

Mejoramiento genético de la fresa y la experiencia en el Bajío

Strawberry genetic improvement and the experience in Bajío

Rangel-Castillo Ana Eugenia¹, Laguna-Estrada María Isabel¹, Ángel-Hernández Arturo², Hernández-Ruiz Jesús¹, Rendón Jessica³, Ruiz-Nieto Jorge Eric^{1*}

¹Universidad de Guanajuato, Departamento de Agronomía, km 9 carretera Irapuato-Silao, CP 36500, Irapuato, Guanajuato. ²Universidad Politécnica del Bicentenario, Ingeniería en Agrotecnología, km carretera Silao-Romita, CP 36172, Silao, Guanajuato, ³Berrie Gene Innovation, Sor Juana Inés de la Cruz 12, C.P. 6137, Uruapan Michoacán.

*jorge.ruiz@ugto.mx

Resumen

La fresa (*Fragaria x ananassa*) es considerado un híbrido natural octaploide que, aunque sus progenitores no son originarios la región Bajío, ha tenido una gran importancia económica, agroalimentaria y cultural desde su introducción. Si bien las condiciones ambientales en el Bajío resultaron adecuadas para su cultivo, los sistemas productivos dependen de la importación de material genético en forma de plántula, lo cual potencialmente y cada cierto tiempo favorece la aparición de nuevas enfermedades. La región cuenta con décadas mejorando el manejo agronómico y con la calidad para ser una de las principales regiones que produce fruto para su exportación a mercados extranjeros. Por lo cual, se debe de impulsar el mejoramiento genético regional y desarrollar variedades mejor adaptadas a las condiciones ambientales, bióticas y edáficas de la región, con base en la experiencia de los productores y preferencias por el manejo agronómico sin perder de perspectiva las demandas del mercado internacional. De esta manera un sistema productivo que ha traído tanta prosperidad al Bajío no solo se mantendrá vigente sino llevará su calidad a nuevos niveles.

Palabras clave: palabras clave; palabras clave.

Genoma de la fresa

La familia Rosaceae es una gran familia de plantas que consta de unas 2,500 especies de 90 géneros diferentes. Esta familia es principalmente nativa de las regiones templadas e incluye diversas plantas. Tradicionalmente se ha clasificado en varias subfamilias y se sabe que incluye muchos cultivos económicamente importantes que producen frutos comestibles, como manzanas y peras, nueces y plantas ornamentales como rosas (Yamamoto y Terakami, 2016). La fresa forma parte de la familia Rosaceae con un genoma que es particularmente pequeño principalmente por la escasez de retrotransposones altamente abundantes. En el caso de *F. x ananassa*, el tamaño del genoma se estima entre 708 Mb y 720 Mb. El genoma se ensambló aproximadamente en 697.7 Mb con 230,838 genes (Soundararajan *et al.*, 2019). El genoma de la fresa es octaploide debido a una serie de eventos de poliploidización que involucraron cuatro especies progenitoras. Cada una de estas especies donó un conjunto completo de cromosomas al organismo resultante, lo que llevó a la formación del genoma con ocho copias de cada cromosoma, dando lugar a un organismo octaploide. Las cuatro especies progenitoras identificadas como donantes son *F. vesca* subsp. *bracteata*, *F. iinumae*, *F. viridis* y *F. nipponica*. Estas especies en general se distribuyen ampliamente en las regiones del hemisferio norte del mundo, incluyendo Europa, Asia y América del Norte. Mientras que la poliploidización desempeña un papel importante en la evolución y adaptación de la especie cultivada, proporcionando varios beneficios agronómicos importantes (Whitaker *et al.*, 2020). Denoyes *et al.*, (2023), mencionan que la fresa muestra una alta diversidad genética con especies tanto cultivadas como silvestres, presentan una variedad de niveles de ploidía, que van desde diploides hasta decaploides. Además, se ha notado una amplia diversidad fenotípica dentro de estas especies. Esta diversidad genética y fenotípica puede ser útil para descifrar los mecanismos responsables del color de la fruta de fresa, la resistencia aumentada a los patógenos, el alto rendimiento, y período de almacenamiento extendido de los frutos, la calidad sensorial y nutricional. Los avances en la genómica de la fresa brindan numerosas posibilidades para la investigación genética. Con más del 90 % de los modelos de genes identificados respaldados por evidencia basada en transcripciones, esta información se puede utilizar para hacer comparaciones detalladas con los genomas de otros géneros relacionados, identificar genes específicos que controlan ciertos fenotipos y facilitar el mapeo preciso de estos genes. Además, el genoma de *F. vesca*, que es una de las especies diploides más pequeñas



