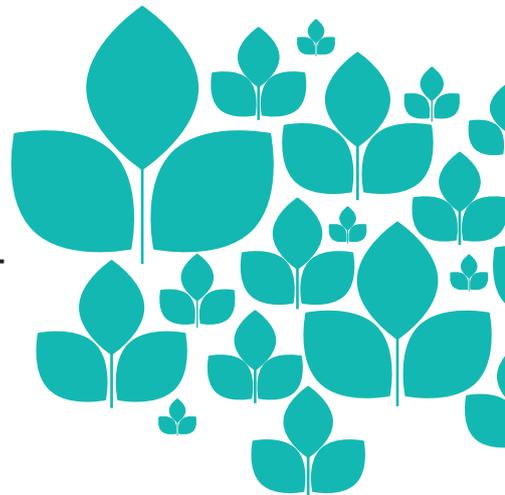




# CONGRESO NACIONAL de MEJORA de GENÉTICA de PLANTAS

# 2022

**pontevedra**  
19 - 22 set | pazo da cultura



## Libro de Resúmenes

### organizan



### colaboran



### patrocina



## Análisis de QTLs para azúcares simples en cerezo

C. Gracia<sup>1,2,\*</sup>, A. Calle<sup>3</sup>, K. Gasic<sup>3</sup>, E. Arias<sup>2,4</sup>, A. Wünsch<sup>1,2</sup>

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

<sup>2</sup>Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (CITA-Universidad de Zaragoza), 50013 Zaragoza.

<sup>3</sup>Department of Plant and Environmental Sciences, Clemson University, Clemson, SC (EEUU).

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

\*Autor para correspondencia: [cgracia@cita-aragon.es](mailto:cgracia@cita-aragon.es)

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

**Resumen:** la identificación de genes y procesos implicados en la variabilidad de la calidad de fruto en cerezo es necesaria para la mejora del cultivo. 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, relacionadas con las propiedades organolépticas y nutricionales, han sido menos estudiadas. En este trabajo, se ha realizado el estudio genético y la evaluación de la variación de estas propiedades mediante el estudio del contenido en azúcares simples. Para ello, se ha analizado el contenido de los principales azúcares (glucosa, fructosa, sorbitol y sacarosa) 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 UPLC en 388 individuos, pertenecientes a cinco familias de cerezo provenientes de polinizaciones cruzadas y autopolinizaciones de variedades locales y de mejora. Estas poblaciones han sido previamente genotipadas con una plataforma de marcadores SNPs (Illumina RosBREED Cherry 6K SNP array). El mapeo de los principales QTLs implicados en la regulación de estos compuestos se ha llevado a cabo mediante un análisis multi-familia utilizando el software FlexQTL™. Los resultados obtenidos serán discutidos en función de su interés para la mejora del cultivo.