

# Una introgresión asociada con el locus *Sw-5* del cromosoma 9 de tomate produce un aumento del contenido de ácido ascórbico en fruta madura

González-Arcos M<sup>1</sup>, Fonseca MEN<sup>11</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Boiteux LS<sup>11</sup>

[matgon@inia.org.uy](mailto:matgon@inia.org.uy)

En tomate han sido identificados y mapeados varios loci de herencia cuantitativa (QTL) relacionados al contenido de ácido ascórbico (AA). Algunos colocalizan con diferentes enzimas relacionadas a las rutas metabólicas de AA. Alelos de interés para el mejoramiento han sido identificados en *Solanum pennelli*, *S. habrochaites* y *S. lycopersicon var cerasiforme*. En estudios preliminares, hemos observado aumentos significativos del contenido de AA en frutas maduras portadoras del alelo *Sw-5* (resistencia a Tospovirus) en el cromosoma 9. Para confirmarlo, generamos tres grupos de líneas casi isogénicas (NIL), incorporando por retrocruzamiento el alelo *Sw-5* derivado del cultivar ‘Stevens’ en tres líneas elite de tomate (*S. lycopersicum*) que representan contextos genómicos diferentes: LAM147, CNPH1247 y LAM186. La presencia contrastante del alelo *Sw-5* en cada par de NIL fue confirmada con un marcador molecular funcional. El contenido de AA en fruta madura fue determinado por HPLC utilizando una columna de intercambio iónico. Para tres ensayos independientes, demostramos que la presencia del locus *Sw-5* se asociaba a incrementos de AA del orden de 1,46; 1,24; y 1,63 veces (peso fresco) en las NIL generadas con LAM147, CNPH1247 y LAM186, respectivamente. Este incremento fue heredado de forma dominante en la generación F<sub>1</sub> derivada del cruzamiento de ambas NIL. Una población F<sub>2</sub> de 50 individuos derivada del cruzamiento entre LAM186 y su NIL mostró una fuerte relación entre la presencia de *Sw-5* y el alto contenido de AA, con porcentaje de recombinación  $\leq 12\%$ . Tentativamente, denominamos *Vtc* al locus dominante ligado a *Sw-5* y relacionado con este efecto fenotípico. Al menos cinco genes diferentes pertenecientes a la ruta metabólica de síntesis y reciclaje de AA están localizados en el cromosoma 9. Entre ellos, solo los genes *GME2* (GDP-mannose 3', 5'-epimerase) y *LOC101249491* (Rho GDP-dissociation inhibitor

1) localizan en una posición que puede explicar los resultados obtenidos y, por tanto, son postulados como candidatos para la identidad de Vtc. La secuencia genómica de ambas NIL permitirá comparar la región que contiene estos candidatos y así avanzar con la selección de polimorfismos que expliquen las diferencias fenotípicas encontradas.