identificadas hasta la fecha, presenta un excelente recurso para la investigación genómica de la fresa donde el progreso permite una comprensión integral del genoma octaploide (Longhi *et al.*, 2014).

Domesticación

Respecto al proceso de domesticación, *F. vesca* ha estado creciendo en jardines en Europa desde la época de los romanos, lo que sugiere una cierta forma de domesticación temprana. Durante el siglo XVI, se cultivó otra especie, *F. moschata* también conocida como de los Alpes, de plantas perennes y flores blanquecinas seguidas por frutos más grandes y redondos que las de las fresas silvestres comunes. En el siglo XVIII, la moderna fresa cultivada, *F. x ananassa*, se originó en Europa. Este proceso implicó la hibridación de dos especies americanas, *F. virginiana* y *F. chiloensis*, que fueron importadas del norte y del sur de América, respectivamente. Los indígenas Mapuche y Huilliche de Chile, cultivaron las plantas de *F. chiloensis* por miles de años y se describe como un botín de conquista de los conquistadores españoles que los llevaron a Cuzco, Perú, en 1557. El cultivo de estas fresas, denominadas 'chili' en Perú, se propagó a otros países de Sudamérica tras la invasión española. Los indígenas Mapuche y Huilliche de Chile, cultivaron las plantas de *F. chiloensis* por miles de años y se describe como un botín de conquista de los conquistadores españoles que los llevaron a Cuzco, Perú, en 1557. El cultivo de estas fresas, denominadas 'chili' en Perú, se propagó a otros países de Sudamérica tras la invasión española. Por lo tanto, el proceso de domesticación implicó la recopilación y el cultivo de especies de fresas silvestres, seguidas por la hibridación intencional en Europa para crear la especie de fresa cultivada (Liston *et al.*, 2014).

Distribución de las especies

Dentro de la familia Rosaceae varias especies de *Fragaria*, como *Fragaria x ananassa* y *Prunus*, que incluye una diversidad de frutas como cerezas, almendras, melocotones y ciruelas, son económicamente valiosas por sus frutas, flores y maderas (Soundararajan *et al.*, 2019). Las especies de fresa se distribuyen de manera diversa en el mundo, incluyendo a algunas que crecen en áreas de alta latitud. Las diferentes poblaciones y especies de fresa se distribuyen en áreas de alta latitud y han sido consideradas recursos genéticos valiosos para mejorar la resistencia de los cultivares. En el caso de la fresa también dentro de su diversidad genética debe de tenerse en cuenta la variabilidad en los niveles de ploidía que pueden ser el resultado de mutaciones espontáneas, hibridación interespecífica, duplicaciones genómicas y otros tipos de recombinación genética. El cambio en el número de conjuntos de cromosomas puede proporcionar una ventaja adaptativa en ciertos entornos o frente a presiones evolutivas específicas. Lo anterior generando una muy amplia gama de fenotipos para los procesos de domesticación y selección (Lou *et al.*, 2018). Hummer *et al.*, (2010) consideran las siguientes especies y regiones geográficas (Tabla 1).



Tabla 1. Principales especies de *Fragaria* y sus ubicaciones geográficas.

