

### **BV73. Descripción del pardeamiento del fruto en una colección de germoplasma de duraznero y análisis preliminar de su control genético mediante un estudio de asociación de genoma completo**

Aballay, M.M. (1); Galiñanes, A.E. (1); Valentini, G.H. (2); Sánchez, G. (1)\*

(1) Laboratorio de Biotecnología, (2) EEA San Pedro, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). 2930 San Pedro, Argentina. \*[sanchez.gerardo@inta.gob.ar](mailto:sanchez.gerardo@inta.gob.ar)

El pelado y cortado de los frutos durante el consumo en fresco desencadena el pardeamiento enzimático que involucra el cambio de color de la pulpa adquiriendo una tonalidad marrón. Si este fenómeno es excesivo y/o se encuentra acelerado afecta la apariencia de la fruta siendo una causa de insatisfacción en los consumidores. Si bien el pardeamiento enzimático recibió mucha atención en algunas especies de frutas, su implicancia para el consumo en fresco de durazno fue poco estudiada. El objetivo de este trabajo fue describir el pardeamiento en fresco en la colección de germoplasma de duraznero de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) San Pedro, y analizar su control genético durante una campaña a través de un estudio de asociación de genoma completo (GWAS). Se cosecharon frutos a partir de 141 genotipos (108 de pulpa amarilla y 33 de pulpa blanca) entre noviembre de 2020 y febrero de 2021. Por cada genotipo se analizaron 9 duraznos maduros a los cuales se les realizó un corte transversal sobre la fruta y se midió el color de la pulpa inmediatamente ( $t_0$ ). Los duraznos cortados se mantuvieron expuestos a temperatura ambiente y luego de transcurrir una hora se volvió a medir el color de la pulpa ( $t_1$ ). Las mediciones de color se realizaron con un colorímetro Minolta CR-300 y se expresó en el sistema de color LCh. El estudio de asociación se realizó para el carácter color de pulpa (amarilla/blanca) y para las diferencias entre  $t_1$  y  $t_0$  ( $\Delta$ ) de las variables de color objetivo, como caracteres fenotípicos, junto a un set de 14.222 marcadores moleculares (SNP, InDel y SSR) obtenidos mediante una plataforma basada en ddRAD-seq. Al analizar el comportamiento de los genotipos, se demostró que los duraznos amarillos muestran un menor cambio de color con respecto a los blancos medido mediante  $\Delta C$  ( $\alpha < 0.001$ ) y se identificaron genotipos con un pardeamiento exacerbado dentro de éstos últimos. El análisis de GWAS identificó un QTL en el cromosoma 1 para el color de pulpa (LOD=8,49) que explica 37% de la variancia. En el caso de la diferencia entre variables de color objetivo,  $\Delta C$  presentó asociación con marcadores que co-localizan con el QTL de color de pulpa en el cromosoma 1 (LOD=6,59,  $R^2=26\%$ ) y se identificó un QTL adicional en el cromosoma 5 (LOD=7,31,  $R^2=28\%$ ). De comprobarse la estabilidad de los QTL en las próximas campañas se volverá una herramienta útil para nuestro programa de mejora, ya que se podrá seleccionar para el color de la pulpa y, en el caso de los duraznos blancos, se podrá

eliminar de forma temprana genotipos con tendencia a un pardeamiento excesivo mediante el genotipado de poblaciones de mejora.