

RESUMEN

La mejora de la calidad organoléptica del fruto es probablemente uno de los mayores desafíos a los que se enfrenta la industria del melocotón en la actualidad. Los compuestos orgánicos volátiles (VOCs) son un grupo heterogéneo de sustancias que están íntimamente relacionados con la calidad del melocotón, ya que definen íntegramente el aroma y en combinación con otros compuestos como azúcares y ácidos orgánicos configuran el sabor de los frutos. Entre los VOCs de melocotón, los compuestos de tipo lactona son los que otorgan las características típicas al aroma y el sabor del fruto mientras que otros compuestos como algunos ésteres y terpenoides contribuyen en menor medida, aportando ciertas notas específicas que se describen como “frutadas” o “florales”. Otro grupo de compuestos formado por aldehídos y alcoholes, conocidos genéricamente como volátiles derivados de lípidos, tendrían un impacto menos deseable sobre el aroma del fruto ya que parecen otorgar notas asociadas a la inmadurez del fruto.

Describir en detalle los componentes de este grupo complejo de compuestos así como también establecer las bases genéticas y moleculares que controlan su síntesis resultan pasos cruciales para emprender con mejores garantías la mejora genética de la calidad del melocotón. En la presente tesis se abordó de forma holística el estudio de la producción de compuestos volátiles mediante tecnologías “ómicas” complementarias: metabolómica, transcriptómica y genómica.

Inicialmente se estableció una plataforma metabolómica de alto rendimiento para la identificación y cuantificación de los VOCs del fruto. Esta plataforma permitió, además del escrutinio de una gran proporción de los VOCs del fruto, establecer los grupos de compuestos que comparten una regulación común.

Mediante una combinación de análisis basados en correlación se descubrió que la síntesis de volátiles con impacto positivo en el aroma (como las lactonas y algunos esteres) ocurre conjuntamente. De igual manera ocurre con compuestos con impacto negativo (compuestos derivados de lípidos) y otros compuestos con menor impacto (por ejemplo terpenoides y fenólicos). Sugiriendo que el volatiloma del melocotón está organizado en diferentes módulos.

El descubrimiento de esta red de regulación subyacente a la síntesis de volátiles fue posteriormente aprovechado para la identificación de genes candidatos mediante una aproximación de genómica funcional. Se analizó en paralelo la expresión de genes mediante microarrays y el contenido de volátiles en una serie temporal de maduración de dos genotipos parentales de nuestra población de mejora. El análisis en conjunto de los patrones de co-regulación permitió la identificación de diferentes genes cuya expresión se mostró altamente correlacionada con los niveles de lactonas, esteres, terpenoides, fenólicos y de compuestos derivados de lípidos entre otros, los cuales fueron propuestos como posibles genes candidatos involucrados en la síntesis de estos aromas. Uno de los genes candidatos identificado por estar asociado a la acumulación de lactonas y esteres, fue clonado y mediante análisis funcional se demostró que posee una actividad ω -6 oleato desaturasa implicada en la generación de ácido linoleico, un posible precursor de aromas del melocotón.

Complementariamente, se describió el control genético de la producción de volátiles mediante un análisis de QTL a gran escala. Una población F1 fue analizada combinando la plataforma metabolómica desarrollada y una plataforma de genotipado masivo basada en marcadores del tipo SNPs. La alta organización del volatiloma en módulos co-regulados se reflejó en la identificación de loci controlando varios de los miembros pertenecientes a los diferentes grupos de co-regulación. De esta forma, se identificó tres loci que controlan la síntesis de lactonas y algunos esteres en los grupos de ligamiento 4, 5 y 6 (LG4, LG5 y LG6). Así mismo, se determinó que la síntesis de

monoterpenos está controlada por un locus único ubicado en el extremo superior del LG4. Los resultados obtenidos sugieren que es posible mejorar el aroma de los frutos mediante mejora asistida por marcadores moleculares.

La integración de los resultados junto con la interpretación en relación al conocimiento existente permitió describir el volatiloма del melocotón, su red regulatoria y describir regiones génicas controlando su síntesis así como también proponer genes candidatos involucrados probablemente en la síntesis de los principales aroma del melocotón.