Especie	Ploidía	Ubicación
<i>F. bucharica</i> Losinsk	2x	Himalaya occidental
<i>F. chinensis</i> Losinsk	2x	China
<i>F. daltoniana</i> J. Gay	2x	Himalayas
<i>F. iinumae</i> Makino	2x	Japón
<i>F. mandshurica</i> Staudt	2x	Norte de china
<i>F. nilgerrnsis</i> Schlecht	2x	Sudeste de Asia
<i>F. nipponica</i> Makino	2x	Japón
<i>F. nubicola</i> Lindl	2x	Himalayas
<i>F. pentaphylla</i> Losinsk	2x	Norte de china
<i>F. vesca</i> L.	2x	Europa, Asia al oeste de los Urales, disyunción en América del Norte
<i>F. viridis</i> Duch	2x	Europa y Asia
<i>F. x bifera</i> Duch	2x	Francia y Alemania
<i>F. corymbosa</i> Losinsk	4x	Lejano Oriente de Rusia y China
<i>F. gracilis</i> A. Los	4x	Noroeste de China
<i>F. maupinensis</i> (French.) Card	4x	Norte de China
<i>F. orientalis</i> Losinsk	4x	Lejano Oriente de Rusia
<i>F. tibetica</i> Staudt & Dickore	4x	China
<i>F. x bringhurstii</i> Staudt	5x (9x)	California
<i>F. sp. nov</i>	5x (9x)	China
<i>F. moschata</i> Duch	6x	Euro-Siberia
<i>F. chilensis</i> (L.) Miller	8x	Oeste de América del Norte, Hawái, Chile
<i>F. virginiana</i> Miller	8x	América del Norte
<i>F. x ananassa</i> Duch. ex Lamarck	8x	Cultivado en todo el mundo
<i>F. x ananassa</i> subsp. <i>cuneifolia</i>	8x	Noroeste de América del Norte
<i>F. iturupensis</i> Staudt	10x	Isla Iturup, Isla Kuriles
<i>F. virginiana</i> subsp. <i>platypetala</i> Miller	10x	Oregón, Estados Unidos
<i>F. x vescana</i> R. Bauer & A. Bauer	10x	Cultivada en Europa

Fuente: Hummer *et al.*, (2010)

La distribución de la fresa además de relevancia como recursos genéticos, conlleva al desarrollo de tradiciones y costumbres en torno a su cultivo y consumo (Palencia *et al.*, 2016).

Mejoramiento genético

En la agricultura, el mejoramiento genético ha sido la forma desde la biología vegetal de 1) incrementar la productividad, 2) desarrollar cultivos resistencia a enfermedades y plagas, 3) adaptabilidad cultivos nuevas regiones productivas, 4) mejorar la calidad de frutos, semillas y follaje, 5) sostenibilidad mediante el uso eficiente de los recursos vegetales (Dönmez *et al.*, 2016). La diversidad genética en la fresa cultivada es crucial por varias razones. A pesar de su estrecha base genética, derivada de sólo 53 clones fundadores y 17 fuentes citoplasmáticas, la fresa muestra una gran diversidad de rasgos, como la tolerancia al estrés biótico y abiótico, diferencias en el tamaño, color, firmeza y sabor de la fruta. Esta diversidad permite que diferentes variedades se adapten a una amplia gama de ambientes. Sin embargo, las presiones selectiva de las demandas actuales han resultado en una pérdida de esta diversidad genética, centrandose principalmente en la alta producción y firmeza de la fruta. Por tanto, la recuperación y mejora de la diversidad genética es crucial para los futuros esfuerzos de cría de fresas (Sánchez-Sevilla *et al.*, 2015). Los principales objetivos de mejoramiento genético de la fresa son el rendimiento de los frutos, su tamaño y forma, y la producción de estolones aéreos o estolones. El rendimiento de los frutos está determinado por el número y el peso, el primero carácter depende de la arquitectura de la planta y sus hábitos reproductivos sexuales. La producción de estolones aéreos, que son cruciales para la propagación vegetativa de plantas en viveros, a menudo tiene un efecto con el rendimiento de los frutos. La relación entre los hábitos reproductivos sexuales y asexuales es compleja, los mejoradores deben tener este carácter en cuanto para los ciclos selectivos o la implementación de la clonación invitro (Gaston *et al.*, 2020).



