

## Caratterizzazione genetica di una collezione di mandorlo ed analisi del profilo aromatico del seme, allo stato fresco e dopo tostatura

Di Guardo M.<sup>1</sup>, Farneti B.<sup>2</sup>, Khomenko I.<sup>2</sup>, Modica G.<sup>1</sup>, Mosca A.<sup>1</sup>, Distefano G.<sup>1</sup>, Bianco L.<sup>2</sup>, Troglio M.<sup>2</sup>, Sottile F.<sup>3</sup>, La Malfa S.<sup>1</sup>, Biasioli F.<sup>2</sup>, Gentile A.<sup>1</sup>

mario.diguardo@unict.it

<sup>1</sup>Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente (Di3A), Università di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123, Catania, Italia

<sup>2</sup>Centro di Ricerca ed Innovazione (CRI), Fondazione Edmund Mach, San Michele all' Adige, Trento, Italia

<sup>3</sup>Dipartimento di Architettura, Università di Palermo, Viale delle Scienze, Ed. 14 90128, Palermo, Italia

Nell'ambito delle specie da frutta secca, il mandorlo è particolarmente apprezzato sia per le caratteristiche organolettiche che per gli elevati apporti nutraceutici del seme. Fra gli aspetti principali relativi alla qualità della mandorla, il profilo aromatico riveste una notevole importanza nell'influenzare la scelta del consumatore e la qualità complessiva del prodotto. Il lavoro si prefigge di caratterizzare il *bouquet* aromatico di una collezione di mandorlo composta da 96 accessioni siciliane e da 10 fra le cultivar di maggiore interesse presenti nel panorama nazionale ed internazionale. Gli aromi sono stati caratterizzati mediante l'utilizzo di un PTR-ToF-MS (*proton-transfer time-of-flight mass spectrometer*) sia sul prodotto fresco che su mandorle tostate (150 °C per 15 minuti). Le analisi hanno consentito l'individuazione di 150 masse connesse ai composti organici volatili (VOC); di queste, 68, per lo più relative a composti solforati e aldeidi, hanno registrato un aumento significativo a seguito della tostatura mentre 54, soprattutto alcoli e terpeni, hanno registrato invece una riduzione.

Parallelamente, le 106 accessioni sono state genotipizzate utilizzando un Illumina *SNP-chip array* sviluppato per pesco. Dei 18.000 SNP, 471 sono risultati polimorfici in mandorlo e sono stati utilizzati per analisi di genetica di popolazione. L'analisi di struttura ha identificato la presenza di tre sottopopolazioni, con le accessioni siciliane caratterizzate da una stratificazione genetica diversa rispetto a quella riscontrata nelle selezioni pugliesi ed interazionali. L'analisi del *linkage-disequilibrium* (LD) ha evidenziato un veloce decadimento dell'associazione fra due marcatori ( $r^2=0,083$ ) confermando l'elevata eterozigotità del mandorlo. La disponibilità di SNP polimorfici su mandorlo e pesco ha consentito di stimare con precisione l'elevata sintonia fra i due genomi ( $r^2=0,96$ ).

I dati fenotipici e genotipici sono stati inoltre integrati per uno studio preliminare di *genome-wide association* (GWAS). Lo studio ha consentito l'identificazione di marcatori associati significativamente a 31 VOCs relativi alla mandorla fresca e 33 coinvolti nel profilo aromatico della mandorla tostata. Questo lavoro pone le basi per l'identificazione di marcatori molecolari associati a caratteri di interesse che possono essere utilizzati in programmi di miglioramento genetico finalizzati all'ottenimento di cultivar caratterizzate da elevato profilo aromatico del prodotto fresco e/o tostato.

**Parole chiave:** *Prunus dulcis*, GWAS, VOC, SNP, struttura genetica.