

Aroma map in European woodland strawberry

María Urrutia¹, Victoriano Meco¹, Carmen Martín-Pizarro¹, Almudena Trapero¹,
Jeremy Pillet¹, José Luis Rambla², Tuomas Toivainen³, Antonio Granell², Timo
Hytönen³, David Posé¹

¹Laboratorio de Bioquímica y Biotecnología Vegetal, Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea (IHSM)-UMA-CSIC, Málaga, Spain.

²Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Universidad Politécnica de Valencia (UPV), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Valencia, Spain.

³Department of Agricultural Sciences, Viikki Plant Science Centre, University of Helsinki, Helsinki, Finland.

Abstract:

La fresa silvestre (*Fragaria vesca*, 2x), es el ancestro más cercano de la fresa cultivada (*Fragaria x ananassa*, 8x) y la especie modelo para estudios genéticos dentro del género *Fragaria*. Se distribuye naturalmente a lo largo de toda Europa y es muy apreciada por su aroma y sabor.

Con el objetivo de describir la diversidad genética y organoléptica de la fresa silvestre europea y descifrar el control genético de los compuestos volátiles característicos de su aroma, hemos re-secuenciado y fenotipado el volatiloma de una colección de 199 accesiones que representan la diversidad genética Europea.

Este estudio ha proporcionado un set de >1.8M de polimorfismos simples (SNPs) y la cuantificación relativa de 100 compuestos inequívocamente identificados mediante GC-MS en el fruto maduro. Los resultados revelan diferencias genéticas y metabólicas entre subpoblaciones con diferente origen geográfico.

Además, el estudio de asociación de genoma completo (GWAS) de los compuestos volátiles, indica varias regiones candidatas (significativamente asociadas) para controlar la acumulación de uno o varios compuestos volátiles que comparten rutas biosintéticas. Más específicamente, hemos detectado una región del cromosoma 4 (<40kb) asociada a la acumulación de metilcetonas y sus alcoholes correspondientes que incluye tres genes candidatos anotados como tioesterasas.

Actualmente estos genes candidatos están siendo validados mediante diferentes aproximaciones técnicas incluyendo expresión transitoria en diferentes huéspedes y caracterización enzimática funcional.

Financiación:

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto de la European Research Council TRANSFR-Q: ERC Starting Grant ERC-2014-StG 638134.