Respecto a la resistencia a las enfermedades, menciona Sharma *et al.*, (2022) que aunque las perspectivas para la mejora genética de la fresa son prometedoras según los resultados en la identificación de loci de resistencia, podría haber desafíos potenciales debido a la diversidad y la estructura de las poblaciones de patógenos, ya que pueden adaptarse para superar los genes de resistencia. Por lo tanto, comprender la estructura genética de la población de patógenos es esencial para crear una resistencia duradera. La formación de nueva diversidad genética a partir de la disponible en cada región, la mutagénesis artificial en general ha sido importante en el mejoramiento de varios cultivos, incluida la fresa. En promedio, se requieren de 6 a 7 años para lograr una variedad obtenida por selección recurrente, mientras que iniciando con una base genética más amplia generada por mutagénesis el tiempo se puede reducir considerablemente si se incorpora también la clonación *in vitro* (Sebastian *et al.*, 2023). Gaston *et al.*, (2020) menciona que el mejoramiento genético de fresa sería mejor que se realizará mediante el uso de la edición genética por CRISPR/Cas9. Esta tecnología permite modificaciones específicas de rasgos específicos mediante ediciones puntuales. Sin embargo, la edición genómica por CRISPR actualmente tiene limitaciones en especies de importancia económica como *F. x ananassa*, debido a su condición octaploide, por lo que se requieren avances técnicos de mayor eficiencia para apuntar simultáneamente a múltiples alelos en la edición del genoma (Botella, 2019). Schaart *et al.*, (2021) resume las limitaciones para los genotipos octaploides de la siguiente manera. 1) para modificar un rasgo, es necesario alterar todos los alelos. Las plantas poliploides a menudo muestran un bajo nivel de heterocigosidad, lo cual podría influir negativamente en la diversidad alélica. Los rasgos de resistencia a enfermedades generalmente se deben a la ausencia o el mal funcionamiento de un gen y éstos se comportan como recesivos. Reemplazar todos los alelos con alelos no funcionales puede ser complejo. En la edición del genoma, pueden ocurrir modificaciones no deseadas, que podrían interferir con otras funciones y modificar las relaciones genéticas. Es posible que se hayan producido cambios en la estructura y la función de los genes durante el proceso de poliploidización debido a cambios epigenéticos, lo que aumenta la complejidad del genoma. Garwronski y Hotynski (2011), concluyen que los componentes genéticos aditivos son esenciales para determinar el tiempo de floración, mientras que los no aditivos para determinar el número de estolones. El alto valor de la heredabilidad en sentido amplio para la mayoría de los casos sugiere una gran influencia genética en las características fenotípicas.

Otro componente importante en el mejoramiento genético, han sido las aplicaciones de los marcadores moleculares para identificar variedades principalmente en viveros, bancos de germoplasma y para la protección de la propiedad intelectual. La selección de genotipos por la asociación de los marcadores con rasgos agronómicos, resistencia a enfermedades y calidad de los frutos. Finalmente, para el seguimiento de las relaciones filogenéticas entre y dentro de las poblaciones en las que se seleccionan los progenitores de manera recurrente (Whitaker, 2011). Finalmente, Palei *et al.*, (2015) mencionan que la clonación *in vitro* en fresa es una herramienta esencial para el mejoramiento genético por los siguientes aspectos. 1) Propagación a gran escala, 2) permite la producción de plantas genéticamente idénticas y 3) regeneración de células y/o tejidos genéticamente modificados.

