferentes, cv. Picual, cv. Arbequina and cv. Frantoio, y seis descendientes. El equipo de RMN utilizado fue un espectrómetro Bruker AMX-500. Se obtuvieron espectros en una dimensión mediante la técnica MAS utilizando la secuencia específica  $^1\text{H}$  NOESYPRESAT. Las variables seleccionadas mediante resultados significativos en el ANOVA se introdujeron en un análisis discriminante para obtener una primera aproximación a la caracterización de parentales y descendientes respectivos.

### **Resultados**

Los espectros de alta resolución muestran un gran número de picos, los cuales corresponden a los grupos de hidrógenos en los distintos ambientes químicos de los metabolitos presentes en las muestras. Los resultados del análisis discriminante muestran la proximidad del perfil metabólico de los descendientes a sus respectivos progenitores.

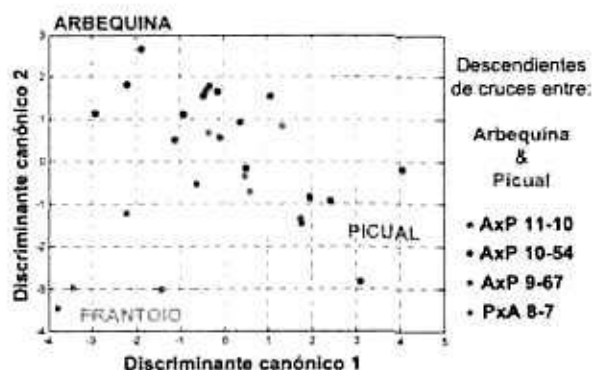


Figura 1. Proyección en el espacio discriminante canónico de los individuos parentales y descendientes.

### **Conclusiones**

Los resultados son muy prometedores. En este momento se lleva a cabo la validación de los mismos con muestras de mayor tamaño y variabilidad. Además se está completando una base de datos con diferentes medidas analíticas y espectroscópicas que completen la caracterización del material vegetal en estudio.

### **Agradecimientos**

Los autores agradecen a David Castejón y Palmira Villa del CAI-Resonancia Magnética Nuclear y a Jesús Rutz-Cabello Osuna del Instituto de Estudios Biofuncionales por su asistencia técnica y científica.