La fresa en el Bajío

La fresa fue introducida en México durante el año 1849 y llegó a Irapuato en 1852 gracias al líder político Don Nicolás Tejada, quien la trajo al Distrito de Irapuato. En aquel entonces, se sembraron 24 plantas de fresa en un almácigo ubicado junto al río Guanajuato, específicamente en un terreno conocido actualmente como "Moussier". Sin embargo, el cultivo de fresa cobró importancia en 1880 cuando Óscar Droege, un alemán radicado en Irapuato, enseñó a los agricultores locales el cultivo técnico de la fresa. México es un país importante en la producción de fresas. Las zonas de cultivo más importantes se encuentran en Michoacán, Baja California y Guanajuato. Las variedades más cultivadas en Baja California son Splendor, Ventana, Albión, Commitment y El Dorado. Mientras que en los estados del Bajío las variedades más cultivadas provienen de la Universidad de California Albion, San Andreas, Camino Real, Monterey y Portola. Así como de la universidad de Florida como en el caso de Festival (López-Aranda *et al.*, 2011). De acuerdo con León-López *et al.*, (2014), en el estado de Guanajuato, en la región del Bajío, se han identificado cinco estrategias clave para mejorar la competitividad del cultivo de fresa. En relación al mejoramiento genético, destacan las siguientes acciones: 1) Establecer colaboraciones con centros de investigación para asegurar la autonomía en la adquisición de plantas madre. 4) Utilizar recursos biotecnológicos con el fin de optimizar la nutrición y abordar los desafíos relacionados con plagas y enfermedades. Respecto a las enfermedades y las fuentes de resistencia, la dependencia de la región de la importación de variedades foráneas, además de incrementar los costos productivos, favorecen la proliferación de enfermedades puesto que además el material genético proviene de procesos intensivos de clonación sin diversidad genética (Valencia-Juarez *et al.*, 2019). Por ejemplo, la secadera de la fresa es una de las principales enfermedades de la fresa en el estado de Guanajuato, causando pérdidas de hasta 7.5 Mg ha⁻¹ lo que representa hasta el 50 % de la producción (Mariscal-Amaro *et al.*, 2017). La filodia de la fresa se considera una reversión de los órganos reproductivos florales, como los achenios, en estructuras vegetativas. Este fenómeno generalmente comienza en el extremo distal del receptáculo y progresa hacia el cáliz. Puede ser de tipo no infeccioso, asociado generalmente con una combinación de condiciones ambientales en latencia o durante la plantación, cambios fisiológicos al comienzo de



la floración, o aplicaciones y residuos de herbicidas. Por el contrario, la filodia infecciosa está asociada con la presencia del fitoplasma de la Virescencia del Periwinkle Mexicano (MPV), caracterizada por un conjunto de síntomas que incluyen virescencia, filodia de frutas y malformación de las hojas. La incidencia alcanza niveles de hasta el 35 % (Avedaño-Benequen *et al.*, 2017). Para obtener un nivel más óptimo de manejo integrado, es crucial contar con fuentes de resistencia genética. Esto permitirá reducir la dependencia excesiva de los controles químicos y promover el mejoramiento genético en la región correspondiente. De esta manera, se podrá mitigar los efectos negativos del abuso indiscriminado de pesticidas y fomentar una producción más sostenible desde el punto ambiental y también para salvaguardar la salud humana (Freire *et al.*, 2017).

Perspectivas y las fresas del futuro

El futuro de la genómica y el mejoramiento genético de la fresa incluye avances en las investigaciones estructurales y funcionales. La secuenciación del genoma de *F. vesca*, uno de los genomas de plantas más pequeños caracterizados. Ya se ha utilizado para comparaciones detalladas con los genomas de otros géneros relacionados, mapeo fino y clonación posicional de genes que controlan fenotipos específicos, y para identificar y mapear un número sin precedentes de marcadores en especies de *Fragaria* tanto diploides como octoploides. Estos datos genómicos son clave para futuras estrategias de mejora genética y para comprender la historia evolutiva de la especie (Longhi *et al.*, 2014). Para obtener una comprensión más completa del desarrollo de los frutos tanto a nivel fisiológico como molecular, se debe de ampliar la base del conocimiento de las regulaciones epigenéticas como los estados de cromatina y el metiloma del ADN, que podrían proporcionar información más completa sobre los aspectos genéticos y epigenéticos del desarrollo, la maduración y la poscosecha de la fruta. La investigación futura sobre la alteración epigenética y el patrón de expresión génica en diferentes tejidos vegetales serán esenciales (Farinati *et al.*, 2017). Respecto al manejo agronomico en los proximos años, los productores de fresa deberan elegir a que tipo de manejo dar prioridad, si seguir utilizando agroquímicos o apostar por alternativas organicas, esto influcneiado por los siguientes factores como la capacidad de capacitalización, regulaciones ambientalistas y de consumo, costo-beneficio de la producción, la generalización sobre la regularización de los productos organicos, programas publicos de apoyo y las presiones del mercado. Se preveen regiones de produccion organiza y química (Guthman, 2016). Finalmente, como otra de las perspectivas pocas veces contemplada, de acuerdo con Mok *et al.*, (2014), la agricultura urbana va a hacer una contribución significativa a la seguridad alimentaria y el bienestar social, la fresa es un caultivo adecuado debido a su pequeño tamaño, facilidad de cuidado y adaptabilidad a diferentes tipos de contenedores y sistemas de cultivo vertical, su rápido crecimiento y prolífica producción en espacios limitados.

Referencias

- Botella, J. R. (2019). Now for the hard ones: is there a limit on CRISPR genome editing in crops?. *Journal of Experimental Botany*, 70(3), 734-737. <https://doi.org/10.1093/jxb/erz007>
- Dönmez, D., Şimşek, Ö., Kaçar, Y. A. (2016). Genetic engineering techniques in fruit science. *International Journal of Environmental and Agriculture Research*, 2(12), 115-128. https://www.researchgate.net/profile/Oezhan-Simsek/publication/314106850_Genetic_Engineering_Techniques_in_Fruit_Science/links/58b5c46ea6fdcc2d14d31eb1/Genetic-Engineering-Techniques-in-Fruit-Science.pdf
- Denoyes, B., Prohaska, A., Petit, J., Rothan, C. (2023). Deciphering the genetic architecture of fruit color in strawberry. *Journal of Experimental Botany*, erad245. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad245>
- Gaston, A., Osorio, S., Denoyes, B., Rothan, C. (2020). Applying the Solanaceae strategies to strawberry crop improvement. *Trends in plant science*, 25(2), 130-140. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2019.10.003>
- Guthman, J. (2016). Going both ways: More chemicals, more organics, and the significance of land in post-methyl bromide fumigation decisions for California's strawberry industry. *Journal of rural studies*, 47, 76-84. <https://doi.org/10.1016/j.jrurstud.2016.07.020>
- Hummer, K. E., Bassil, N., Njuguna, W. (2010). *Fragaria*. In *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources: Temperate Fruits* (pp. 17-44). Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-16057-8>
- Liston, A., Cronn, R., Ashman, T. L. (2014). *Fragaria*: a genus with deep historical roots and ripe for evolutionary and ecological insights. *American journal of botany*, 101(10), 1686-1699. <https://doi.org/10.3732/ajb.1400140>



- Longhi, S., Giongo, L., Buti, M., Surbanovski, N., Viola, R., Velasco, R., Ward, J. A., Sargent, D. J. (2014). Molecular genetics and genomics of the Rosoideae: state of the art and future perspectives. *Horticulture Research*, 1. <https://doi.org/10.1038/hortres.2014.1>
- Mariscal-Amaro, L. A., Rivera-Yerena, A., Dávalos-González, P. A., Ávila-Martínez, D. (2017). Situación actual de hongos asociados a la secadera de la fresa (*Fragaria x ananassa* Duch.) en Guanajuato, México. *Agrociencia*, 51(6), 673-681. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S1405-31952017000600673&script=sci_arttext
- Mok, H. F., Williamson, V. G., Grove, J. R., Burry, K., Barker, S. F., Hamilton, A. J. (2014). Strawberry fields forever? Urban agriculture in developed countries: a review. *Agronomy for sustainable development*, 34, 21-43. <https://doi.org/10.1007/s13593-013-0156-7>
- Palei, S., Das, A. K., Rout, G. R. (2015). In vitro studies of strawberry-an important fruit crop: a review. *The Journal of Plant Science Research*, 31(2), 115. https://www.researchgate.net/profile/Gyana-Rout/publication/281935848_In_vitro_Studies_of_Strawberry_-_An_Important_Fruit_Crop_A_Review/links/55fecf4308ae07629e4e5514/In-vitro-Studies-of-Strawberry-An-Important-Fruit-Crop-A-Review.pdf
- Palencia, P., Martínez, F., Burducea, M., Oliveira, J. L., Giralde, I. (2016). Efectos del enriquecimiento con selenio en SPAD, calidad de la fruta y parámetros de crecimiento de plantas de fresa en un sistema de cultivo sin suelo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38, 202-212. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-294/14>
- Sánchez-Sevilla, J. F., Horvath, A., Botella, M. A., Gaston, A., Folta, K., Kilian, A., Denoyes, B., Amaya, I. (2015). Diversity arrays technology (DART) marker platforms for diversity analysis and linkage mapping in a complex crop, the octoploid cultivated strawberry (*Fragaria x ananassa*). *PLoS One*, 10(12), e0144960. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0144960>
- Sebastian, K., Bindu, B., Arya, M. S. Recent Advances and Achievements in Mutation Breeding of Fruit Crops: A Review. *Agricultural Reviews*, 1-9. <https://arccarticles.s3.amazonaws.com/GalleyProof/Attachment-atgalley-proof-R-2616-6089603e9087340b9bdcbbb1.pdf>
- Sharma, S., Marin, M. V., Lee, M. B., Baggio, J. S., Peres, N. A., Lee, S. (2022). Genomic approaches for improving resistance to *Phytophthora* crown rot caused by *P. cactorum* in strawberry (*Fragaria x ananassa*). *Frontiers in Agronomy*, 4, 941111.
- Soundararajan, P., Won, S. Y., Kim, J. S. (2019). Insight on Rosaceae family with genome sequencing and functional genomics perspective. *BioMed Research International*, 2019. <https://doi.org/10.3389/fagro.2022.941111>
- Whitaker, V. M. (2011). Applications of molecular markers in strawberry. *Journal of Berry Research*, 1(3), 115-127. <https://doi.org/10.3233/BR-2011-013>
- Whitaker, V. M., Knapp, S. J., Hardigan, M. A., Edger, P. P., Slovin, J. P., V Bassil, N., Hytonen, T., Mackenzie, K. K., Lee, S., Jung, S., Main, D., Barbey, C. R., Verma, S. (2020). A roadmap for research in octoploid strawberry. *Horticulture Research*, 7, 33. <https://doi.org/10.3389/fagro.2022.941111>
- Valencia Juárez, M. C., Escobedo López, D., Díaz Espino, L. F., González Pérez, E. (2019). Ex vitro acclimation of *Fragaria x ananassa* Duch seedlings. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 10(1), 91-100. <https://doi.org/10.29312/remexca.v10i1.1633>
- Yamamoto, T., Terakami, S. (2016). Genomics of pear and other Rosaceae fruit trees. *Breeding science*, 66(1), 148-159. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.66.148>

